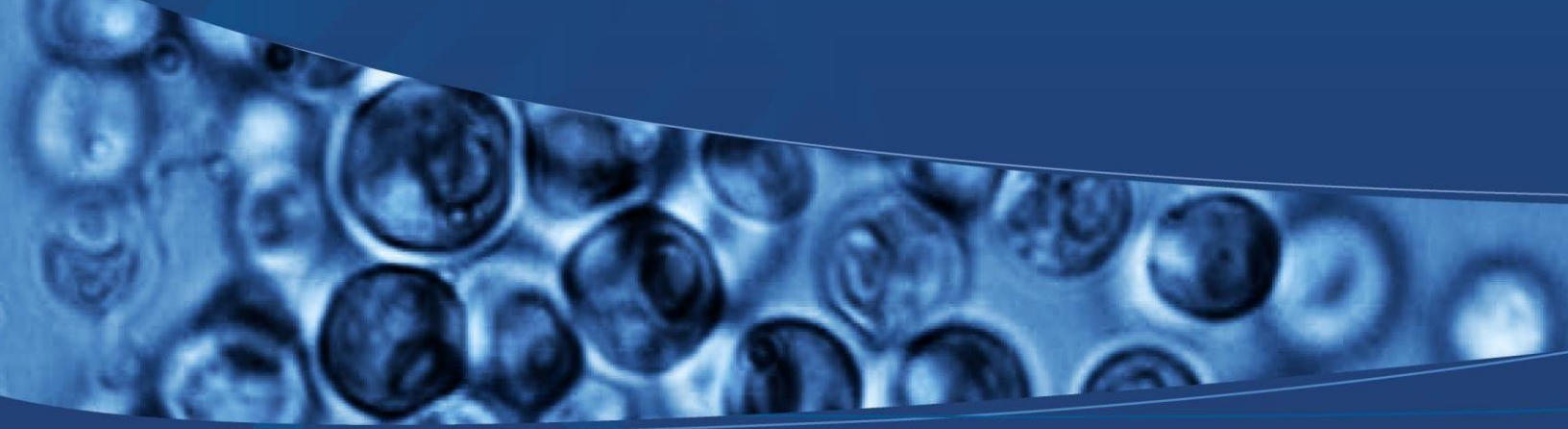
Revista de la Sociedad Mexicana de Biotecnología y Bioingeniería A.C.

Año 2021 Volumen 25, Número 4
ISSN 0188-4786



Sociedad Mexicana de Biotecnología y Bioingeniería

ISSN 0188-4786, revista cuatrimestral publicada por la Sociedad Mexicana de Biotecnología y Bioingeniería, A.C. incluida en PERIÓDICA, índice de Revista Latinoamericanas en Ciencias (CICH-UNAM), en LATINDEX (Sistema Regional de Información en Línea para Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal), los artículos se encuentran en Google Académico. Certificado de Licitud de Título en trámite y Certificado de Licitud de Contenido en trámite. Reserva de derechos de Título 04-1999-082516265000-101. Los conceptos que en ella aparecen son responsabilidad exclusiva de los autores. Se prohibe la reproducción total o parcial de su contenido sin previa autorización por escrito del Comité editorial. Toda correspondencia deberá enviarse a Km. 23.5 Carretera Federal México-Cuernavaca, Av. Cipreses s/n, Col. San Andrés Totoltepec, C.P. 14400, Alcaldía Tlalpan, Ciudad de México. o a la siguiente dirección electrónica revista_biotecnologia@smbb.mx.

Revista de la Sociedad Mexicana de
Biotecnología
y Bioingeniería A.C.

Comité Organizador

MESA DIRECTIVA

2020 – 2022

Dr. Jaime Ortega López

Presidente

Dra. Romina Rodríguez Sanoja

Vicepresidenta

Dr. Álvaro R. Lara Rodríguez

Secretario y Presidente del Comité Científico

Dra. Angélica Meneses Acosta

Tesorero

Dra. Beatriz Ruiz Villafán

Subsecretaria y Presidenta de la Comisión de Premios

Dr. Gerardo Reséndiz Cardiel

Vocal Profesional

P. Biol. Teresa Elizabeth Martínez Oropeza

Vocal Estudiante

EDITORA

Dra. María Soledad Córdova Aguilar
ICAT - UNAM

Formación y edición

Dra. Aurora Antonio Pérez

Pas. QA Mariana Espinoza Tapia

Q.A. Ilse M. Mendoza Ortega

ÁREA	COORDINADOR	INSTITUCIÓN
I. COVID-19	Dr. Octavio Tonatiuh Ramírez	IBT - UNAM
II. Biotecnología enzimática y Biocatálisis	Dra. Amelia Farrés	FQ - UNAM
III. Biotecnología agrícola, vegetal y marina	Dr. Jorge Santamaría	CICY
IV. Biotecnología alimentaria	Dr. Carlos Regalado	FQ - UAQ
V. Biotecnología ambiental	Dr. Gerardo Saucedo	UAM -I
VI. Bioenergía y biocombustibles	Dr. Elías Razo	IPICYT
VII. Biopolímeros y biomateriales	Dr. Gustavo Gutiérrez	ENCB - IPN
VIII. Biotecnología farmacéutica	Dr. Néstor Pérez	Probiomed
IX. Biotecnología microbiana	Dr. Adelfo Escalante	IBT - UNAM
X. Bioingeniería y fermentaciones	Dr. Enrique Galindo	IBT - UNAM
XI. Ciencias ómicas y edición de genomas	Dra. Liliana Pardo	IBT - UNAM
XII. Bioinformática	Dra. Rosa María Gutiérrez Ríos	IBT - UNAM
XIII. Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos	Dra. Ma. Luisa Villareal	CEIB - UAEM
XIV. Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos	Dr. Marco Rito	EMCS - ITESM
XV. Biotecnología, cadena productiva y sociedad	Dra. Mayra de la Torre	CIAD - Hidalgo
	Dr. Gustavo Viniegra	UAM -I

Revisores

ÁREA	REVISORES
I. COVID-19	Dr. Octavio Tonatiuh Ramírez
II. Biotecnología enzimática y biocatálisis	Dra. Amelia Farrés Dra. Dolores Reyes Duarte Dra. Carmina Montiel Pacheco Dra. Carolina Peña Montes
III. Biotecnología agrícola, vegetal y marina	Dr. Jorge Santamaría Dra. Gabriela Fuentes Dr. Humberto Estrella
IV. Biotecnología alimentaria	Dr. Carlos Regalado Dr. Octavio Loera Corral Dr. Aldo Amaro Reyes Dr. Jorge Noel Gracida Rodríguez
V. Biotecnología ambiental	Dr. Gerardo Saucedo Castañeda Dra. Ma del Carmen Fajardo Ortíz Dra. Adela Irmene Ortíz López Dr. Pablo Gortares M. Dr. Eric Houbron Dr. Manuel Lizardi Dr. Guillermo Quijano Govantes Dr. Neith Pacheco Dr. Frédéric Thalasso Dr. Michel Canul Dra. María del Rosario Peralta-Pérez
VI. Bioenergía y biocombustibles	Dr. Elías Razo Flores Dra. Sofía Esquivel Elizondo Dr. Julián Carrillo Reyes Dr. Hugo Oscar Méndez Acosta Dr. José Antonio Pérez Pimienta
VII. Biopolímeros y biomateriales	Dr. Gustavo Gutiérrez Dr. Sergio Huerta Dra. Lilia Arely Prado Dr. Nicolás Óscar Soto
VIII. Biotecnología farmacéutica	Dr. Néstor Pérez M. en C. Vanessa Hernández Dr. Mauricio Trujillo Roldán

Revisores

IX. Biotecnología microbiana	Dr. Adelfo Escalante Dra. María Inés Chávez Béjar Dra. Ofelia Edith Carreón Rodríguez Dr. Luis Caspeta Guadarrama
X. Bioingeniería y fermentaciones	Dr. Enrique Galindo Dr. Álvaro Díaz Dr. Mario Rodríguez Monroy Biol. Carlos Roberto Gutiérrez
XI. Ciencias ómicas y edición de genomas	Dra. Liliana Pardo Dra. Denhi Schnabel Dra. Clara Galindo Dr. Aldo Moreno Ulloa
XII. Bioinformática	Dra. Rosa María Gutiérrez Ríos
XIII. Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos	Dra. Ma. Luisa Villareal Dr. Graciano Calva-Calva Dr. Mario Rodríguez Monroy Dr. José de Jesús Arellano García Dra. Anabel Ortíz Caltempa
XIV. Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos	Dr. Marco Rito Dr. Marco Alvarez Dra. Mirna Gonzalez Dra. Judith Zavala Dra. Raquel Cuevas Dra. Claudia Castillo
XV. Biotecnología, cadena productiva y sociedad	Dra. Mayra de la Torre

Índice

Coordinadores de Área 3

Revisores 4

Instrucciones para los autores 8

Editorial 12

Informe técnico 13

Informe financiero 16

Evaluadores de los *e-posters* 19

Ganadores de los trabajos libres 20

Trabajos libres

Área I 23

Área II 34

Área III 61

Área IV 129

Área V 170

Área VI 237

Índice

Área VII	263
Área VIII	283
Área IX	302
Área X	340
Área XI	377
Área XII	392
Área XIII	426
Área XIV	457
Área XV	464
Programa de Congreso	469

Guía de Autores

La revista puede recibir trabajos de investigación original, así como de revisión en los campos de la Biotecnología y Bioingeniería. Todos los manuscritos serán sujetos a revisión por al menos dos miembros del Comité Editorial y deberán contar con una recomendación de aceptación para ser publicados.

Los idiomas en los que se puede publicar en la revista son el español y el inglés.

Los trabajos se escribirán en hoja tamaño carta (21.6 cm x 27.6 cm). Los márgenesaplicados a todo el manuscrito serán de 2.5 cm para los extremos superior e inferior, así como 3 cm de cada lado. Las páginas deberán estar numeradas en la parte inferior y centralde cada hoja.

Para evitar errores innecesarios se recomienda usar el corrector de gramática y ortografía del procesador de palabras. Se recomienda que los trabajos completos tengan un máximo de 25 páginas, escritas con un interlineado de 1.5 renglones, incluyendo las tablas y figuras. Las publicaciones en la revista Biotecnología están exentas de costo paralos autores.

Cuando corresponda, se recomienda el uso de abreviaturas para referirse a unidades de tiempo (h, min, s), de volumen (l, ml, µl), de peso (kg, g, mg, µg), ADN, ARN y otras comúnmente aceptadas en la literatura científica.

Los trabajos de investigación original pueden tocar cualquiera de los diversos campos que cultivan la biotecnología y la bioingeniería, desde aspectos fundamentales hasta sus aplicaciones, incluyendo: Enzimas y Biocatálisis, Microbiología, Biotecnología Agrícola y Vegetal, Biotecnología Marina, Alimentos y bebidas, Biotecnología farmacéutica, Biotecnología Ambiental, Bioingeniería y fermentaciones, Bioenergía y biocombustibles, Biología de sistemas y bioinformática, Biología sintética, Nanobiotecnología y biomateriales, Ingeniería metabólica, Omicas, Bioseguridad y Bioética.

Tanto los trabajos de investigación original como las revisiones deberán apegarse al siguiente formato:

1. El título del manuscrito se escribirá en negritas con letra Arial o equivalente tamaño 14. El título deberá estar centrado y ser conciso e informativo. Evite el uso de abreviaciones y fórmulas.

2. El nombre de los autores ocupará los siguientes renglones escribiendo el nombre y primer apellido de cada participante. Se usará letra Arial o equivalente tamaño 12. Los nombres de los participantes deberán estar centrados, señalando con un asterisco el autor responsable de la publicación. En el siguiente renglón con letra itálica Arial del mismo tamaño, se incluirá la dirección postal de la institución de adscripción de los autores, así como la dirección de correo del autor corresponsal. Si el responsable fuera un estudiante, deberá incluir una carta del tutor o director del trabajo autorizándolo.
3. Se deberá añadir un Resumen de no más de 250 palabras en español y el correspondiente Abstract en inglés.
4. Se incluirán entre 3 a 6 Palabras clave: que permitan clasificar el artículo en una base de datos. Estas palabras deberán de incluirse en español y en inglés (Key words).
5. Si el texto inicia con el nombre de algún subtema, éste de pondrá como primera línea en cursivas con letra Arial o equivalente tamaño 10. Después en el siguiente renglón se iniciará el texto descriptivo usando letra Arial o equivalente tamaño 10. El texto deberá ser escrito con un interlineado de 1.5 renglones. Se deberá dejar un espacio de un renglón al inicio de una sección o subtema nuevo. Los géneros y especies deberán escribirse en letras itálicas.
6. Las figuras deberán numerarse con arábigos, correlativamente en orden de aparición en el texto. No se integrarán al texto, sino al final del manuscrito. No obstante, para facilitar el trabajo de edición, se recomienda indicar la ubicación de las mismas en el momento en que son mencionadas por primera vez en el texto. Las figuras deben incluir un breve título explicativo en la parte inferior de la misma. Si es necesario incluir fotos, éstas se deberán designar como figuras.
7. Las tablas también se numerarán con arábigos ubicados en la parte superior de las mismas e incluirán un breve título explicativo. Las notas en las tablas deberán ser indicadas con letras minúsculas en superíndice. La ubicación de las tablas será señalada en el texto, pero se anexarán en hojas separadas y al igual que las figuras, al final del manuscrito.
8. La información dada como referencias bibliográficas deberá permitir a los lectores llegar con facilidad a la fuente de información original. En el texto del trabajo, las referencias se citan por autor y año entre paréntesis redondos. Por ejemplo: “Martínez & García (1999) han demostrado que...”, o bien, “Datos recientes (Martínez & García, 1999) han demostrado que...”. Si la cita posee varios autores se escribirá como sigue: “Gutiérrez et al. (2003), han demostrado…” O bien: “Datos recientes (Gutiérrez et al., 2003) han mostrado…”

Si la cita es una página de Internet, la dirección URL deberá escribirse completa y entre paréntesis directamente en el texto.

9. La lista de Referencias se deberá escribir con el mismo tipo de letra del texto principal (Arial tamaño 10) y con sangría francesa de acuerdo con el siguiente formato:

Artículos:

Bayegan AH, Clote P (2020) RNAmountAlign: Efficient software for local, global, semiglobal pairwise and multiple RNA sequence/structure alignment. PLoS ONE 15(1): e0227177. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0227177.

Libros:

Ullrich M (2009) Bacterial Polysaccharides: Current Innovations and Future Trends. Horizon Scientific Press, Norwich.

Capítulos de libros:

Sánchez S & Demain AL (2009) Metabolic regulation and overproduction of primary metabolites. In: Encyclopedia of Industrial Biotechnology. Bioprocess, Bioseparation, and Cell Technology (EIB). Flickinger MC (ed). John Wiley & Sons, Inc. Hoboken, NJ. pp. 396-458.

Patentes:

Fenical WH, Jensen PR & Kwon HC (2009) Polyol macrolide antitumor-antibiotics from the marine actinomycete strain CNQ140. US patent 7,521,414.

Congresos y reuniones:

Reyes N, Domínguez RM, Islas I & Solis S (2007) Inducción diferencial por pH y temperatura del complejo pectinolítico producido por células inmovilizadas de Aspergillus HL. XII Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería. Morelia Mich. México. OIII-12.

Sitios en internet:

CAZY, Carbohydrate-Active Enzymes Database. (http://www.cazy.org/)

Tesis de pre y posgrado:

Cárdenas C (2009) Evaluación del uso biotecnológico de la semilla de Ditaxis heterantha para la producción de safranal. Tesis Maestría en Ciencias Bioquímicas. Universidad Nacional Autónoma de México. México D.F. pp. 1-78.

Cada autor es responsable de la precisión de las citas que emplea.

Una vez que ha sido revisado y aceptado su trabajo, los autores deberán enviar una carta de cesión de los Derechos de Autor, de manera que la Sociedad Mexicana de Biotecnología y Bioingeniería pueda hacer uso del artículo aceptado, o parte de él, con fines de divulgación y difusión de la actividad científica y tecnológica. En ningún caso, dichos derechos afectan la propiedad intelectual que es propia de los autores, para usar la totalidad o parte de ese artículo con fines no lucrativos.

Los trabajos se someten en línea en la página electrónica de la Sociedad Mexicana de Biotecnología, en la dirección https://smbb.mx/publicaiones/publicacion-de-articulo/. Al momento de recibirlo, se enviará un acuse de recibo al autor corresponsal. La dirección para mantener comunicación con el editor es: revista_biotecnologia@smbb.mx y marisol.cordova@icat.unam.mx.

Una vez aceptados, los trabajos son editados y enviados a los autores para su corrección. En esta condición no se permitirán cambios sustanciales en el contenido de los mismos sin la aprobación del editor en jefe. Una vez aprobada la prueba, el trabajo se publicará en línea y podrá ser consultado en la página de la Sociedad Mexicana de Biotecnología y Bioingeniería AC http://www.smbb.com.mx/.

Editorial

La pandemia de COVID-19 que ha afectado al mundo desde inicios del 2020, no impidió que la SMBB se reuniera de manera virtual del 27 de septiembre al 1 de octubre del 2021 para celebrar el **XIX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería 2021**. Esto fue posible gracias al esfuerzo y compromiso de muchas personas.

Por ello, a nombre de la MDN 2020-2022 de la SMBB agradecemos el apoyo generoso y entusiasta de los coordinadores de las 15 áreas temáticas, muchos de ellos expresidentes de la SMBB. Agradecemos a nuestros invitados de conferencias plenarias y simposios, todos ellos destacados investigadores con agendas muy ocupadas y que hicieron tiempo para compartir su experiencia y conocimiento. Nuestro agradecimiento a todos los patrocinadores comerciales. Reconocemos el gran apoyo que significa su presencia en este evento académico. Un agradecimiento especial a todos los profesores y estudiantes que consideraron este XIX congreso de la SMBB como el foro para presentar y discutir el avance de sus investigaciones.

Sin duda, esta pandemia ha tenido un impacto negativo en todas nuestras actividades y fue la razón por la que en esta ocasión nuestro congreso se llevó a cabo en una modalidad totalmente virtual. No obstante, esta pandemia también ha demostrado, como nunca, la importancia y contribución del conocimiento científico y de la Biotecnología para responder a esta emergencia sanitaria mundial. Una muestra es la implementación en tiempo récord de métodos de diagnóstico, identificación de variantes del virus y la producción de vacunas eficaces y seguras. Desafortunadamente también existen movimientos, que, por razones ideológicas o políticas, han lanzado campañas agresivas de desinformación, con teorías de conspiraciones absurdas. Su objetivo es desacreditar a la ciencia y a la comunidad científica, desconocer la importancia de la biotecnología y limitar el apoyo a la investigación científica. En el mundo, estas campañas de desinformación y descrédito a la ciencia han sido responsables de cientos de miles de muertes en esta pandemia y que no debemos olvidar.

La SMBB reafirma su compromiso de promover el avance de la Biotecnología y la Bioingeniería en nuestro país. Una prueba de ello fue que, a pesar de las restricciones por la emergencia sanitaria de COVID-19, se presentaron 384 trabajos libres. La modalidad virtual permitió que en un video de hasta 7 minutos de duración, los autores expusieron de manera dinámica los resultados más relevantes de sus investigaciones. Estos videos al igual que conferencias, simposios y pláticas técnicas estuvieron disponibles durante todos los días del evento y un mes posterior al mismo. En este *número especial* de nuestra revista **BioTecnología** encontraran los resúmenes de los trabajos libres que se presentaron en las 15 áreas temáticas.

Dr. Jaime Ortega López
Presidente de la MDN (2020-2022)

Como es tradición, se llevó a cabo un curso previo al XIX Congreso Nacional. En esta ocasión, el curso denominado “Course of Fundamentals, Operation and Automation in Bioreactor Systems” fue organizado en conjunto con Applikon Biotechnology (actualmente parte de Gettinge). El curso tuvo lugar en sesiones semanales del 31 de agosto al 21 de septiembre, se registraron 33 asistentes y contó con instructores de México y los Países Bajos.

El programa científico del XIX Congreso Nacional estuvo integrado por 15 áreas (Tabla 1), de las cuales 5 áreas no habían sido incluidas en congresos anteriores): COVID-19, Ciencias ómicas y edición de genomas, Bioinformática, Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos, y Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos. Estas nuevas áreas representan el campo dinámico y cambiante de la biotecnología en México y el mundo.

Tabla 1. Áreas y coordinadores del XIX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería

ÁREA	COORDINADORES
I. COVID-19	Dr. Tonatiuh Ramírez
II. Biotecnología enzimática y biocatálisis	Dra. Amelia Farrés
III. Biotecnología agrícola, vegetal y marina	Dr. Jorge Santamaría
IV. Biotecnología alimentaria	Dr. Carlos Regalado
V. Biotecnología ambiental	Dr. Gerardo Saucedo
VI. Bioenergía y biocombustibles	Dr. Elías Razo
VII. Biopolímeros y biomateriales	Dr. Gustavo Gutiérrez
VIII. Biotecnología farmacéutica	Dr. Néstor Pérez
IX. Biotecnología microbiana	Dr. Adelfo Escalante
X. Bioingeniería y fermentaciones	Dr. Enrique Galindo
XI. Ciencias ómicas y edición de genomas	Dra. Liliana Pardo
XII. Bioinformática	Dra. Rosa María Gutiérrez Ríos
XIII. Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos	Dra. Ma. Luis Villareal
XIV. Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos	Dr. Marco Rito
XV. Biotecnología, cadena productiva y sociedad	Dra. Mayra de la Torre y Dr. Gustavo Viniegra

Las Áreas fueron coordinadas por destacados especialistas mexicanos, la mayoría de ellos ex Presidentes de la SMBB.

Como es costumbre, cada área contó con la participación de un ponente plenario. Participaron científicos de gran prestigio de instituciones en México, Australia, Brasil, Italia, Noruega, España, EUA, Reino Unido y Portugal. Se presentaron además 14 charlas técnicas por parte de especialistas de México, EUA y los Países Bajos.

En el XIX Congreso Nacional, todos los trabajos libres fueron presentados como e-pósteres, que consistieron en una presentación pregrabada con una duración de hasta 7 minutos y que estuvo disponible a lo largo del congreso y durante el tiempo de acceso a la plataforma. Se contó con un chat de preguntas y respuestas para maximizar las oportunidades de discusión y retroalimentación. En total se presentaron 384 e-pósteres, cuyo número por Área se muestra en la Fig. 1.

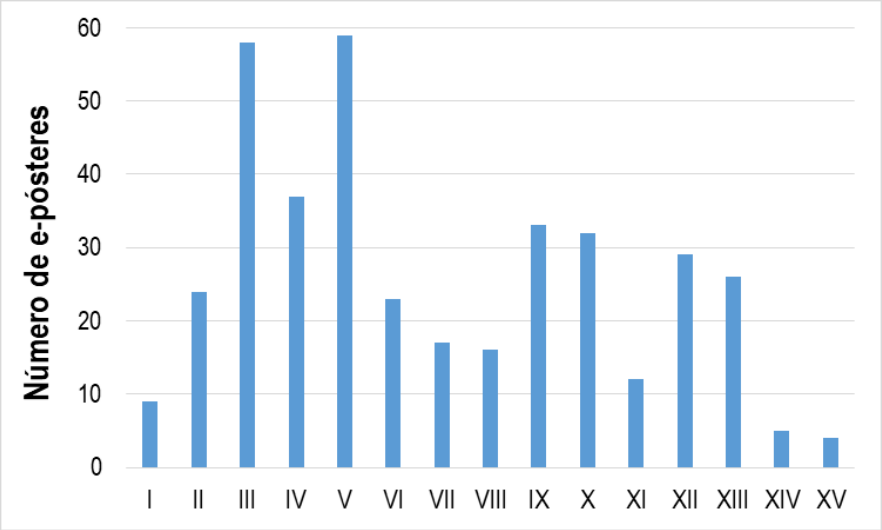


Figura 1. Número de e-pósteres presentados en cada Área del XIX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería.

Las instituciones de adscripción de los autores de *e-pósteres* se ubican en 24 entidades federativas de México, con una fuerte participación de instituciones ubicadas en la Ciudad de México, y los estados de Morelos, Nuevo León y Jalisco (Fig. 2). Además, se presentaron 8 e-pósteres de instituciones de Colombia y 1 de Paraguay.

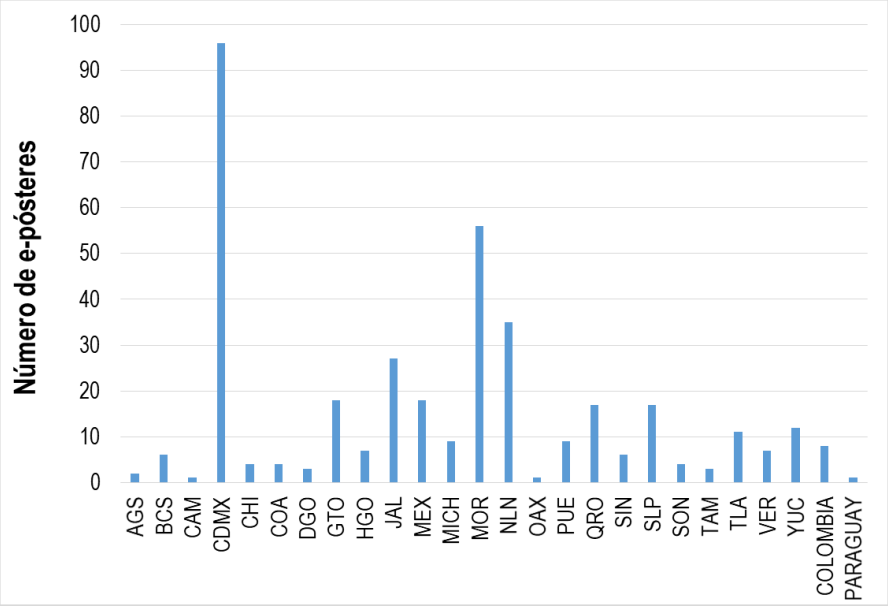


Figura 2. Entidades federativas de México y otros países de los autores de e-pósteres presentados en el XIX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería.

Dr. Álvaro Lara
Secretario y Presidente del Comité Científico

Se contó con la participación total de 529 asistentes, quienes principalmente fueron estudiantes de diversos niveles educativos, así como de profesionales en distintas áreas de la biotecnología. Además, la participación de expertos panelistas (coordinadores y ponentes) en cada una de las 15 áreas temáticas, quienes se distribuyeron en las tres salas que paralelamente se desarrollaron a lo largo de los 5 días del congreso.

Tabla 2. Asistencia en el XIX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería, AC.

Categoría	Inscritos	%
Congresista	350	66.16
Invitado	21	3.97
Mesa Directiva	9	1.70
Plenarista	14	2.65
Ponente	73	13.80
Expositor	47	8.88
Coordinador	15	2.84
Total	**529**	

Asimismo, contamos con la participación de 16 expositores comerciales en diversas categorías: **Genoma** [Applikon (part of Getinge); Sartorius de México, S.A. de C.V; BioRad; Eppendorff; Merck y Thermo Fisher Scientific (Applied Biosystems de México S de R.L)]; **Cromosoma** (El Crisol S.A. de C.V; Akron, Científica Senna S.A. de C.V.; Laboratorios de Especialidades Inmunológicas (LEI) S.A. de C.V.);

Gene (CTR Scientific, S.A. de C.V.); y, **Promotor** (Sarstedt México S. de R.L.; Seepsa S.A. de C.V., Yakult S.A. de C.V.; Byasis Cuernavaca, S.A. de C.V.; Universidad Autónoma Metropolitana, CINVESTAV-IPN, Universidad Autónoma del Estado de Morelos y Universidad Nacional Autónoma de México), quienes por medio de stands virtuales y charlas técnicas (en el caso de los dos primeros) dieron a conocer los productos y servicios que ofrecen.

A continuación se presenta el resumen de ingresos y egresos del evento.

Ingresos	
Membresías	$ 244,000.00
Inscripciones	$ 543,400.00
Combos	$ 531,350.00
Expositores	$ 671,635.60
Curso precongreso Applikon	$ 30,650.00
Total	**$ 2,021,035.60**
Pagos pendientes	$ 46,800.00
Total de ingresos	**$ 2,067,835.60**

Egresos	
ECODSA	$ 1,196,270.20
WebCom	$ 17,632.00
Administrativo	$ 17,600.00
Total	**$ 1,231,502.20**

Por último, la Sociedad Mexicana de Biotecnología y Bioingeniería agradece a:

Yakult México por el otorgamiento del Premio "**Alfredo Sánchez Marroquín**", a las mejores tesis de Licenciatura, Maestría y Doctorado (Monto otorgado: $ 48,000.00).

Sartorius México S.A. de CV por la aportación para la premiación de los mejores carteles en cada una de las áreas del congreso (Monto otorgado: $37,500.00).

Applikon (Getinge) por el otorgamiento del Premio "**Sergio Sánchez Esquivel**" para los mejores protocolos de tesis en las categorías de licenciatura, Maestría y Doctorado

(Monto otorgado: $ 32,000.00).

Dra. Angélica Meneses-Acosta
Tesorera – MDN (2020-2022)

Coordinación

Dra. Beatriz Ruiz Villafan
Subsecretaria y Presidenta de la Comisión de Premios

Evaluadores

Dra. María Soledad Córdova Aguilar

Dra. Gloria Díaz Ruiz

Dra. Vanessa Hernández Rodríguez

Dr. Cuauhtémoc Licona Cassani

Dr. Manuel Lizardi Jiménez

Dra. Jocelin Marari Rizo Villagrana

I. COVID-19

1] 268-I Desarrollo de un proceso de producción del dominio de unión al receptor (rbd) de la proteína s del SARS-CoV-2 para ensayos serológicos. **Daniel Barreto**

2] 375-I Desarrollo de una estrategia de inmunización contra el SARS-COV-2 basada en nanopartículas de oro. **Susan Itzel Farfán Castro**

II. Biotecnología enzimática y biocatálisis

1] 369-II Entendiendo el mecanismo de elongación de la levana sintetizada por la levansacarasa de *Bacillus subtilis* 168. **Sol Castrejón Carrillo**

2] 460-II Caracterización de una nueva esterasa GDSL con autotransportador y termoestabilidad de Pseudomonas alcaligenes aislada a 1000 metros de profundidad del Golfo de México. **Itzel Anahí Hidalgo Manzano**

III. Biotecnología agrícola, vegetal y marina

1] 418-III Identificación de mirnas en plantas de amaranto sometidas a diferentes tipos de estrés usando secuenciación masiva y herramientas bioinformáticas. **Flor de Fátima Rosas Cárdenas**

2]159-III Evaluación de consorcios bacterianos con capacidad de promoción del crecimiento vegetal (BPCV) contra hongos fitopatógenos. **Soley B. Nava Galicia**

IV. Biotecnología alimentaria

1] 222-IV Diseño de una película comestible a base de un concentrado de proteína de amaranto y quitosano reforzada con nanopartículas de sílice mesoporosa con aceite esencial de orégano (*Lippia graveolens* Kunth). **Alexis Matadamas-Ortiz**

2] 051-IV Fracciones peptídicas antibacterianas de semillas de chía (*Salvia hispanica* L.) y su estabilidad a condiciones de procesamiento de los alimentos. **Anaí León Madrazo**

V. Biotecnología ambiental

1] 086-V Evaluación de la flexibilidad metabólica de un consorcio desnitrificante-nitrificante durante la degradación de fenol en un reactor SBR. **Omar Oltehua López**

2] 083-V Eliminación simultánea de CH_4 y NO_3^- en continuo: estudio del desempeño del reactor, emisiones de N_2O y microorganismos involucrados. **Edgardo Valenzuela**

VI. Bioenergía y biocombustibles

1] 061-VI Fermentación extractiva como estrategia para incrementar la co-producción de H_2 y ácidos carboxílicos. **Paulina Nuñez**

2] 231-VI Evaluación teórica de la producción de bioetanol a partir de residuos generados en el proceso y consumo de café. **Luz Mariana Pérez Montoya**

VII. Biopolímeros y biomateriales

1] 082-VII Caracterización de andamios de alginato-quitosano para su aplicación en ingeniería de tejidos. **Daniela I. Ángeles Cruz**.

2] 279-VII Análisis de la regulación de la degradación del bioplástico polihidroxibutirato (PHB) por las proteínas PhbF y Avin_33510 de *Azotobacter vinelandii*. **Thalía Barrientos Millán**

VIII. Biotecnología farmacéutica

1] 254-VIII Diseño y expresión de un anticuerpo biespecífico mediante la cotransfección con dos diferentes plásmidos. **Juan Rivera**.

2] 314-VIII Diseño *in silico* de un candidato vacunal con antígenos recombinantes de *Mycobacterium avium* subsp. *Paratuberculosis*. **Alejandra Hernández**

IX. Biotecnología microbiana

1] 425-IX Evaluación de cepas de *Escherichia coli* modificadas genéticamente para producir la proteína adhesiva MRCP-19K del percebe megabalanus rosa. **Gustavo Zamudio Cortés**

2] 258-IX Modificación genética de *Azotobacter vinelandii* para la sobreproducción de lípidos antifúngicos alquilresorcinoles. **Andrea Moyao**

X. Bioingeniería y fermentaciones

1] 299-X Reproducción de la zona de adición de glucosa de cultivos alimentados de *E. coli* recombinante termoinducible mediante escalamiento descendente. **Greta Isabel Reynoso Cereceda**

2] 397- X Caracterización de la transferencia de momentum y masa en un biorreactor de fermentación en medio sólido empacado con subproductos agroindustriales. **Lilia Arely Prado Barragán**

XI. Ciencias ómicas y edición de genomas

1] 310-XI Estudio del metabolismo de hidrocarburos en la piel de sujetos expuestos a derivados de petróleo. **Alan Gerardo Hernández-Melgar**

2] 307-XI Caracterización del metabolismo de especies terrestres y marinas de México. **Jorge Xool Tamayo**

XII. Bioinformática

1] 364-XII Efecto de microARN de trigo sobre la expresión genética de humano; un alcance bioinformático sobre el cruce entre especies. **Daniel Sánchez Romo**

2] 152-XII Genome-wide identification and *in silico* characterization of PEBP gene family in Avocado. **Sandra Elena Rivas Morales**

XIII. Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos

1] 069-XIII La metabolómica como herramienta para estudiar el metabolismo de centellósidos en cultivos de hairy roots de centella asiática. **Antoni García Baeza**.

2] 092-XIII Evaluación del efecto anticonceptivo del extracto de *Petiveria alliacea* L. en un modelo de dolor experimental en ratones. **Kelly del Carmen Cruz Salomón**.

XIV. Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos

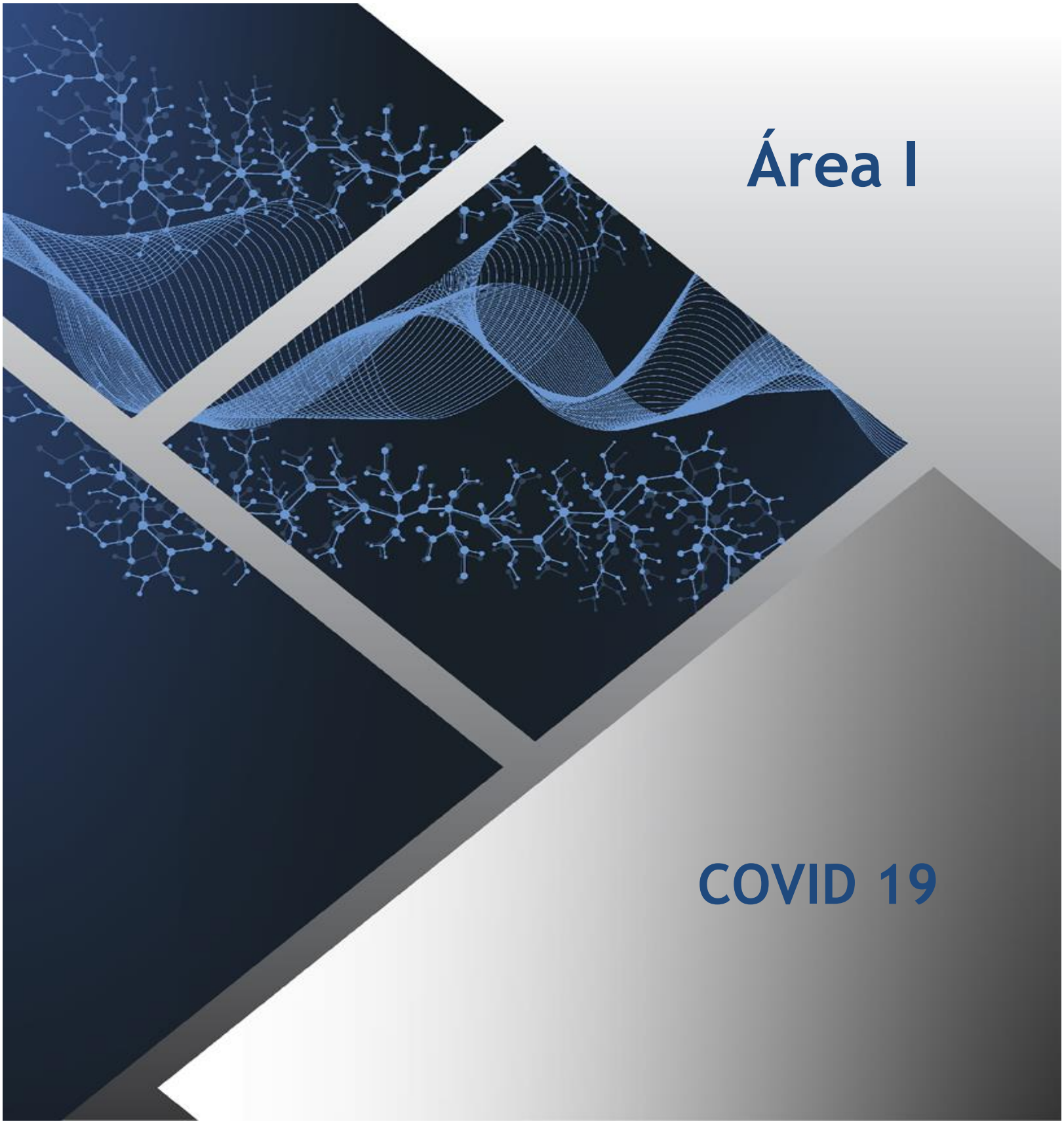
1] 365-XIV Biorreactor eléctrico para su aplicación en ingeniería de tejido cardiaco. **Emmanuel Francisco Solano**

2] 359-XIV Generación de andamios de poli-3-hidroxibutirato con potencial aplicación en ingeniería tisular. **Sandra García Cerna**

XV. Biotecnología, cadena productiva y sociedad

1] 029-XV Evaluación de la sustentabilidad agrícola en los pueblos originarios de Hidalgo – México. **Yaxk'in U Kan Coronado González**.

2]046-XV Hidrocarburos en México: desarrollo, contaminación, biotecnología y derecho a un ambiente sano. **Manuel Lizardi**



Área I

COVID 19

Contenido

SARS-CoV-2 EN AGUAS RESIDUALES DE CDMX UTILIZADAS PARA RIEGO EN EL VALLE DEL MEZQUITAL, HIDALGO
Jorge Rocha, Yaxk'in Coronado, Carlos Mosqueda, Valeria Valenzuela, Víctor González, Mayra de la Torre 25

ANTICUERPOS TERAPÉUTICOS NEUTRALIZANTES POR DISEÑO PARA MITIGAR LA COVID-19
Norma A. Valdez-Cruz, Luis F. Cofas-Vargas, Mauricio A. Trujillo-Roldán, Enrique García-Hernández 26

SARS-COV-2 EN AGUAS DE DRENAJE Y PLANTAS DE TRATAMIENTO DE AGUAS
Germán Buitrón, Julián Carrillo Reyes, Martín Barragán 27

MODELADO ESTRUCTURAL DEL DOMINIO RBD (F318-V510) DE LA PROTEÍNA SPIKE
Denisse Chacón, Alejandro Rojo, Jessica Hidalgo y Costilla, Judith García, Luisa Reyes, Sofia Heras, Cynthia González-Trevizo, Berenice Oseguera, Yocanxóchitl Perfecto 28

DESARROLLO DE UN PROCESO DE PRODUCCIÓN DEL DOMINIO DE UNIÓN AL RECEPTOR (RBD) DE LA PROTEÍNA S DEL SARS-CoV-2 PARA ENSAYOS SEROLÓGICOS
Dubhe B. Bulté, Daniel Barreto, Juan C. Rivera, Alfonso Gómez, Julio C Fabián, Karim Jaen, Alberto Porras, Martha Contreras, Juan C Arizmendi, Fernando Losoya, Esmeralda Cuevas, Michelle Gutiérrez, Vanessa Hernández, Laura A. Palomares, Octavio T. Ramírez 29

DETECCIÓN DE SITIOS INMUNODOMINANTES DE SARS-COV-2 POR PHAGE DISPLAY Y SU USO POTENCIAL PARA DIAGNÓSTICO Y DESARROLLO DE INMUNÓGENOS.
María Alejandra Quiñones Peña, Ulises Hernández Chiñas, Carlos Alberto Eslava Campos, Luz María Rocha Ramírez 30

DESARROLLO DE UNA ESTRATEGIA DE INMUNIZACIÓN CONTRA EL SARS-CoV-2 BASADA EN NANOPARTÍCULAS DE ORO
Susan Itzel Farfán-Castro, Mariano J. García-Soto, Omar González-Ortega, Sergio Rosales-Mendoza 31

EFICIENCIA DE REMOCIÓN DE RNA DE SARS-CoV-2 EN DIFERENTES TRATAMIENTOS DE AGUA RESIDUAL EN LA CIUDAD DE MÉXICO.
Karen N. Villamizar Ojeda, Daniel De los Cobos-Vasconcelos, Yovany Cuetero Martínez, Adalberto Noyola 32

DESARROLLO DE UN INMUNOENSAYO DE FLUJO LATERAL PARA LA DETECCIÓN DE SARS-CoV-2 UTILIZANDO NANOPARTÍCULAS DE ORO
Carolina Faz-Hernández, Mariano J. García-Soto, Mauricio Comas-García, Sergio Rosales-Mendoza, Omar González-Ortega 33

SARS-CoV-2 EN AGUAS RESIDUALES DE CDMX UTILIZADAS PARA RIEGO EN EL VALLEDEL MEZQUITAL, HIDALGO

Jorge Rocha, Yaxk'in Coronado, Carlos Mosqueda, Valeria Valenzuela, Víctor González, Mayra de la Torre.
UnidadRegional Hidalgo, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo.
San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo 42163.
jorge.rocha@ciad.mx

Palabras clave: SARS-CoV-2, aguas residuales, dispersión, sistemas agrícolas

Introducción. En la pandemia de COVID-19, causada por el virus SARS-CoV-2, el monitoreo del ARN viral en en aguas residuales emerge como una opción eficaz para el seguimiento de los casos activos en poblaciones (1). En México, no se llevó a cabo esta estrategia sistemáticamente. Sin embargo, los sistemas de canales de riego del Valle del Mezquital representan un modelo para el estudio de dispersión a nivel geográfico del virus, ya que aguas residuales de CDMX tratadas parcialmente (2). Además, estas prácticas pueden representar un riesgo para los productores y consumidores. Por lo tanto, en este trabajo tomamos muestras de agua, suelo y verduras, a lo largo del Valle del Mezquital y cuantificamos la concentración de ARN de SARS-CoV-2. Finalmente, generamos modelos matemáticos que describen la dispersión viral en una escala geográfica.

Metodología. En el período de septiembre-octubre de 2020, se tomaron muestras en puntos del río Tula, entre la planta de tratamiento (Atotonilco de Tula, el punto más cercano a CDMX) e Ixmiquilpan, Hidalgo. Asimismo, se tomaron muestras de agua de canales de riego, suelos agrícolas y verduras sembradas en sitios representativos del Valle del Mezquital, o bien compradas en el mercado de Ixmiquilpan. Se realizaron extracciones de ARN viral de todas las muestras y se cuantificó el virus SARS-CoV-2. Finalmente, se realizó un modelo matemático de transporte para describir la dispersión del virus en esta zona.

Resultados. Se logró extraer ARN viral de todas las muestras, detectando en todos los casos al virus *Pepper Mild Mottle*, utilizado como control interno e indicador de conatminación fecal. Por su parte, el virus SARS-CoV-2 fue detectado solamente en muestras de agua, tanto del río Tula (Figura 1a), como de canales de riego (Figura 1b). En contraste, no se detectó al virus SARS-CoV-2 en las muestras de suelo agrícola o verduras colectadas en campo o compradas en mercado de Ixmiquilpan.

Estos datos experimentales, nos permitieron generar un modelo matemático de transporte que permite predecir la dispersión, a nivel geográfico del virus en el río Tula, y que puede ser extrapolado a sistemas similares (Figura 2).

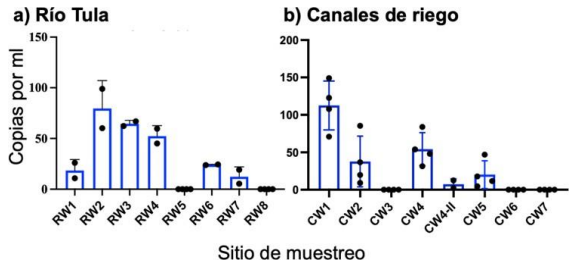


Fig. 1. Concentración de SARS-CoV-2 en muestras de agua colectadasen el Valle del Mezqutial, Hidalgo.

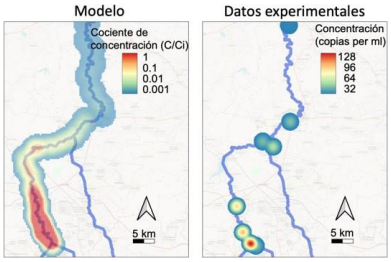


Fig. 2. Representación geográfica del matemático que describe la dispersión del virus SARS-CoV-2, en aguas residuales del Valle del Mezquital; se muestran los datos experimentales para comparación.

Conclusiones. Este proyecto sirve como base para iniciar un seguimiento de la epidemia de COVID-19 en aguas residuales en México, así como para la creación de políticas públicas relacionadas a la seguridad de agricultores y consumidores en sistemas productivos del Valle del Mezquital.

Agradecimiento. CONACYT Proyecto 312014; CONAGUA Hidalgo; Juan Pablo Pérez, Roberto Navarro, Jaime Ortega de SEDAGROH Mixquiahuala.

Bibliografía.

Randazzo, W., Truchado, P., Cuevas-Ferrando, E., Simón, P., Allende, A., & Sánchez, G. (2020). SARS-CoV-2 RNA in wastewater anticipated COVID-19 occurrence in a low prevalencearea. Water research, 181, 115942.

Lüneberg, K., Schneider, D., Siebe, C., & Daniel, R. (2018). Drylands soil bacterial community is affected by land use change and different irrigation practices in the Mezquital Valley, Mexico. *Scientific reports*, *8*(1), 1-15.

ANTICUERPOS TERAPÉUTICOS NEUTRALIZANTES POR DISEÑO PARA MITIGAR LA COVID-19

Norma A. Valdez-Cruz [1], Luis F. Cofas-Vargas [2], Mauricio A. Trujillo-Roldán [1], Enrique García-Hernández [2] [1] Programa de Investigación de Producción de Biomoléculas, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología,Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 Ciudad de México, México. [2] Instituto de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 Ciudad de México, México. [1] adri@biomedicas.unam.mx; [2] egarciah@unam.mx

Palabras clave: Anticuerpos neutralizantes, Spike, RBD

Introducción. La COVID-19 o síndrome respiratorio agudo severo causado por el coronavirus 2 (SARS-CoV-2) es una emergencia sanitaria mundial, que ha afectadoa más de 150 millones de personas [1]. Esto remarca la urgencia en la investigación, el diseño, la innovación y la producción a gran escala de nuevos fármacos profilácticos y terapéuticos para tratar la enfermedad. Alrededor del mundo se desarrollan aproximadamente 180 candidatos vacunales, mientras cuatro vacunas y tres anticuerpos recombinantes (rAbs) neutralizantes han sido aprobadas para uso de emergencia por laAdministración de Alimentos y Medicamentos y otras agencias reguladoras para dar atención a la COVID-19 [1,2]. El objetivo de este trabajo es determinar las bases moleculares de interacción entre anticuerpos (Abs) neutralizantes del plasma de convalecientes con el dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína "Spike" de SARS-CoV-2, que interactúa con la enzima convertidora de angiotensina humana (hACE2), para el desarrollo de Abs por diseño contra dianas específicas del virus, que podría resultar en tratamientos profilácticosy terapéuticos.

Metodología. Se coleccionaron al menos 40 estructuras resueltas del *Protein Data Bank* (PDB) de Abs neutralizantes en complejo con RBD o Spike. Como modelo inicial de análisis utilizamos una estructura de pre-fusión de la proteína S trimérica resuelta por crio-EM a 2,80 Å de resolución (PDB 6VXX) [3]. Se identificaron sitios para la *O*-glicosilación y *N*-glicosilación. Se generó una estructura de superficies de interacción de hACE2 y RBD, así como con los diferentes anticuerpos capaces de unir a Spike tanto en conformación cerrada como abierta, y cuya estructura 3D unida a la proteína viral han sido resueltos experimentalmente [3]. Se definieron los aminoácidos más recurrentes de interacción entre los anticuerpos y RBD.

Resultados. Se realizó el modelado de las superficies expuestas de la proteína "Spike" trimérica, particularmente la región RBD. Los sitios de N-glicosilación fueron contemplados, con el fin de dilucidar los epítopos accesibles para el diagnóstico, la terapéutica y el desarrollo de nuevos anticuerposneutralizantes (**Fig. 1**). Se definió el dominio y los aminoácidos más propensos de ataque en RBD, y que compiten con aquellos aminoácidos de unión con hACE2.

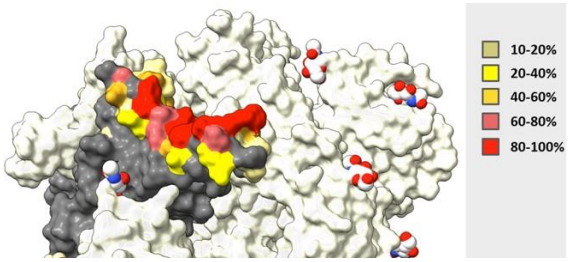


Fig. 1. Porcentaje de uso de residuos de RBD por anticuerposneutralizantes que reconocen la conformación "down".

Se definieron al menos 14 aminoácidos importantes (entre ellos K444, G447, el N487 y F486) para los contactos anticuerpo-antígeno, considerando áreas fuera de los dominios glicosilados (**Fig. 1**). Nuestro modelo estácorroborado por epítopos reconocidos por Abs neutralizantes [4] determinados experimentalmente.

Conclusiones. Construimos un modelo 3D de la proteínaS trimérica SARS-CoV-2, y su superficie de interacción con anticuerpos humanos neutralizantes que se sobreponen con hACE2. Se dilucidaron con éxitoepítopos que sobresalen, desenmascarados de la nube de glicanos y que se mantienen en conformación abiertay cerrada. Dichos epítopos nos sirven de diana para el diseño de anticuerpos neutralizantes de utilidad en la terapia de personas que no son candidatos para vacunaro para la búsqueda de nuevas vacunas.

Agradecimientos. "Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica, UNAM" (PAPIIT- UNAM IV-201220, PAPIIT-UNAM IN210419: NAVC, IT-200719: MATR).

Bibliografía.

Dong E, Du H, Gardner L. *Lancet Infect Dis*. 2020;20(5):533–4.

Zhu Z, Chakraborti S, He Y, et al. *Proc Natl Acad Sci*.2007;104(29):12123–8.

Wintjens R, Bifani AM, Bifani P (2020). *NPJ vaccines*, 5(1), 1-8.

Valdez-Cruz NA, García-Hernández E, Espitia C, et al., (2021). *Microbial cell factories*, 20(1), 1-32.

SARS-COV-2 EN AGUAS DE DRENAJE Y PLANTAS DE TRATAMIENTO DE AGUAS

Germán Buitrón, Julián Carrillo Reyes, Martín Barragán Laboratorio de Investigación en Procesos Avanzados de Tratamiento de Aguas, Unidad Académica Juriquilla, Instituto de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México, Querétaro 76230
GBuitronM@iingen.unam.mx

Palabras clave: SARS-CoV-2, COVID-19, Aguas residuales

Introducción. En años recientes, se ha propuesto el término *epidemiología basada en aguas residuales*, para llevar a cabo el monitoreo de diversas sustancias de interés en salud pública. El monitoreo de los cambios en la concentración y diversidad de virus excretados por la población, en combinación con el monitoreo de metabolitos y biomarcadores presentes en las aguas residuales, puede servir como un indicador de alerta temprana (momentos críticos para el inicio de un brote) y sobre la prevalencia de enfermedades en las poblaciones. Recientemente, se ha propuesto el monitoreo del SARS-CoV-2 en aguas residuales para determinar las tendencias de propagación de la COVID-19. Este monitoreo podría generar información rápida para estimar el riesgo de brotes importantes en determinadas regiones, superando las limitaciones de los sistemas tradicionales de detección y manejo de enfermedades infecciosas basados en las pruebas diagnóstico que se aplican a personas (1). En este trabajo se presentan los resultados obtenidos en el monitoreo de SARS-CoV-2 en aguas de drenaje y plantas de tratamiento en la ciudad de Querétaro.

Metodología. Se llevó a cabo un muestreo de drenajes urbanos incluyendo el de un hospital COVID, una Unidad Médica de Aislamiento para la recuperación de pacientes COVID, un CERESO varonil y oficinas administrativas de la Ciudad de Querétaro. Adicionalmente, entre abril y junio de 2020 y enero a marzo de 2021 se monitoreó el influente, efluente y lodos activados de dos plantas de tratamiento de aguas localizadas en la ciudad de Querétaro. Se llevó a cabo la concentración, purificación y cuantificación por RT-qPCR de los fragmentos genéticos (genes RdRP, N y S). Se evaluaron dos métodos de concentración del ácido ribonucleico (ARN): adsorción con membrana electronegativa y ultrafiltración con centrífuga (2, 3).

Resultados. Se logró identificar concentraciones positivas del virus de alcantarillas provenientes del CERESO, el hospital COVID y la Unidad Médica de Aislamiento. Se encontró una mayor concentración de fragmentos genéticos con el método de absorción con membrana electronegativa que el método de ultrafiltración centrífuga. Los resultados del monitoreo del ARN del SARS-CoV-2 en el periodo de abril a julio del 2020 en aguas residuales mostraron una correlación casi lineal con la prevalencia del virus en la ciudad de Querétaro, reportada como casos COVID-19 acumulados (**Fig.** 1). La concentración de los fragmentos genéticos del SARS- CoV-2 evaluada en los lodos activados fue significativamente más elevada que los valores detectados en el agua residual del influente a las plantas de tratamiento. Es importante mencionar que, durante todo el periodo de estudio, no se detectaron fragmentos genéticos en los efluentes de las plantas de tratamiento. Esto incluso en la planta que no contaba con cloración en la época de muestreo. Lo anterior sugiere que bajo las condiciones prevalecientes en el reactor de lodos activados los fragmentos son removidos. Más estudios son necesarios para determinar exactamente la dinámica de remoción de estos fragmentos en las plantas de tratamiento.

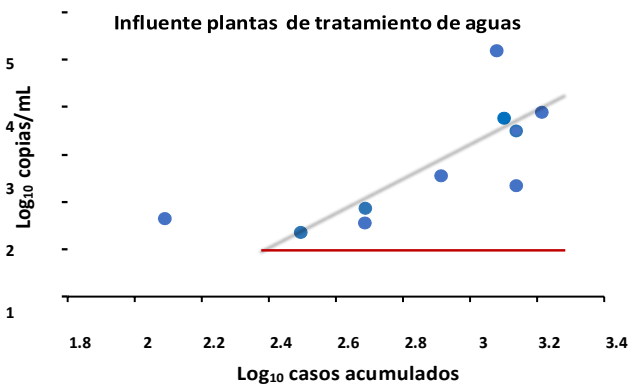


Fig. 1. Correlación entre la concentración de fragmentos genéticos y los casos reportados en la ciudad de Querétaro.

Conclusiones. Los resultados obtenidos en el estudio sobre la cuantificación del SARS-CoV-2 en aguas residuales confirman la sensibilidad del método, el cual resulta ser una herramienta eficiente de alerta temprana para la toma de decisiones ante esta pandemia, así como para futuros brotes de la COVID-19.

Agradecimiento. Se agradece el apoyo del Instituto de Ingeniería-UNAM (0406) y DGAPA-UNAM (PAPIIT IV200321).

Bibliografía.

Sims, N., *et al.* (2020) *Environment international,* 105689.

Ahmed, W., *et al.* (2020) *Science of The Total Environment*, 138764.

Carrillo-Reyes, J., Barragán-Trinidad, M., Buitrón, G. (2021) *Journal of Water Process Engineering*, 40, 101815.

MODELADO ESTRUCTURAL DEL DOMINIO RBD (F318-V510) DE LA PROTEÍNA SPIKE

Denisse Chacón, Alejandro Rojo, Jessica Hidalgo y Costilla, Judith García, Luisa Reyes, Sofia Heras, Cynthia González-Trevizo, Berenice Oseguera, Yocanxóchitl Perfecto.
Tecnologico de Monterrey, Departamento de Bioingeniería, Chihuahua, 31300.
a01562077@itesm.mx.

Palabras clave: SARS-CoV-2, RBD, estructura molecular

Introducción. La pandemia ocasionada por el SARS-CoV-2 ha impactado gravemente en la salud pública global. El dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína spike del SARS-CoV-2 es el responsable de la interacción entre el virus y los receptores de las células humanas. Gracias a esta característica es que ha sido de interés para la producción de antígenos neutralizantes, por lo que producir este péptido de manera recombinante puede ayudar al desarrollo de vacunas y pruebas para detectar el COVID-19 (1).

En el presente trabajo se busca predecir la función biológica de una porción del dominio RBD de la proteína S a través de una modelación estructural en I-TASSER y posterior visualización en PyMOL. De esta manera, se pretende determinar si el fragmento propuesto presenta una función biológica adecuada para su posible aplicación clínica.

Metodología. Se realizó una clonación *in silico* de la secuencia que codifica para 193 aminoácidos (F318 a V510) de la proteína spike [YP_009724390.1] en el vector pBAD202D-TOPO, en SnapGene (2), para producir una proteína de fusión con una etiqueta de histidinas y un epítopo V5 (RBD-V5-6xHis). La estructura molecular 3D de la proteína RBD-V5-6xHis se predijo a través de la herramienta en línea I-TASSER (3,4). Al ingresar la secuencia aminoacídica no se asignaron restricciones ni se señalaron estructuras secundarias de residuos específicos y se seleccionaron todas las bibliotecas de plantillas I-TASSER.

Para verificar que la etiquetas 6xHis y V5 no interferirán con la función biológica de la proteína RBD-V5-6xHis, se realizaron alineamientos estructurales de la proteína RBD-V5-6xHis con la proteína spike en su estado abierto [Número de acceso: 7BNN] y con el receptor humano ACE2 conjugado con el RBD del SARS-CoV-2 [Número de acceso: 6VW1] en PyMOL (ver 2.4.1) (5).

Resultados. El software I-TASSER arrojó 5 modelos de la estructura molecular de la proteína RBD-V5-6xHis. El modelo A presentó un C-SCORE de -0.08 (Fig.1A). El C-SCORE es una puntuación de confianza que ayuda a estimar la calidad de los modelos predichos en I-TASSER. Se mide en un rango de [-5,2], donde a mayor valor, mayor nivel de confianza.

El alineamiento entre la proteína RBD-V5-6xHis y la proteína spike exhibió un TM-score de 0.938, debido al epítopo V5 y la etiqueta de histidina. La puntuación TM permite evaluar la similitud estructural entre proteínas, presentando valores en [0,1] donde 1, indica un alineamiento perfecto entre dos estructuras. El alineamiento con el RBD conjugado con la ACE2 muestra que las etiquetas 6xHis y V5 quedan del lado opuesto al sitio de interacción entre el RBD y el ACE2 (Fig. 1B). El cálculo de la distancia entre el nitrógeno del aminoácido K31 (ACE2) y el oxígeno del aminoácido Q493 (RBD) resultó de 3.4 Å para ambos modelos (Fig. 1C Y 1D).

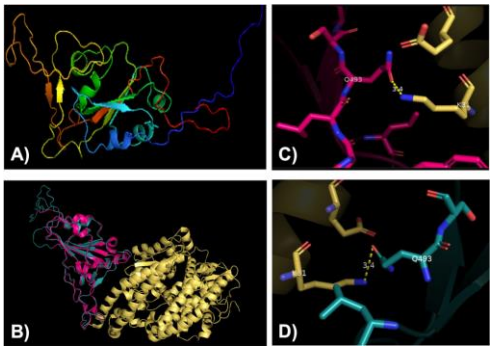


Fig. 1. Modelado *in silico* de RBD. A) Modelo A de la estructura 3D de la proteína RBD-V5-6xHis. B) Alineamiento entre la proteína RBD-V5-6xHis (azul) y el dominio RBD (rosa) conjugado con el receptor humano ACE2 (amarillo). C) Distancia del contacto polar entre el RBD nativo y la ACE2 (Q493 - K31) de 3.4 Å. D) Distancia del contacto polar entre el RBD-V5-6xHis y la ACE2 (Q493 - K31) de 3.4 Å.

Conclusiones. Dados los resultados de los alineamientos del modelo estructural de la proteína RBD-V5-6xHis, se espera que ésta cuente con potencial para su posible aplicación en la detección de anticuerpos y como ingrediente subunitario de vacunas.

Agradecimiento. Agradecemos al grupo de investigación de Ingeniería Biomédica liderado por el Dr. Mario Álvarez.

Bibliografía

Stadlbauer, D., Amanat, F., Chromikova, V., Jiang, K., Strohmeier, S., Arunkumar, G. A., ... & Krammer, F. (2020). *Curr Protoc Microbiol*, 57(1), e100.

SnapGene® software (from Insightful Science; available at snapgene.com).

Yang, J. y Zhang, Y. (2015). *Nucleic Acids Res*, (43):W174–W181.

Zhang, C., Freddolino, P., y Zhang, Y. (2015).*Nucleic Acids Res*, (45):W291–W1299.

The PyMOL Molecular Graphics System, Version 1.2r3pre, Schrödinger, LLC.

DESARROLLO DE UN PROCESO DE PRODUCCIÓN DEL DOMINIO DE UNIÓN AL RECEPTOR (RBD) DE LA PROTEÍNA S DEL SARS-CoV-2 PARA ENSAYOS SEROLÓGICOS

Dubhe B. Bulté, Daniel Barreto, Juan C. Rivera, Alfonso Gómez, Julio C Fabián, Karim Jaen, Alberto Porras, Martha Contreras, Juan C Arizmendi, Fernando Losoya, Esmeralda Cuevas, Michelle Gutiérrez, Vanessa Hernández, Laura A. Palomares, Octavio T. Ramírez. Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Cuernavaca, Morelos, México. CP. 62210. dubhe.bulte@ibt.unam.mx, tonatiuh.ramirez@ibt.unam.mx

Palabras clave: RBD, células CHO, SARS-CoV-2

Introducción. Ante la emergencia sanitaria de la Covid 19, nuestro grupo de investigación ha enfocado la experiencia en bioprocesos de producción de glicoproteínas recombinantes, hacia el desarrollo de una plataforma para la producción del dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína S del virus SARS-CoV2, considerando la relevancia de esta proteína en aplicaciones de diagnóstico, estrategias terapéuticas y candidatos vacunales. Teniendo en cuenta la demanda del producto en el contexto actual, se optó por una estrategia de expresión estable de la proteína en células CHO, para garantizar a su vez la adecuada glicosilación de los 2 sitios reportados dentro de la secuencia RBD (1) y que podrían estar involucrados en el plegamiento de la proteína y en la inmunogenicidad (2). La proteína RBD producida, se ha utilizado como antígeno en un ensayo serológico (ELISA) desarrollado para la detección de IgM e IgG anti-SARS-CoV-2 en sueros humanos, teniendo un gran impacto en la evaluación y estudio de la respuesta inmune humoral de pacientes contagiados y/o vacunados.

Metodología. La secuencia RBD correspondió a los aminoácidos 319-541 de la glicoproteína S de SARS-CoV-2 (Wuhan-Hu-1) incluyendo el péptido señal de la proteína S y un 6XHis tag, y fue donada por el Dr. F. Krammer (1). Células CHO-S en suspensión fueron establemente transfectadas con la construcción pMONO- RBD seleccionadas con blasticidina a 10µg/mL y seguido de selección clonal por dilución limitante. La evaluación de la clonas mejores productoras se realizó mediante Dot blot. Los cultivos se desarrollaron en lote alimentado y fueron escalados desde matraces con 200mL de trabajo, hasta biorreactores de tanque agitado de 5 y 50 L, manteniendo condiciones de 5 % CO2, 30 % OD, 37 oC, pH 7.2 con medio de cultivo CellVento (Meck). Los sobrenadantes cosechados fueron concentrados y dializados por filtración de flujo tangencial (TFF) y purificados por afinidad en una resina IMAC (Fractogel Chelate Merck). La proteína purificada fue diafiltrada por TFF en PBS 1X y analizada para determinar pureza por SDS-PAGE, concentración por Bradford, potencia por ELISA y N-glicosilación por HILIC. La RBD se utilizó en la sensibilización de placas de ELISA para el ensayo serológico que se desarrolló teniendo como base lo reportado por Stadlbauer y Perera (3,4), e incorporando el cálculo de absorbancia normalizada con respecto a la de un pozo tratado solo con PBS.

Resultados. De 41 clonas positivas aisladas, se seleccionaron las clonas 8 y 22 como las mejores productoras en una primera ronda de evaluación mediante Dot blot (Fig. 1).



Fig. 1. Selección de clonas para la expresión de RBD mediante Dot blot.

Al comparar el desempeño del cultivo en matraces agitados de las clonas 8 y 22 en lote alimentado, se alcanzó mayor concentración celular (15.9 células/mL) y productividad (17.9 µg/mL de cultivo) para la clona 8, por lo que esta se seleccionó para escalar la producción en biorreactores de tanque agitado de 5 y 50L. Se encontró un desempeño satisfactorio y comparable a la producción en matraces, siempre y cuando se mantuviera la centrifugación como método de clarificación. A partir del análisis densitométrico por Western blot, de muestras de sobrenadante a diferentes tiempos de cultivo, se estableció el tiempo de cosecha en 144 h por encontrarse una mayor señal correspondiente a una mayor concentración de RBD. Para la purificación cromatográfica por afinidad con resina de Ni, se estudiaron diferentes condiciones de elución con gradientes de pH y diferentes concentraciones de imidazol, seleccionándose la elución con 250 mM de imidazol, al resultar en una pureza de la proteína de 90 % sin afectar el rendimiento. También se adicionó 32 mM de L- arginina en el buffer de intercambio en la 1ra etapa de TFF, para prevenir la formación de agregados cuya remoción se dificulta en la etapa cromatográfica. En el análisis de N-glicosilación de RBD producida a distintas escalas se encontraron 22 estructuras diferentes, en su mayoría complejas bi, tri y tetraantenarias sialiladas fucosiladas, variabilidad acorde a lo reportado en las glicosilaciones de la proteína S de SARS-CoV2 (5).

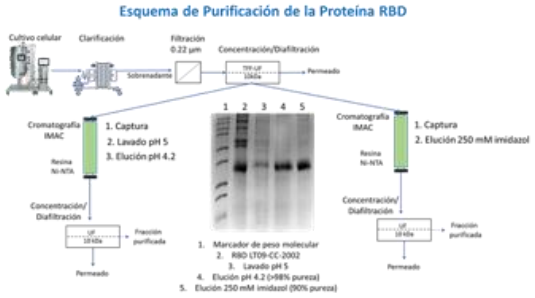


Fig. 2. Proceso de purificación de la RBD utilizando diferentes esquemas de elución.

La evaluación de 500 muestras de sueros de pacientes positivos y negativos permitió establecer un valor de absorbancia límite, por encima de cual puede considerarse las muestras positivas con respecto a la precia de anticuerpos específicos anti RBD de SARS-CoV 2.

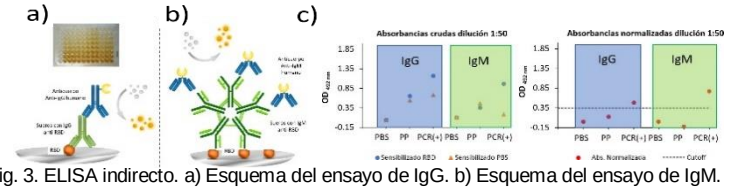


Fig. 3. ELISA indirecto. a) Esquema del ensayo de IgG. b) Esquema del ensayo de IgM. c) Normalización de absorbancias para reducción de ruido de fondo para ensayo de IgG e IgM (PP= suero prepandemia).

Conclusiones. Se obtuvo una línea celular CHO productora de la proteína RBD, cuyo proceso de cultivo y purificación fue satisfactoriamente establecido con una pureza y rendimientos aceptables para las aplicaciones previstas. Utilizando la RBD como recubrimiento de la placa, se desarrolló un método de ensayo serológico, que ha permitido evaluar los títulos de anticuerpos IgM e IgG en pacientes expuestos al antígeno viral ya sea por contagio o por vacunación.

Agradecimiento. Proyectos DGAPA P-AV-200820.

Bibliografía.

Amanat F et al. (2020). Nature Medicine 26: 1033–1036
Watanabe Y et al. (2020). Science 10.1126/science.abb9983
Stadlbauer et al. (2020) Curr Opin Microbiol. 57: 1-15.
Perera et al. (2020) Euro Surveill. 25: 1-9.
Watanabe, Y. (2020) bioRxiv (Pre-print).

DETECCIÓN DE SITIOS INMUNODOMINANTES DE SARS-COV-2 POR PHAGE DISPLAY Y SU USO POTENCIAL PARA DIAGNÓSTICO Y DESARROLLO DE INMUNÓGENOS

María Alejandra Quiñones Peña, Ulises Hernández Chiñas, Carlos Alberto Eslava Campos. Luz María Rocha Ramírez. Hospital Infantil de México Federico Gómez, Unidad de Investigación en Enfermedades Infecciones, y Unidad de Hematooncología e Investigación Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Medicina, Departamento de Salud Pública. Doctor Márquez 162, Col. Doctores,Alcaldía Cuauhtémoc, CDMX,C.P.6720.
aleqp@yahoo.com, luzmrr7@yahoo.com.mx

Palabras clave: Phage-Display, Inmunógenos, SARS-CoV-2

Introducción. La técnica Phage Display del fago filamentoso M13 permite expresar diferentes péptidos en la proteína de cubierta pIII [Scott JK and Smith GP. 1990,]. Esta tecnología es una herramienta útil para la selección de epítopes inmunodominantes de proteínas, polisacáridos e incluso Lipopolisacáridos (LPS) y poder utilizarse para diagnóstico y desarrollo de vacunas con la ventaja de ser un procedimiento sencillo con alta eficiencia y bajo costo. [Hernández, *et al*. 2009]. La actual pandemia empezó a finales de 2019, cuando se reportó la presencia de un nuevo coronavirus designado como SARS-CoV-2, responsable de la enfermedad llamada coronavirus 2019 (COVID-19), que se reportó en la ciudad de Wuhan China y se propagó rápidamente por casi todo el territorio de China y posteriormente a casi todo el mundo. Se busca encontrar tanto métodos diagnóstico como vacunas para lo cual Phage Display es una técnica útil.

El objetivo principal de este trabajo es identificar motivos inmunodominantes de SARS-CoV-2 empleando el método de Phage Display.

Metodología. Se tomaron muestras de sangre de pacientes COVID-19 y se aislaron la IgG de los mismos [Gazarian 2000], las cuales se usaron para obtener los epitopes inmunodominantes [Scott JK and Smith GP. 1990] y confirmarlos con pruebas de ELISA para identificar los motivos inmunodominantes.

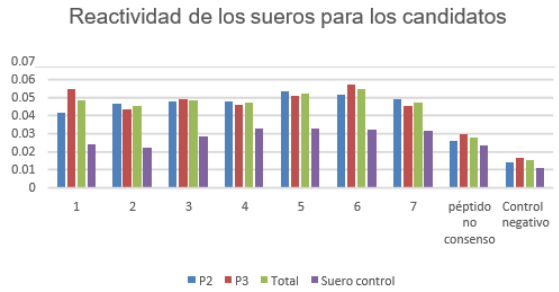
Resultados. Se obtuvieron los sueros de los pacientes con COVID-19, 20 muestras, 17 positivas para COV-2-IgG y 4 negativas. De dichos sueros se obtuvieron sus IgG con lo que se seleccionaron péptidos mimótopos de SARS-CoV-2, a partir de la biblioteca comercial Ph.D.-12™ Phage Display. Péptidos Library kit. New England Bio Labs por medio de Bioselección, los fagos que resultaron mimótopos de epitopes antigénicos de SARS-CoV-2 fueron mandados a secuenciar, los mimótopos de interes fueron organizados según sus repeticiones en las muestras, y aquellos que no fueron únicos se analizaron con las proteínas de mayor inmunogenicidad de SARS-CoV-2, SARS-CoV y MERS. También se realizó la revisión con los posibles mimótopos propuestos en la bibliografía y las mutaciones publicadas con interés clínico. Los posibles candidatos propuestos fueron:

	Candidatos
1	KSQIANPMLGSQ
2	VSHKPSTMFGMQ
3	YSAPHSHNSAYI
4	QRSIQAAGNHSA
5	RHLQKSEAYGNS
6	SLSRKAPPVNLT
7	VGTYSSAEYWYS

Tabla 1. Candidatos Obtenidos de Epítopes. Secuencia de aminoácidos de los candidatos obtenidos.

A partir de los ensayos en ELISA, los candidatos con mayorreactividad *in vitro,* y por lo tanto la propuesta a sintetizar son:

Fig. 1. Gráfica de reactividad en el ensayo de ELISA retando sueros con loscandidatos para reconocer su reactividad y con los controles de péptidos noseleccionados y un control negativo.



Conclusiones. Se obtuvieron 5 motivos inmunodominantes de SARS-CoV-2. Y se debe de seguir evaluando para su uso potencial para diagnóstico o en vacunas.

Agradecimiento. A la beca postdoctoral de la Dra. Ma. Alejandra Quiñones Peña.

Bibliografía.

Scott J.K., Smith G.P. (1990) Searching for peptide ligands withan epitope library. *Science*. 249:386–390.

Hernández U., Tatiana G, Karlen G, Guillermo MH, JuanXC, C Eslava. (2009) Peptide sequences identified by phage display are immunodominant functional motifs of Pet and Pic serine proteases secreted by *Escherichia coli* and *Shigella flexneri*. Peptides. 30(12):2127-35.

Gazarian KG, Gazarian TG, Solís CF, Hernández R, Shoemaker CB, Laclette JP. (2000) Epitope mapping on N- terminal region of taenia solium paramyosin. *Immunol Lett*.1;72(3):191-5.

DESARROLLO DE UNA ESTRATEGIA DE INMUNIZACIÓN CONTRA EL SARS-CoV-2 BASADA EN NANOPARTÍCULAS DE ORO

Susan Itzel Farfán-Castro[a,b], Mariano J. García-Soto[a], Omar González-Ortega[a], Sergio Rosales-Mendoza[a,b].
[a]Facultad de Ciencias Químicas y [b]Centro de Investigación en Ciencias de la Salud y Biomedicina Universidad Autónoma de San Luis Potosí, San Luis Potosí, 78210 SLP, susanfar94c@gmail.com

Palabras clave: SARS-CoV-2, aguas residuales, dispersión, sistemas agrícolas

Introducción. Un aspecto crítico en el diseño de vacunas contra SARS-CoV-2 es la inducción de respuestas humorales. Para esto se emplean antígenosespecíficos derivados del virus (péptidos) que permiten focalizar la respuesta en los epítopos específicos que promueven la producción de anticuerpos neutralizantes.El uso de nanomateriales en tales formulaciones, e.g. nanopartículas de oro (AuNP), previene la degradación enzimática prematura del péptido y promueve la captación del sistema antígeno-acarreador por lascélulas diana del sistema inmunológico, facilitando el drenado hacia ganglios linfáticos (1). Esta es una estrategia promisoria por su versatilidad en la modificación de superficies y sus propiedades fisicoquímicas que las hacen ideales en aplicaciones biomédicas (2).

El objetivo de este trabajo es sintetizar y caracterizar un conjugado de AuNP unido a un péptido derivado de la proteína S de SARS-CoV-2.

Metodología. Se sintetizaron AuNP de 20 nm por el método de Frens basado en la reducción de Au^{3+} a Au^{0}, usando HAuCl4 como precursor y Na3C6H5O7 como agente reductor y estabilizador (3). Las nanopartículas se funcionalizaron con HS-PEG-NH2 y se conjugaron con el péptido S461-493 (seleccionado por predicción *in silico* de epítopo de células B) usando glutaraldehído (GTA) como agente entrecruzante. Los conjugados AuNP-S461-493 se caracterizaron mediante DLS, UV-Vis y TEM. Posteriormente se determinó la inmunogenicidad del conjugado en ratones BALB/c, en términos de inducciónde respuestas humorales; para ello se administró en dosis baja (0.5 µg, L) y alta (5 µg, H) de péptido contra el adyuvante de Freund (FA) en dosis alta y el péptido soluble en dosis baja (4).

Tabla 1. Propiedades de AuNP después de su funcionalización,activación con GTA y conjugación con $S_{461\text{-}493}$.

ID	λ_{max} (nm)	FWHM (nm)	d_H (nm)	PDI	ζ (mV)
AuNP	518	42	25.7	0.14	−38.0
AuNP-PEG-NH_2	520	43	46.2	0.14	−1.1
AuNP-PEG-GTA	520	43	48.9	0.44	−6.2
AuNP-PEG-$S_{461\text{-}493}$	521	45	49.2	0.32	−8.4

Resultados. Se obtuvieron AuNP de 21.5 ± 7.1 nm (medido en TEM) (Fig.1B) con propiedades físicas que variaron respectivamente tras su funcionalización, activación y conjugación (Tabla 1). El ELISA de IgM anti- $S_{461\text{-}493}$ reveló un aumento de este isotipo de anticuerpo después de la primera inmunización, seguido de una disminución en los puntos de tiempo posteriores (Fig.1C). Mientras que los niveles de IgG anti-$S_{461\text{-}493}$ mostraron un aumento gradual a lo largo del esquema de inmunización (Fig.1D). La magnitud de la respuesta generada por la dosis baja de AuNP-$S_{461\text{-}493}$ fue similar a la alcanzada en elgrupo coadministrado con FA, lo que indica que las AuNP confieren alta inmunogenicidad al péptido $S_{461\text{-}493}$, superando la limitación del péptido soluble.

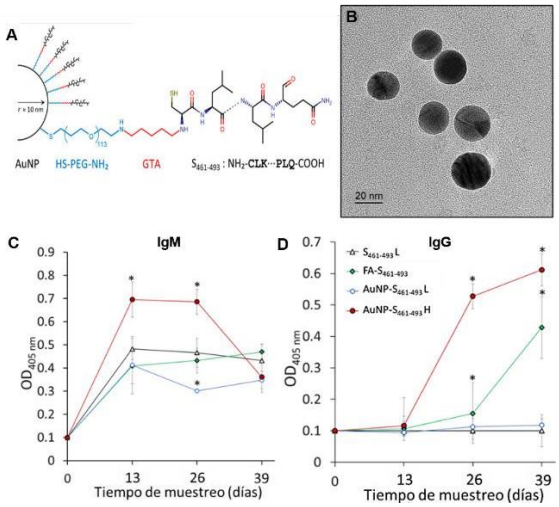


Fig. 1. Conjugado AuNP-$S_{461\text{-}493}$ (A), imagen TEM de AuNPs (B) y evolución de los niveles de IgM (C) e IgG (D) inducidos en ratones.

Conclusiones. La respuesta generada por AuNP-$S_{461\text{-}493}$ fue similar en magnitud a la inducida usando un adyuvante convencional. Este estudio sirve como plataforma para el desarrollo de nanovacunas basadas en AuNP dirigidas a epítopos específicos del SARS-CoV-2.

Bibliografía.

Jia Y, Omri A, Krishnan L, McCluskie MJ. (2017). *Hum VaccinImmunother*. vol. (13): 63-74.
Ahmad S, Zamry AA, Tan HT, Wong KK, Lim J, Mohamud R. (2017). *Mol Immunol*. vol. (91): 123-133.
Frens G. (1973). *Nature Physical Science*. vol. (241):20–22.
Farfán-Castro S, et al. (2021). *Nanomedicine*. vol. (34):102372.

EFICIENCIA DE REMOCIÓN DE RNA DE SARS-CoV-2 EN DIFERENTES TRATAMIENTOS DE AGUA RESIDUAL EN LA CIUDAD DE MÉXICO.

Karen N. Villamizar Ojeda [1,2], Daniel De los Cobos-Vasconcelos[2], Yovany Cuetero Martínez[2] Adalberto Noyola[2]. [1]Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas e [2]Instituto de Ingeniería de la Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, C.P 04510.
knataliavillamizar@gmail.com.

Palabras clave: SARS-CoV-2; Aguas Residuales; Remoción

Introducción. El síndrome respiratorio agudo severo del Coronavirus 2 (SARS-CoV-2), es responsable de la enfermedad COVID-19, que fue declarada pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS) en marzo de 2020 (1). El SARS-CoV-2 presente en las heces humanas de personas infectadas viaja por el alcantarillado urbano hasta las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR), en cuyos influentes pueden ser detectados fragmentos de ARN del SARS-CoV-2 (2). Los objetivos de este estudio fueron evaluar la eficiencia de remoción de fragmentos de ARN de SARS-CoV-2 en 5 sistemas de tratamiento de aguas residuales distintos y relacionar en forma preliminar el número de casos activos de Covid-19 con la abundancia de ARN de SARS-CoV-2 en los influentes de PTAR estudiadas.

Metodología. Se recolectaron muestras de aguas residuales crudas y tratadas de 4 PTAR de la CDMX de marzo a abril del 2021. Se tomaron muestras compuestas (cada 2 hrs durante 24 hrs) en tres días en cada PTAR. Se realizó la concentración de RNA viral mediante el método de precipitación con PEG 8,000 (100 g/L) y NaCl (22.51 g/L) (3)**.** El ARN viral se extrajo usando el kit Water DNA/RNA Magnetic Bead (IDEXX). Se cuantificaron copias de SARS-CoV-2 mediante la reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa reversa (RT-qPCR) utilizando el kit Water SARS-CoV-2 RT-PCR Test (IDEXX). Los conjuntos de cebadores/sondas utilizadas en este estudio, recomendados por los CDC (EE. UU.).

Resultados. Se observó una eficiencia de remoción de ARN del SARS-CoV-2 del 100% en cuatro de los cinco tratamientos de agua residual estudiados (Fig. 1), siendo el menos eficiente el sistema de digestión anaerobia (DA). Pese a lo anterior, el sistema de DA de la PTAR es seguido por un humedal construido (WL, Fig 1) que remueve al 100% el ARN del SARS-CoV-2. El análisis basado en RT-qPCR, indica que las PTAR de la CDMX estudiadas tienen la capacidad de eliminar al SARS- CoV-2 hasta límites no detectables.

En la Fig. 2 se identifica una tendencia de correlación entre el número de copias de SARS-Cov-2/L en aguas crudas vs número de casos activos en la CDMX.

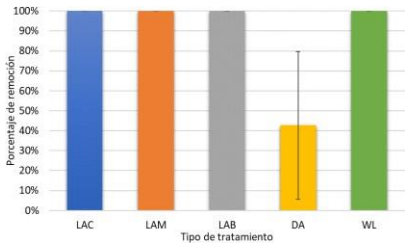


Fig. 1. Eficiencia de remoción de ARN de SARS-CoV-2 en los 5 diferentes tratamientos estudiados (LAC: Lodos activados convencionales; LAM: Lodos acoplados a membrana; LAB: Lodos activados de baja carga DA: Digestión anaerobia; WL: Humedal construido (Wetland))

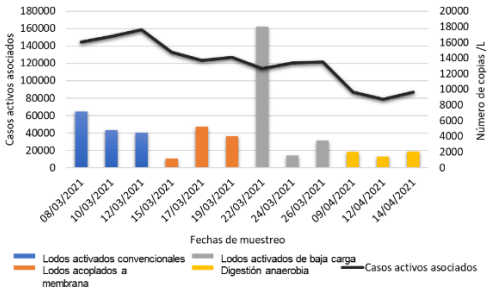


Fig. 2. Número de copias de SARS-CoV-2/L en aguas crudas en 4 PTAR vs número de casos activos reportados en la CDMX.

Conclusiones. Las PTAR estudiadas tienen capacidad de remover al 100% los fragmentos del SARS-CoV-2 hasta límites no detectables por RT-qPCR. Lo anterior garantiza el reúso seguro de las aguas residuales tratadas por dichas PTAR frente a la pandemia de Covid-19. Se identifica una correlación entre el número de copias de SARS-Cov-2/L en aguas crudas vs número de casos activos en la CDMX. Se confirma, como en estudios en varios países, la importancia de la vigilancia de Covid-19 basada en aguas residuales.

Agradecimiento. Este proyecto fue financiado por SECTEI [proyecto 9241c19]. Karen Natalia Villamizar Ojeda agradece a la UNAM por la beca de maestría

Bibliografía.

1. Kitajima, M., Ahmed, W., Bibby, K., Carducci, A., Gerba, C., & Hamilton, K. (2020). *Sci.* Vol (739): 139076.
2. Sapula, S., Whittall, J., Pandopulos, A., Gerber, C., & Venter, H. (2021). *Sci.* Vol (785): 147270.
3. Kumar, M., Kuroda, K., Patel, A., Patel, N., Bhattacharya, P., Joshi, M., & Joshi, C. (2021). *Sci.* Vol (754): 142329.
4. Ahmed, W., Angel, N., Edson, J., Bibby, K., Bivins, A., & O'Brien, J. et al. (2020). Sci. Vol (728): 138764.

DESARROLLO DE UN INMUNOENSAYO DE FLUJO LATERAL PARA LA DETECCIÓN DE SARS-CoV-2 UTILIZANDO NANOPARTÍCULAS DE ORO

Carolina Faz-Hernández[a], Mariano J. García-Soto[a], Mauricio Comas-García[b], Sergio Rosales-Mendoza [a, b], Omar González-Ortega [a], [a] Facultad de Ciencias Químicas y [b] Centro de Investigación en Ciencias de la Salud y Biomedicina Universidad Autónoma de San Luis Potosí, San Luis Potosí, 78210.
a266060@alumnos.uaslp.mx

Palabras clave: SARS-CoV-2, COVID-19, inmunoensayo

Introducción. El coronavirus 2 causante del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2) provoca la enfermedad infecciosa COVID-19 que continúa siendo una pandemia. Su detección se realiza mediante la reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa en tiempo real (RT-PCR) utilizando fluidos nasofaríngeos. Existe también la detección serológica que indica infección pasada por el virus en la que se detectan anticuerpos mediante ensayo inmuno-adsorbente ligado a enzimas (1).

El objetivo de este trabajo es evaluar un inmunoensayo de flujo lateral para la detección rápida de SARS-CoV-2 basado en nanopartículas de oro (AuNP) como reporteros visuales.

Metodología. Se sintetizaron AuNP de 24 nm por el método de Frens reduciendo una solución de ácido cloroáurico con citrato de sodio, el cual también funciona como estabilizador (2). Las AuNP se funcionalizaron mediante adsorción pasiva con un anticuerpo (anti-$S_{461-493}$) generado y purificado de suero de borrego para producir AuNP-anti-$S_{461-493}$. Los conjugados se caracterizaron mediante DLS, UV-Vis y TEM. Para el inmunoensayo, 1 µL de muestra de proteína S (PS) o partículas tipo virus (VLP) de diferentes tipos (VLP control, C, con RBD en la superficie sin RNA, V5, o con RNA, V6; y VLP con la proteína S en la superficie, V7) se adsorbió en una membrana de nitrocelulosa (NC), la cual fue bloqueada con BSA (2 o 5%) o leche (5%). Después de secar la membrana; ésta se sumergió en la suspensión de AuNP-anti-$S_{461-493}$.

Tabla 1. Caracterización de AuNP y AuNP-anti-$S_{461-493}$.

ID	λ_{max} (nm)	FWHM (nm)	d_H (nm)	PDI	ζ (mV)
AuNP	520	40	33.7	0.12	−43.1
AuNP-anti-$S_{461-493}$	525	45	45.6	0.19	−47.8

Resultados. La caracterización de las AuNP (sin y con anti-$S_{461-493}$) mediante DLS y UV-Vis se muestra en la Tabla 1. La Fig. 1 muestra resultados representativos de los inmunoensayos junto con el análisis densitométrico de la respuesta. Se estudió el efecto del agente de bloqueo (BSA a dos concentraciones o leche a una concentración). Menor concentración de BSA mejora la respuesta de las muestras; sin embargo, la señal del control (adsorción no específica) también se incrementa. Las señales son reducidas cuando se utiliza la concentración más alta de BSA. Leche al 5% reduce significativamente la señal del control, mientras que las señales de las VLP siguen siendo visibles y cuantificables por densitometría (Fig. 2). El tiempo para completar el inmunoensayo es de 1 h.

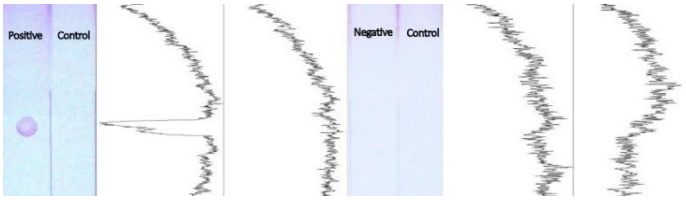


Fig. 1. Membranas de NC después del inmunoensayo y su respectivo análisis densitométrico. La detección positiva aparece como un círculo de tonalidad roja por las AuNP. V6 (positivo), C (control), IgG de ratón (negativo).

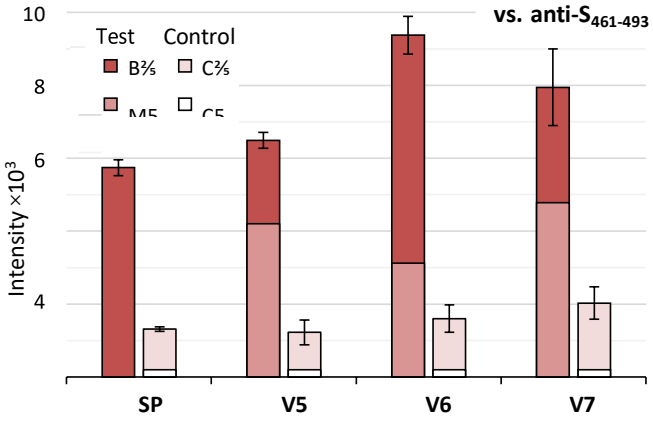


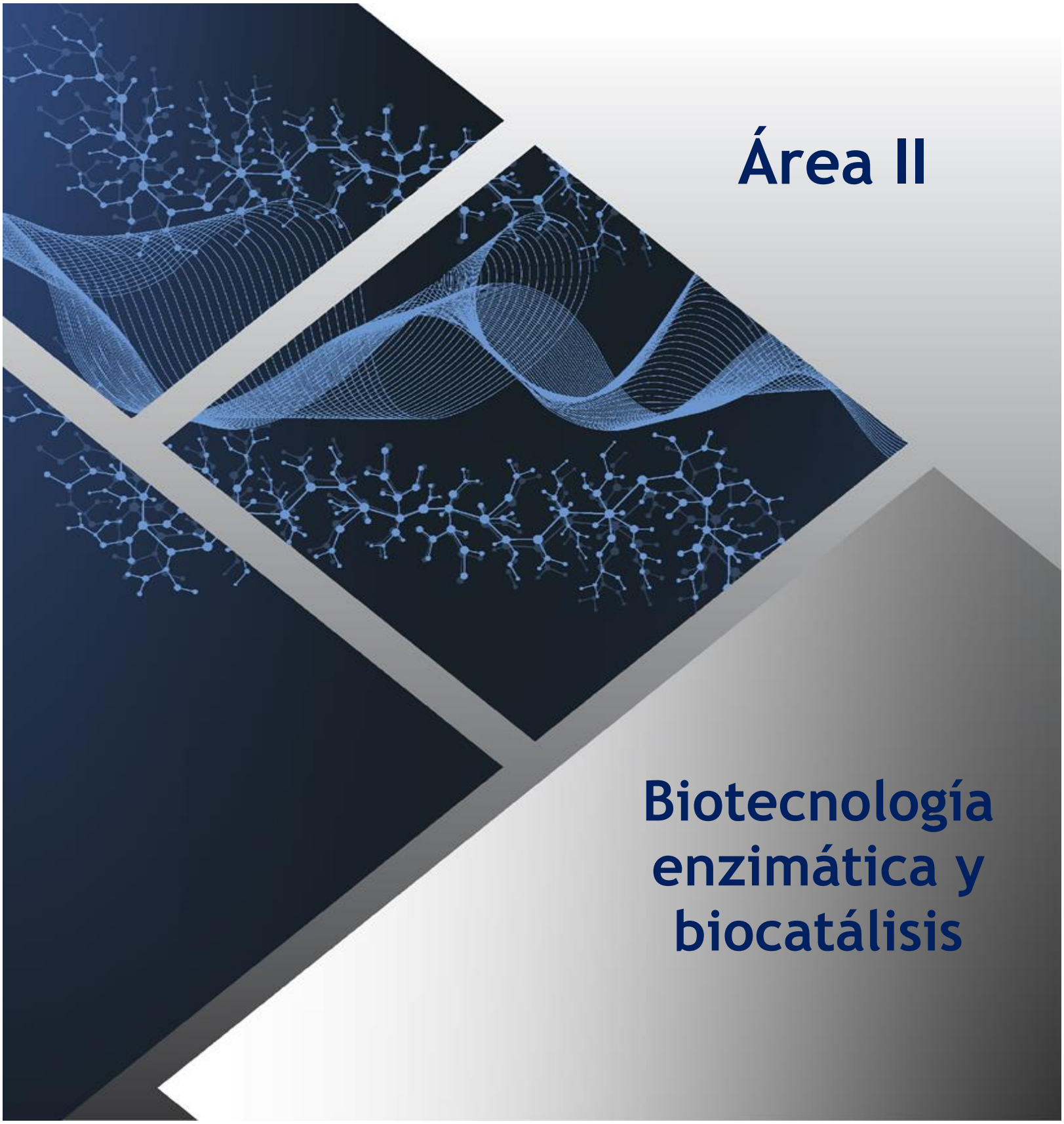
Fig. 2. Proteína S (PS) y VLP (V5, V6, V7) inmovilizadas en membranas bloqueadas con 2 y 5 % de BSA (B⅖, C⅖), y con 5 % de leche (M5, C5), probadas comparativamente contra AuNP-anti-$S_{461-493}$. Columna 1, prueba positiva (B, M). Columna 2, VLP control (C).

Conclusiones. Se desarrolló un inmunoensayo de flujo lateral utilizando AuNP como reporteros visuales para detectar SARS- CoV-2. El concepto se comprobó utilizando tres configuraciones de VLP que resemblan al SARS-CoV-2.

Bibliografía.

Kevadiya BD, Machhi J, Herskovitz J, et al (2021). *Nat Mater*. 20 (5): 593-605.

Frens G. (1973). *Nature Physical Science.* 241 (105):20-22.



Área II

Biotecnología enzimática y biocatálisis

Contenido

EFECTO DEL NÚMERO DE MÓDULOS DE UNIÓN A CARBOHIDRATO EN LA ACTIVIDAD DE LA α-AMILASA DE *Lactobacillus amylovorus*
Carlos Herrera Jiménez, Daniel Guillén, Romina Rodríguez Sanoja 38

CARACTERIZACIÓN ENZIMATICA DE LA α-AMILASA PRODUCIDA POR *Bacillus licheniformis* LB 05 LIBRE E INMOVILIZADA EN AGAR-AGAROSA
Leonel I. Blanco-de la Cruz, Anaid M. Silva-Salinas, Ulrico J. López-Chuken, Jesús A. Gómez-Treviño, Edgar A.Blanco-Gámez 39

EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS FLUORESCENTES MEDIANTE MUTAGENESIS SITIO DIRIGIDA A BAJO COSTO.
Lucelly Montserrat Medina Pino, José Luis Martínez Vaquero, María del Rayo Santellán Olea, Daniel Tapia García, 40

PRODUCCIÓN, INMOVILIZACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PECTINASAS DE *Penicillium sp*.
Arely Núñez-Serrano, Bernardo García-Reyes, Sara Elena Solís Pereira, Alcione García-González 41

DEGRADACIÓN DE ÁCIDO POLILÁCTICO POR CUTINASAS RECOMBINANTES DE *Aspergillus nidulans*
Alvarado Martinez Eric y Farrés Amelia 42

USO DE DISOLVENTES EUTECTICOS Y CUTINASAS EN LA REACCIÓN DE DEGRADACIÓN DE PET
Jiménez Segura Valeria, Arturo Navarro y Farrés Amelia. 43

IDENTIFICACIÓN DE LOS DOMINIOS ACTIVOS DE LA MURAMIDASA TRANSMEMBRANAL DE *Pediococcus acidilactici* ATCC 8042
Vianey Anahí Salas-Villagrán y Amelia Farrés 44

IDENTIFICACIÓN DE LA ZONA MÍNIMA FUNCIONAL DE LA REGIÓN DE TRANSICIÓN RESPONSABLE EN LA ACTIVIDAD TRANSFERASA Y PROCESIVIDAD DE LA LEVANSACARASA LEVS DE *Leuconostoc mesenteroides*
Maura Jennifer Martínez Morales, Flor de María García Paz, Clarita Olvera Carranza 45

PRODUCCION DE ω-AMINOTRANSFERASA A PARTIR DE *Fusarium Oxysporum*
Rita María Campa-Ramos, Abraham Rogelio Martin-García, Patricia Guerrero-German, Juan Antonio Noriega-Rodríguez, Elisa Miriam Valenzuela-Soto 46

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DEL GEN DE LA CELOBIOHIDROLASA II EN *Colletotrichum lindemuthianum*
Ma. Irene Morelos Martínez, María Guadalupe Zavala Páramo, Karla Morelia Díaz Tapia, Horacio Cano Camacho 47

SECRECIÓN DIFERENCIAL DE HEMICELULASAS EN DOS PATOTIPOS DE *Colletotrichum lindemuthianum*
Karla Morelia Díaz Tapia, María Guadalupe Zavala Páramo, Ma. Irene Morelos Martínez, Jeni Bolaños Rebolledo, Horacio Cano Camacho 48

DISEÑO DE UN MÉTODO ESPECTROFOTOMÉTRICO PARA EL CRIBADO DE ACTIVIDAD β–ESTERASA, ENZIMAS DEGRADADORAS DE LIGNINA
Itzel C. Romero-Soto, Olga Concha-Guzmán, Raúl B. Martínez-Pérez, Jorge A. Rodríguez, Rosa M. Camacho-Ruiz, Vicente Armenta-Pérez, M. Ángeles Camacho-Ruiz 49

INHIBICIÓN DE LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA DE LA CATEPSINA L POR QUIMERAS RECOMBINANTES DE LA CHAGASINA DE *Trypanosoma cruzi*.
Rosa E. Cárdenas-Guerra, Yasmin I. Rodríguez-Gavaldón, Octavio Montes Flores, Claudia I. Flores-Pucheta, Gerardo Reséndiz-Cardiel, Jaime Ortega-López 50

SÍNTESIS QUIMIOENZIMÁTICA DE NEO-AZÚCARES UTILIZANDO UNA CICLODEXTRINGLUCANOTRANSFERASA DE *Thermoanaerobacter sp*.
Pedro Ángel Cid Jiménez, Agustín López-Munguía, Edmundo Castillo Rosales 51

ESTUDIO DE LA RELACIÓN ESTRUCTURA/FUNCIÓN DE LA REGIÓN N100 TERMINAL DE LA INULOSACARASA (IslA) DE *Leuconostoc citreum* CW28.
Ingrid Mercado Del Río, Clarita Olvera Carranza 52

DEVELOPMENT OF CHOLESTEROL OXIDASE AND ESTERASE ELECTRODES FOR THEIR APPLICATION ON SELF-POWERED BIOSEONSORS
Julio César López Rivas, Johannes Pedro Martínez Morales, Luis Alberto Estrada Jiménez, Abraham Ulises Chávez Ramírez, A. Déctor, Alejandra Álvarez, Juan de Dios Galindo de la Rosa, Vanessa Vallejo Becerra 53

ENTENDIENDO EL MECANISMO DE ELONGACIÓN DE LA LEVANA SINTETIZADA POR LA LEVANSACARASA DE *Bacillus subtilis* 168
Sol Castrejón, Luis Alberto Morales, María Elena Rodríguez y Agustín López Munguía 54

DETERMINACIÓN IN SILICO DE LA SOLUBILIDAD DE LAS PEPTIDIL-PROLIL ISOMERASAS DE *Trypanosoma cruzi*: TcCyP19, TcCyP22 Y TcCySEC
Daniel Jiménez-Guerra, Gerardo Reséndiz Cardiel, Aurora Antonio-Pérez, Rosa Elena Cárdenas Guerra, Jaime Ortega López 55

EXPRESIÓN DE GLICOSILTRANSFERASAS DE *Leuconostoc mesenteroides* ATCC 8293 EN CONDICIONES DE ANOXIA.
Luz Cristina Vallejo-García, María Elena Rodríguez-Alegría, Agustín López-Munguía Canales 56

LAS PEPTIDIL-PROLIL-CIS-TRANS ISOMERASAS TVCYP1 Y TVCYP2 DE *Trichomonas vaginalis* SON POTENCIALES CATALIZADORES PARA REPLEGAMIENTO ASISTIDO DE PROTEÍNAS
Verónica Aranda-Chan, Gerardo Reséndiz-Cardiel, Octavio Montes-Flores, Rossana Arroyo, Jaime Ortega-López 57

EFECTO DE DIVERSAS FUENTES DE CARBONO SOBRE LA EXPRESIÓN DE LAS GLICOSILTRANSFERASAS DE *Leuconostoc mesenteroides* ATCC 8293.
Luz Cristina Vallejo-García, María Elena Rodríguez-Alegría, Agustín López-Munguía Canales 58

CARACTERIZACIÓN DE UNA NUEVA ESTERASA GDSL CON AUTOTRANSPORTADOR Y TERMOESTABILIDAD DE *Pseudomonas alcaligenes* AISLADA A 1000 METROS DE PROFUNDIDAD DEL GOLFO DE MÉXICO
Itzel Anahí Hidalgo-Manzano, José Luis Rodríguez-Mejía, Luis Felipe Muriel-Millán, Nancy Rivera-Gómez, Edmundo Castillo-Rosales, Liliana Pardo-López 59

SÍNTESIS ENZIMÁTICA DEL ÉSTER FENETÍLICO DEL ÁCIDO CAFEICO EN MICROEMULSIONES.
Fernanda Melissa Solís Villafranco, María Alejandra Pichardo Sánchez, Rodolfo Torres de los Santos, Guadalupe Bustos Vázquez, Luis Víctor Rodríguez Durán 60

EFECTO DEL NÚMERO DE MÓDULOS DE UNIÓN A CARBOHIDRATO EN LA ACTIVIDAD DE LA A-AMILASA DE *LACTOBACILLUS AMYLOVORUS*

Carlos Herrera Jiménez, Daniel Guillén, Romina Rodríguez Sanoja. Departamento de Biología Molecular y Biotecnología,Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, A.P. 70228, Ciudad Universitaria, Coyoacán C.P. 04510, Ciudad de México, México. Tel.: 56229191. romina@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: α-amilasa, CBMs, almidón

Introducción. La α-amilasa (*La*AmyA) de *Lactobacillus amylovorus* es una endoenzima que cataliza la hidrólisis de almidón, y está compuesta por un dominio catalítico (*La*DC) en su extremo N-terminal, y un dominio de fijación al almidón (DFA) en su extremo C-terminal, el cual contiene 5 módulos de unión a carbohidrato (CBMs) idénticos y en tándem. Previamente, se ha demostrado que el DFA le provee a la *La*AmyA la habilidad de adsorberse al gránulo de almidón y la capacidad de hidrolizarlo; así, cuando el DFA se deleta de la amilasa, esta pierde sus habilidades sobre el almidón insoluble (1). Así mismo, se ha demostrado que cada módulo del DFA es capaz de adsorberse de manera independiente al almidón y que no todos los CBMs se fijan al almidón simultáneamente, proponiéndose un fenómeno de cooperatividad (2).

Sin embargo, no se conoce cuál es la función específica de cada CBM en la adsorción e hidrólisis del *La*DC sobre el gránulo de almidón. Debido a esto, se busca determinar el efecto que 0, 1, 3 y 5 CBMs tienen sobre la capacidad hidrolítica y cinética de la enzima.

Metodología. Se construyeron y purificaron las proteínas con 1, 3 y 5 CBMs unidos al *La*DC (*La*DC-CBMx1, *La*DC- CBMx3, y *La*AmyA, respectivamente), y el *La*DC (Fig. 1). Posteriormente, se realizaron diversos ensayos de hidrólisis de almidón de papa soluble (Panreac) y almidón de maíz insoluble (Sigma) con todas las enzimas previamente descritas, en buffer citrato-fosfato 5 mM, pH 5.0, 63°C; se analizó el almidón residual (método de yodo-yoduro) (3), y los productos generados mediante el método del ácido 3'-5'- dinitrosalicílico (DNS) (4), cromatografía en placa fina (TLC) (5), y HPLC. Finalmente, se determinaron los parámetros cinéticos ($V_{máx}$, K_m, k_{cat}, y k_{cat}/K_m).

Resultados. Se encontró que las enzimas *La*DC-CBMx3 y *La*AmyA tienen una actividad específica 3 veces mayor que las enzimas *La*DC y *La*DC-CBMx1. Para la hidrólisis de almidón, se obtuvo el doble de producción de azúcares reductores al hidrolizar almidón soluble con *La*DC-CBMx3 (0.9 mg/mL) y *La*AmyA (1.0 mg/mL), que al usar *La*DC (0.4 mg/mL) y *La*DC-CBMx1 (0.5 mg/mL), y un aumento de más de 5 veces al hidrolizar almidón insoluble, usando *La*DC- CBMx3 (0.5 mg/mL) y *La*AmyA (0.6 mg/mL), que al usar *La*DC (0.05 mg/mL) y *La*DC-CBMx1 (0.2 mg/mL).

La presencia de 1 o más CBMs no modifican el perfil de productos de hidrólisis del almidón, sin embargo, sí aumentan la concentración de estos. Finalmente, los *La*AmyA y *La*DC- CBMx3 tienen una eficiencia catalítica significativamente mayor que *La*DC-CBMx1 y *La*DC (Fig. 2).

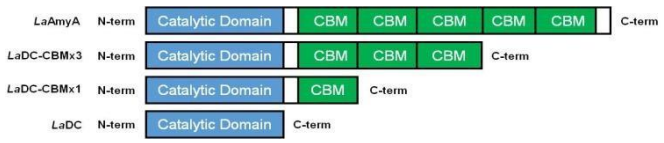


Figura 1. Diagrama de las proteínas *La*AmyA (105 kDa), *La*DC-CBMx3 (90kDa), *La*DC-CBMx1 (69 kDa) y *La*DC (53 kDa).

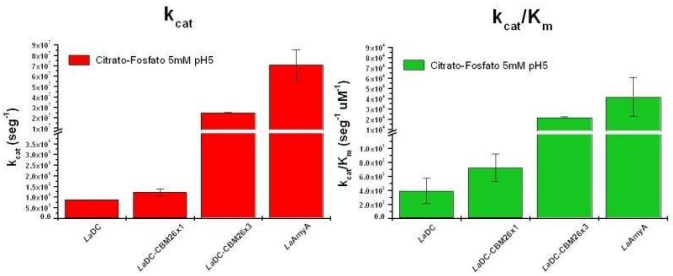


Figura 2. Gráficas de los parámetros cinéticos de las cuatro enzimas: número de recambio (k_{cat}) y eficiencia catalítica (k_{cat}/K_m)

Conclusiones. Un solo CBM es capaz de otorgarle al *La*DC la capacidad de adsorberse sobre el almidón insoluble e hidrolizarlo, sin embargo, este tiene poco efecto sobre su eficiencia catalítica, demostrando que se requieren por lo menos 3 CBMs para hidrolizar eficientemente ambos tipos de almidón, siendo así el número de CBMs el principal factor que afecta las propiedades catalíticas de la enzima.

Agradecimientos. Carlos Herrera Jiménez es estudiantedel Programa de Maestría en Ciencias Bioquímicas (UNAM), contó el apoyo de una beca personal (895190) de Conacyt México. Este proyecto contó con un apoyo parcial de DGAPA-UNAM, IN216419.

Bibliografía.

Rodríguez-Sanoja, R., Morlon-Guyot, J., Jore, J., Pintado, J., Juge, N., Guyot, J.P. (2000). *Applied and Environmental Microbiology* **66** (8), 3350-3356.

Guillén, D., Santiago, M., Linares, L., Pérez, R., Morlon, J., Ruiz, B., Sánchez, S., Rodríguez-Sanoja, R. (2007). *Applied and Environmental Microbiology* **73** (12), 3833-3837.

Thoma, J. A., French, D. (1960). *Journal of the American Chemistry Society* **82** (16), 4144–4147.

Miller, G. L. (1959). *Analytical Chemistry*. **31** (3), 426-428

Anderson, K., Li, S.C., Li, Y.T. (2000). *Anal. Biochem.* **287**, 337–339.

CARACTERIZACIÓN ENZIMATICA DE LA α-AMILASA PRODUCIDA POR *Bacillus licheniformis* LB 05 LIBRE E INMOVILIZADA EN AGAR-AGAROSA

Carlos Leonel I. Blanco-de la Cruz, Anaid M. Silva-Salinas, Ulrico J. López-Chuken, Jesús A. Gómez-Treviño, Edgar A. Blanco-Gámez, Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Químicas. San Nicolas de los Garza,N.L. C.P. 66455.
edgar.blancogmz@uanl.edu.mx

Palabras clave: α-amilasa, inmovilización y B. licheniformis

Introducción. La α-amilasa es una enzima extracelular que cataliza las moléculas del almidón hidrolizando los enlaces glucosídicos α-1,4 obteniendo glucosa, maltosa, maltotriosa y dextrinas limite; estas enzimas en su mayoría son obtenidas y producidas por bacterias del género *Bacillus*, que comprenden el 60% del mercado destacando las cepas como *B. subtilis*, *B. licheniformis* y *B. amyloliquefaciens*. [1,2]

El objetivo es evaluar el efecto producido por la inmovilización, determinando la actividad enzimática de la α-amilasa producida por *B. licheniformis* LB05 en su forma libre e inmovilizada.

Metodología. La inmovilización de la enzima se realizó mediante la técnica de atrapamiento en agar/agarosa. Las perlas de gel agar/agarosa con la enzima atrapada fueron suspendidas en 0.5 mL del buffer (buffer de acetato de sodio 10 mM, pH 5.5) e incubadas en 0.5 mL, previamente esterilizados, de una solución de almidón soluble al 1.0%, la reacción se detuvo y se analizó mediante el método DNS [3]. La actividad enzimática se determinó a diferentes valores de pH y temperatura, usando buffer Tris-HCl para pH 2 y 3, buffer acetato de sodio a 0.1M para pH 4 y 5 y Glicina-HCl para el pH6; el rango de temperatura que utilizó este proceso fue de los 30°C hasta los 95°C. Se comparó la actividad enzimática en su forma inmovilizada utilizando la misma temperatura en la que se obtuvo una mayor actividad en su forma libre, a 65 °C por 30 min.

Resultados. La enzima libre tuvo una mayor actividad de trabajo a pH 2 y a una temperatura de 65°C dando como resultado 2,340.3 ± 12.6 U mg^{-1} pero conforme aumenta el pH en este mismo parámetro de temperatura su actividad disminuye como se muestra en la figura 1, por el contrario, al utilizar la técnica de inmovilización, la actividad enzimática fue menor a pH 2 e incrementando su actividad óptima pH más alcalinos como se muestra en la tabla 1.

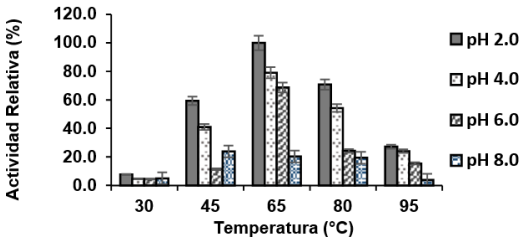


Fig. 1. Efectos producidos por la enzima α-amilasa a diferentes temperaturas y niveles de pH.

pH	Actividad Específica (U/mg)
2.0	91.3 ± 0.51
3.0	202.4 ± 0.42
4.0	866.2 ± 0.17
5.0	1183.5 ± 0.34
6.0	1481.8 ± 0.23

Tabla 1. Actividad especifica reportada tras la inmovilización de la enzima α-amilasa obtenida.

Conclusiones. El proceso de inmovilización desplazo la actividad óptima de la enzima a niveles más alcalinos de pH. Este comportamiento puede ser clave para la degradación del almidón en procesos industriales para la hidrólisis de diversos residuos agroindustriales.

Agradecimiento. Se agradece el apoyo de la facultad de ciencias Químicas a la UANL y al Consejo Nacional de Ciencia y tecnología (CONACyT).

Bibliografía.

Dibyangana Raul, Tania Biswas, Suchita Mukhopadhyay,

Shrayan Kumar Das, and Suvroma Gupta 2015 Journal of Global Biosciences Volume 4, Special Issue 1, 2015, pp. 1886-1901.

Dibyangana Raul, Tania Biswas, Suchita Mukhopadhyay, Shrayan Kumar Das, and Suvroma Gupta 2014. Hindawi Publishing Corporation Biochemistry Research International Volume 2014, Article ID 568141, 5 pages.

O. Prakash and N. Jaiswal,2011 World Appl. Sci. J., vol. 13, no. 3, pp. 572-577.

EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS FLUORESCENTES MEDIANTE MUTAGENESIS SITIO DIRIGIDAA BAJO COSTO

Lucelly Montserrat Medina Pino, José Luis Martínez Vaquero, María del Rayo Santellán Olea, Daniel Tapia García, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Laboratorio de Micoplasmas, CICM-ICUAP, Puebla, 72570.
daniel.tapiag@alumno.buap.mx

Palabras clave: proteínas fluorescentes, mutagénesis, GFP

Introducción. La proteína verde fluorescente (GFP) de *Aequorea victoria*, fue reportada por primera vez en 1979(1). Desde entonces, se ha utilizado ampliamente como marcadora de genes (2). Sin embargo, para poder confirmar su presencia es necesario en un tiempo prolongado el uso de un revelador basado en luz ultravioleta. Esto puede provocar daños en el ADN, organelos, células o tejidos (3). Así mismo los procesos de ingeniería genética para expresar una variedad de proteínas fluorescentes son laboriosos y costos.

Objetivo: Expresión de variantes de la GFP mediante mutagénesis sitio dirigida que puedan ser visualizadas con mayor intensidad y menor tiempo de exposición a laluz UV.

Metodología. Se realizó la transformación de GFPuv enla proteína azul fluorescente (BFP) seguido de la transformación de la BFP en la proteína verde fluorescente mejorada (EGFP). Ambas obtenidas mediante mutagénesis dirigida para sustituir los nucleótidos codificantes (Tabla 1).

Tabla 1. Codones de los aminoácidos del cromóforo en lasproteínas fluorescentes.

	64			65			66	
	F			**S**			**Y**	
GFPuv	t t c	T	c	t	t	a		**t**
	L			**S**			**H**	
BFP	t t **g**	T	c	**c**	**c**	a		**t**
	L			**T**			**Y**	
EGFP	c **t** g	A	**c**	c	**t**	**a**		**t**

Los plásmidos pBAD-GFPuv y pBFP fueron publicados mediante el kit ZymoPURE Plamsid Miniprep seguido de una PCR mutagénica utilizando la ADN polimerasa Phusion de alta fidelidad, donde se cambiaron los codones en ambos experimentos y se insertaron extremos y se insertaron externos homólogos de 27pb (4).

La transformación se llevó a cabo en la cepa DH5α de *E. coli*, este proceso se realizó bajo condiciones estandarizadas de transformación por choque térmico con bacterias competentes generadas en cloruro de calcio, reposadas por dos horas, cultivadas e incubadas 37°C por 24 horas.

Resultados. Para la selección de las mutantes que expresan la BFP se utilizó una fuente de luz UV de 390 nm y en el caso de la EGFP se realizó sin ayuda de un revelador debido a quelas mutantes tenían una coloración verdosa. En la Figura 1, podemos observar las diferencias en cuanto a la fluorescenciapor excitación luz UV de las proteínas.



Fig. 1. Visualización de las bacterias fluorescentes en *E. coli* DH5α bajo laluz UV. (A) Expresión de la GFPuv, (B) la BFP y (C) la EGFP.

Tanto la GFP como BFP emiten fluorescencia al ser excitada con una luz ultravioleta, no obstante la EGFP tiene la capacidad de ser excitada por dos diferentes longitudes de onda: la luz UV (390 nm) y la luz azul (488 nm).

Conclusiones. La PCR mutagénica acoplada a RHIV nos permite expresar proteínas fluorescentes de una variedad de colores a partir del gen de la GFP. Una ventaja al ocupar estasproteínas fluorescentes como marcadores de genes es la versatilidad por la excitación mediante diferentes longitudes deondas.

Agradecimiento. Agradecemos a la Dirección deBibliotecas Universitarias BUAP por sus servicios para consultar toda la bibliografía utilizada. También queremos agradecer al Centro de Investigación en Ciencias Microbiológicas de la BUAP por prestarnos susinstalaciones para la realización de todos losexperimentos.

Bibliografía.

Ward W., Cody C., Hart R. & Coemier M. (1980). *Photochem.Photobiol.* 31(1): 611-615.

Cormak B., Valdivia R. & Falkow S. (1996): Gene. 173 (1): 33-38.

Gupta A. Avci P., Dai T., Huang Y. & Hamblin M.(2013) *Adv WoundCare*. 2(8): 422-437.

Watson J. & García-Nafría J. (2019). *J Biol Chem*. 294(42): 15271-15281.

PRODUCCIÓN, INMOVILIZACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE PECTINASAS DE *Penicillium sp*

Arely Núñez-Serrano[a], Bernardo García-Reyes[a], Sara Elena Solís Pereira[b], Alcione García-González[a*] [a]Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Av. Universidad S/N Ciudad Universitaria, 66455,San Nicolás de los Garza, N.L., México. [b]Instituto Tecnológico de Mérida, Av. Tecnológico km. 4.5 S/N C.P. 9711, Mérida, Yuc., México.
alcione.garciagn@uanl.edu.mx

Palabras clave: pectinasas, Penicillium sp, inmovilización

Introducción. Las pectinasas son un conjunto de enzimas hidrolíticas altamente demandas en la industria alimentaria en la extracción y clarificación de jugos. La mayor producción de pectinasas comerciales se lleva a cabo por hongos filamentosos. La inmovilización enzimática en nanopartículas magnéticas (*core-shell*) proporciona mayor estabilidad, fácil recuperación y reusabilidad[1]. El objetivo de este trabajo es producir e inmovilizar pectinasas a partir de *Penicillium sp.* utilizando agro residuos como cosustratos para la industria de alimentos.

Metodología. La producción enzimática se realizó a partir de *Penicillium sp*., por fermentación sumergida utilizando cáscara de limón como cosustrato[2]. El extracto se purificó por ultrafiltración con membrana (<50 kDa). Los parámetros cinéticos se determinaron por modelo de Michaelis-Menten[3]. Se determinó el peso molecular por SDS-PAGE. Las pectinasas se inmovilizaron en nanopartículas Fe_3O_4@SiO_2 aminadas y utilizando glutaraldehído como enlacecovalente. Se optimizaron las condiciones de producción y de reacción enzimática libre e inmovilizada por DCC.

Resultados. Se observó una diferencia del 45% entre la actividad enzimática con cáscara de limón como cosustrato (350 U/mL) y el medio control (190 U/mL). Posterior a la ultrafiltración del extracto enzimático por membrana se obtuvo un rendimiento del 62.15% y la fracción <50 kDa presentó una actividad total de 43,352.26 U.

Tabla 1. Parámetros cinéticos de la fracción enzimática <50 kDamediante modelo Michaelis Menten, R^2 0.999.

ENZIMA	*Vmax*	*km*	R^2
Pectinasas*	0.00507 ± 5.15^{-4}	0.627 ± 0.206	0.977
E. enzimático crudo	11.06 ± 1.23	0.777 ± 0.25	0.976
E. ultrafiltrado (<50 kDa)	2.578 ± 0.024	0.115 ± 0.010	0.999

**A. niger (Sigma Aldrich)*

El extracto pectinolítico ultrafiltrado presentó fracciones proteicas en 20, 30 y 50 kDa de acuerdo con el análisis por SDS-PAGE.

Se observó un incremento en la actividad enzimática (U) con respecto al aumento de la concentración de pectinasa inicial, alcanzando la máxima actividad retenida (183.62 U) a una concentración enzimática de 1.0 % v/v; reteniendo el 80% de la actividad inicial.

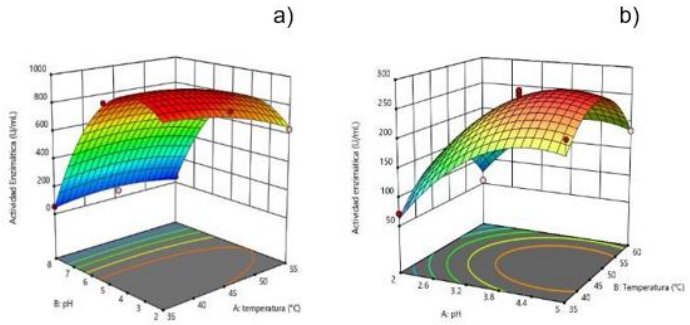


Fig. 1. Superficie de respuesta de las condiciones de reacción enzimática a) libre e b) inmovilizada.

Conclusiones. Se logró producir enzimas pectinasas a partir de *Penicillium sp.*, utilizando cosustratos agroindustriales optimizando las condiciones de producción en fermentación sumergida. Lainmovilización en nanopartículas magnéticas (*core- shell*) permitió mayor estabilidad enzimática encondiciones acidas (pH 4.5) y 10° C mas que laenzima libre.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por el apoyo económico brindado durante la realización de este proyecto.

Bibliografía.

Ahmed, I. et al. Bioprocessing of citrus waste peel for induced pectinase production by Aspergillus niger; its purification and characterization. J. Radiat. Res. Appl. Sci. 9, 148–154 (2016).

Miller, G. L. Use of Dinitrosalicylic Acid Reagent for Determination of Reducing Sugar. Anal. Chem. 31, 426-428 (1959).

Mahmoodi, M., Najafpour, G. D. & Mohammadi, M. Production of pectinases for quality apple juice through fermentation of orange pomace. J. Food Sci. Technol. 54, 4123–4128 (2017).

DEGRADACIÓN DE ÁCIDO POLILÁCTICO POR CUTINASAS RECOMBINANTES DE *Aspergillus nidulans*

Alvarado Martinez Eric y Farrés Amelia. Universidad Nacional Autónoma de México,
Facultad de Química, Departamento de Alimentos y Biotecnología,
Avenida Universidad, 3000, CDMX, 04510.
farres@ unam.mx

Palabras clave: Cutinasas, Proteinasa K, ácido poliláctico, degradación, ácido láctico

Introducción. Los polímeros plásticos sintéticos se han convertido en un problema grave debido a que tardan años en degradarse. Los polímeros biodegradables como el ácido poliláctico (PLA) se han propuesto como una alternativa. El grupo de trabajo demostró la degradación de ácido poliláctico por 3 cutinasas recombinantes de *A. nidulans* (1,2), yen la literatura se reporta proteinasa K de *Engyodontium álbum* (3). El perfil de degradación delas cutinasas recombinantes frente a su sustrato natural (la cutina) (4) sugiere una posible sinergia entre estas, por lo que se evaluará el uso de una mezcla de cutinasas y la modificación de condiciones de reacción para mejorar la degradación de PLA, buscando una mayor liberación de su monómero, el ácido láctico.

Metodología. Se realizó la expresión de cutinasas recombinantes ANCUT1,2,3 de Aspergillus nidulans en Pichia pastoris (Easyselect, Invitrogen). Se evaluó la actividad esterasa en zimograma utilizando α- naftilo como sustrato. Se procedió a hacer pruebas de degradación en ácido poliláctico (lámina y molido-tamizado) usando las 3 cutinasas y la proteinasa K. El ácido láctico liberado se cuantificó mediante un kit colorimétrico (Lactate assay kit, Sigma-Aldrich).

Resultados.

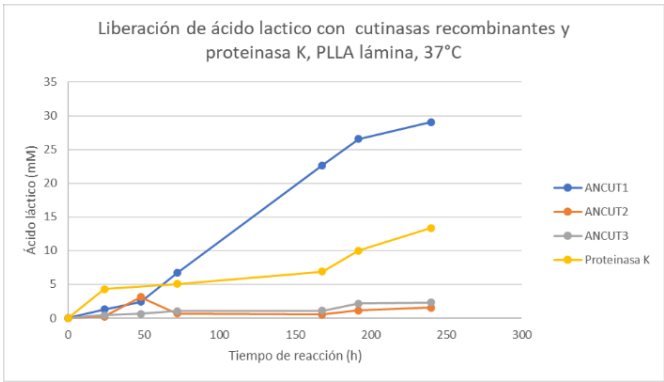


Fig. 1. Concentración de ácido láctico liberado por ladegradación de PLA (lámina) por cutinasas y proteinasa K (1%).

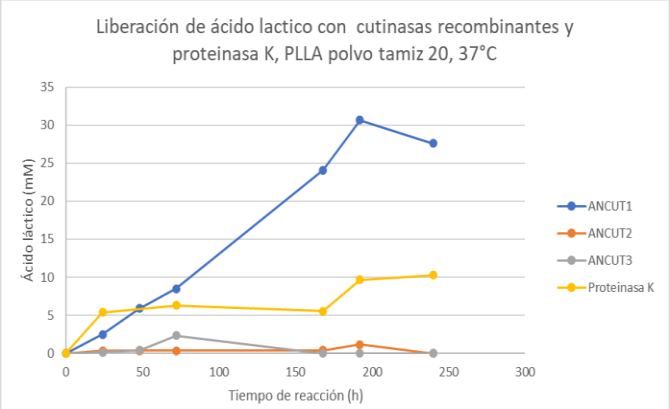


Fig. 2 Concentración de ácido láctico liberado por la degradación de PLA (tamiz 20) por cutinasas y proteinasa K (1%).

Los resultados muestran que la cutinasa recombinante ANCUT1 libera una cantidad mayor deácido láctico por la degradación de PLA, seguido de la proteinasa K. El uso de PLA molido y tamizado mejora la degradación, y se alcanzó una mayor cantidad en menor tiempo para ANCUT1.

Agradecimientos. PAPIIT IT203118, becaCONACYT 1041839.

Bibliografía

Bermúdez-García, E. et al. (2019). Regulation of the cutinases expressed by Aspergillus nidulans andevaluation of their role in cutin degradation. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 103(9), 3863-3874.

Sánchez- Sánchez M., (2015). Aplicación de las cutinasas ANCUT1 y ANCUT2 recombinantes de Aspergillus nidulans en la degradación de poliésteres, Tesis de Licenciatura UNAM.

Kawai, F., Nakadai, K., Nishioka, E., Nakajima, H.,Ohara, H., Masaki, K., & Iefuji, H. (2011). Different enantioselectivity of two types of poly (lactic acid) depolymerases toward poly (L-lactic acid) and poly (D-lactic acid). *Polymer degradation and stability, 96(7)*, 1342-1348.

Llanos-Reyes A. C., (2018). Aplicación de las cutinasas recombinantes ANCUT3 y ANCUT4 provenientes de Aspergillus nidulans en la degradación de poliésteres, Tesis UNAM.

USO DE DISOLVENTES EUTECTICOS Y CUTINASAS EN LA REACCIÓN DE DEGRADACIÓN DE PET

Jiménez Segura Valeria, Arturo Navarro y Farrés Amelia. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Química, Departamento de Alimentos y Biotecnología, Avenida Universidad, 300, México,ciudad de México0510.
amelia.farres@gmail.com

Palabras clave:Cutinasa, DES, degradación

Introducción. La problemática del uso excesivo del PET y el deshecho incorrecto de este ha llevado a contaminación. Se han buscado alternativas para reciclarlo por medio de la biotecnología. La biodegradación de PET con cutinasas es una alternativa para esto, sin embargo, la investigación aún está en desarrollo. Se ha observado que la modificación del medio y de las condiciones de reacción mejora los tiempos de degradación del PET. Se espera que, conjuntando el proceso enzimático y la adición de mezclas eutécticas, habrá biodegradación de PET esperando una reacción eficiente.

Metodología. Se realizó la expresión de las enzimas ANCUT1, ANCUT2 y ANCUT3 de *Aspergillus nidulans* en Pichia pastoris (Easyselect manual, Invitrogen) Se evaluó la actividad esterasa en zimograma utilizando α-naftilo como sustrato, este también para realizar pruebas de estabilidad de las Cutinasas en 3 mezclas eutécticas ChCl:E:H2O, ChCl:G:H2O y ChCl:EG:H2O a

temperaturas de 50 y 55°C. El grado de degradación de PET se determinó por cromatografía en capa fina usando como estándares TPA, BHET y DMT.

Resultados.

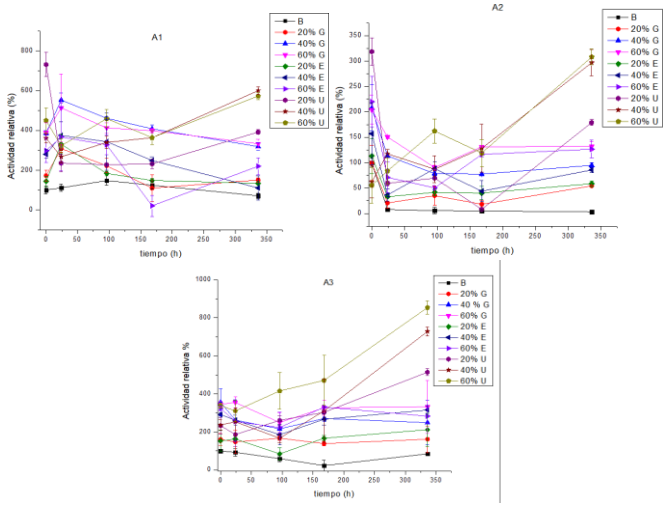


Gráfico 1. Estabilidad térmica relativa de Ancut1, Ancut2 y Ancut3 con diferentes DES empleados en diferentes porcentajes (ChCl:G:H2O, ChCl:E:H2O, ChCl:U:H2O) a 55°C.

Degradación de PET. Condiciones 3 semanas, se agregó enzima a los 12 días, 50 °C, agitación 50 rpm, 10 mg de PET.

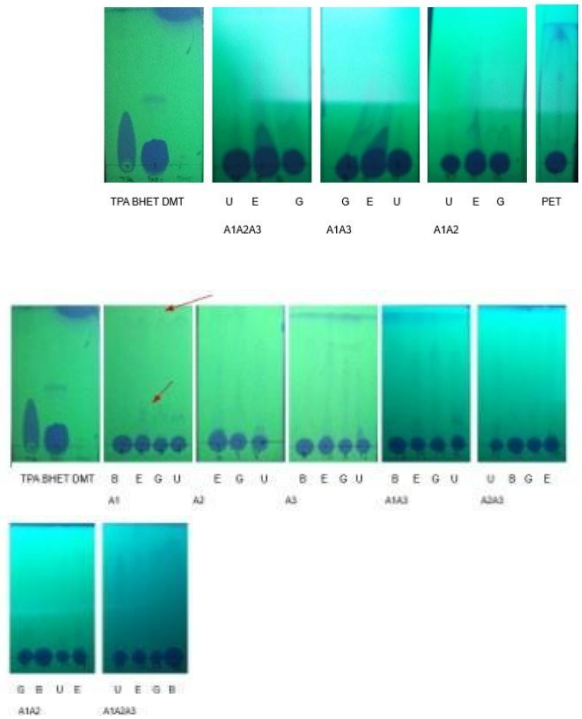


Fig. 1. Productos de degradación obtenidos de la reacción de degradación de PET con mezclas eutéctica **B**: buffer Tris-HCl 50mM pH9, **G**: DES ChCl:G:H_2O, **E** DES ChCl:E:H_2O y **U**: DES ChCl:E:H_2O.

El uso de mezclas eutécticas con enzimas aumenta la actividad y estabilidad de las cutinasas ANCUT1, ANCUT2 Y ANCUT3, además de verse favorecida la degradación de PET para la obtención de posibles oligómeros, TPA y BHET.

Agradecimientos. PAPIIT IT201921. Beca CONACYT 1002934.

Bibliografía

Kawai F. *et al*. 2019., Current knowledge on enzimatic PET degradation and itspossible aplication to waste stream management another fields, Applied Microbiology and Biotechnology 103:4253-4268. 2) Llanos R.A. (2018), Aplicación de cutinasas recombinantes AnCut 3 y AnCut4 provenientes de *Aspergillus nidulans* en la degradación de poliésteres, Tesis.UNAM 3) Morales S. L., 2018, Degradación de polietilen tereftalato (PET) con las cutinasas recombinantesANCUT1 y ANCUT2 de *Aspergillus nidulans*, Tesis UNAM.

IDENTIFICACIÓN DE LOS DOMINIOS ACTIVOS DE LA MURAMIDASA TRANSMEMBRANAL DE *Pediococcus acidilactici* ATCC 8042

Vianey Anahí Salas-Villagrán y Amelia Farrés. Universidad Nacional Autónoma de México, Departamento de Alimentos y Biotecnología, Laboratorio 312, Facultad de Química, Ciudad de México, C.P. 04510.
farres@unam.mx

Palabras clave: Peptidoglucano, muramidasa, acoplamiento molecular

Introducción. Las peptidoglucano hidrolasas son enzimas responsables de hidrolizar el peptidoglucano de las bacterias. Están organizados en un dominio enzimáticamente activo, responsable de la hidrólisis y en un dominio de unión a carbohidratos. Previamente, el grupo de trabajo identificó una hidrolasa de peptidoglucano de 110 kDa producida por *Pediococcus acidilactici* ATCC 8042 (1). Sin embargo, se identificó solo como un transportador de tipo ABC, además de no tener ningún dominio reportado como antimicrobiano y ninguna secuencia de proteína homóloga a las *N*-acetilmuramidasas en las bases de datos. La proteína se clonó y expresó para estudiar su actividad, se observó la degradación de la proteína en fragmentos de bajo peso molecular. No obstante, su actividad lítica no se vio afectada, lo que sugiere que solo un dominio de la proteína fue responsable de la actividad lítica. Por lo tanto, con ayuda de diversos programas computacionales se predijo un modelo de la estructura de la proteína en la membrana (2).

El objetivo de este trabajo es determinar qué dominio de la enzima es el responsable de la actividad antimicrobiana, clonando y expresando cada uno deellos de forma independiente, así como comprender la relación entre su función y estructura proteica.

Metodología. Con base en la predicción estructural de la proteína en la membrana obtenida previamente, se seleccionaron tres regiones y cada una se clonó y expresó de manera independiente. Por otro lado, la predicción de cada una de sus estructuras 3D se realizó mediante modelado *ab initio*, así como la predicción de la unión del sustrato utilizando la herramienta de acoplamiento molecular Autodock Vina.

Resultados. Se obtuvo la proteína recombinante decada una de las regiones y se evaluó su actividad lítica en zimograma frente a células liofilizadas de *M. lysodeikticus*, observando actividad en únicamente una de las regiones (región II) en un peso de aproximadamente 30 kDa, con actividad sustrato-específico de *N*-acetilmuramidasa (Fig. 1). Posteriormente se obtuvieron los modelos 3D de las tres regiones, los cuales fueron utilizados para realizar el acoplamiento molecular usando como sustrato una molécula homóloga del peptidoglucano de las bacterias y el modelo correspondiente a la región II fue el que mostró tener la menor energía de afinidad en el acoplamiento molecular, lo que indicaría una mayor interacción con el sustrato (Fig. 2).

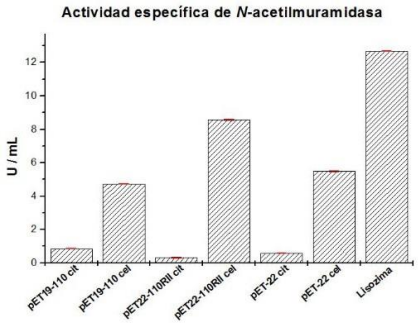


Fig. 1. Evaluación de la actividad sustrato-específico de laproteína de membrana de 110-kDa

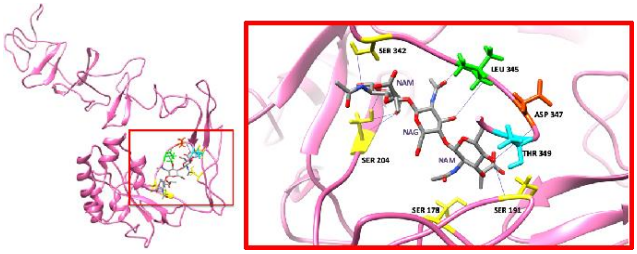


Fig. 2. Acoplamiento molecular con menor energía deafinidad y ligando.

Conclusiones. Estos resultados sugieren que el fragmento correspondiente a la región II contiene el sitio catalítico de la proteína de membrana de 110 kDa, con actividad de muramidasa confirmada, siendo el primer transportador de tipo ABC reportado con actividadpeptidoglucano hidrolasa, incluso sin tener algunasecuencia consenso correspondiente a las peptidoglucano hidrolasas.

Agradecimientos.
CONACYT CVU: 896320
PAIP 5000-9095 UNAM

Bibliografía.

García-Cano I. (2013). Tesis de doctorado, Facultad de Química, UNAM.
Barbosa González P. (2018). Tesis de maestría, Facultad de Química,UNAM.

IDENTIFICACIÓN DE LA ZONA MÍNIMA FUNCIONAL DE LA REGIÓN DE TRANSICIÓN RESPONSABLE EN LA ACTIVIDAD TRANSFERASA Y PROCESIVIDAD DE LALEVANSACARASA LEVS DE *Leuconostoc mesenteroides*

Maura Jennifer Martínez Morales, Flor de María García Paz, Clarita Olvera Carranza, Instituto de Biotecnología,Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, UNAM, Cuernavaca, 62210.
maura.martinez@ibt.unam.mx

Palabras clave: Levansacarasa, termoestabilidad, transferencia

Introducción. Las levansacarasas son enzimas que utilizan sacarosa como sustrato para llevar a cabo la síntesis de un polímero de fructosas unido mediante un enlace β-2,6, denominado levana. Este polímero tiene amplias aplicaciones en la industria de alimentos y medicina (1). Las levansacarasas pertenecen a la familia GH68 de las glicosilhidrolasas, y pueden presentar arquitecturas unidominio o multidominio. La levansacarasa LevS de *Leuconostoc mesenteroides* es una levansacarasa multidominio que cuenta con tres dominios: dominio N-terminal, dominio catalítico y dominio C-terminal. Resultados obtenidos previamente demuestran que entre el dominio catalítico y el C-terminal de esta enzima existe una zona involucrada en la actividad transferasa y procesividad, la cual fue denominada región de transición (Tn) (2). Sin embargo, hasta el momento se desconoce si se requiere la secuencia total de la Tn para mantener la funcionalidad de la enzima.

Delimitar la región mínima funcional presente en la región de transición en la levansacarasa LevS, que participa en la actividad transferasa y procesividad.

Metodología. Se realizó un análisis *in silico* de la región de transición y a partir de él, se llevó acabo el diseño y construcción de dos versiones truncadas. Las enzimas se purificaron por cromatografía de intercambio iónico y se llevó a cabo su caracterización bioquímica en la cual se determinó pH, temperatura óptima y estabilidad. Además, se analizó su actividad y perfil de productos. Los productos se analizaron y cuantificaron por TLC, HPAE-PAD y HPLC-SEC.

Resultados. A partir de los análisis *in silico* se encontró que la Tn presenta un plegamiento tipo solenoide, en el cual se identificaron 4 posibles bolsillos hidrofóbicos (pCBMs). De acuerdo a estos hallazgos se diseñaron y construyeron 2 versiones truncadas a las que se les eliminó gradualmente los pCBMs (Fig.1).

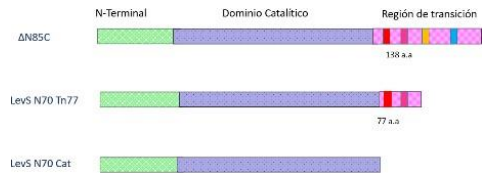


Fig. 1. Arquitectura de las versiones truncadas

La caracterización bioquímica de estas versiones truncadas demostró que los bolsillos III y IV no participande manera relevante en las propiedades enzimáticas. Mientras que, los bolsillos I y II son importantes para mantener la termoestabilidad. Asimismo, los pCBMs I y II participan en la velocidad de reacción favoreciendo el consumo de sustrato a través del tiempo. En cuanto a la relación hidrolisis-transferencia, se encontró que los pCBMs III y IV no están involucradas en esta especificidad, mientras que, los pCBMs I y II participan fuertemente en la actividad transferasa. Además, seencontró que todas las enzimas fueron capaces de sintetizar fructooligosacáridos y polímero de alto peso molecular (PAPM). Sin embargo, si se observó que los pCBMs I y II están involucrados en la síntesis de PAPM (tabla 1), ya que al eliminarlos se ve afectado en un 50% la producción del polímero.

Tabla 1. Análisis de actividad hidrolítica y polímeros sintetizados por ΔN85C y versiones truncadas**.**

Enzima	% Hidrólisis	PAPM %	PBPM %	T1/2 (horas)
ΔN85C	16 ± 0.8	73.12 ± 0.69	10.87 ±0.28	**>7** **2**
LevS N70 Tn77	11 ± 0.5	72.05 ± 1.23	16.94 ± 0.53	**>7** **2**
LevS N70 Cat	**41.5 ± 0.51**	**36.76 ± 0.31**	**21.73 ±0.59**	**4**

Conclusiones. Se encontró que la región mínima funcional de la región de transición corresponde a los primeros 77 residuos, en los cuales se encuentran ubicados los pCBMs I y II. Se propone que esta zona mínima está involucrada en favorecer interacciones que incrementan la afinidad de la enzima por las moléculas aceptoras (4), lo que se traduce en un aumento en la actividad transferasa y síntesis de PAPM.

Agradecimiento. A la Universidad Nacional Autónoma de México por el financiamiento del programa DGAPA- PAPIIT a través del proyecto IN216120.

Bibliografía.

Fuchs, A. (1991). Current and potential food and non-food applications of fructans. Biochemical Society Transactions, 19(3), 555–560.

Morales-Arrieta, S., Rodríguez, M., Segovia, L., López-Munguía, A. & Olvera-Carranza, C. (2006). Gene. 376(1): 59-67.

Claverie, M., Cioci, G., Vuillemin, M., Bondy, P., Remaud-Simeon, M., & Moulis, C. (2020). *Journal of Biological Chemistry*, 295(17): 5602–5613.

Bai, Y., Gangoiti, J., Dijkstra, B. W., Dijkhuizen, L., & Pijning, T. (2017). *Structure*, 25(2): 231–242.

PRODUCCION DE ω-AMINOTRANSFERASA A PARTIR DE *Fusarium Oxysporum*

Rita María Campa-Ramos[a], Abraham Rogelio Martin-García[a], Patricia Guerrero German[a], Juan Antonio Noriega-Rodríguez[a], Elisa Miriam Valenzuela-Soto[b] [a]Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Sonora, Blvd. Luis Encinas y Rosales s/n, Col. Centro, Hermosillo, Sonora, México. CP 83000. [b]Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo Carretera a la Victoria 71,Col. San Luis, , Hermosillo, Sonora, México. CP 83000. Rinos14@hotmail.com

Palabras clave: Aminotransferasa, quiral, Fusarium Oxysporum

Introducción. Las transferasas son las enzimas que catalizan aquellas reacciones celulares donde un grupo de átomos se transfieren de un sustrato a otro. La importancia de la biosíntesis de aminoácidos y aminas con actividad óptica ha crecido en los últimos veinte años porque aminas quirales se utilizan como productos farmacéuticos intermedios y finales [Martin et al., 2007], y en síntesis asimétrica y la resolución de químicos [Martin et al., 2007]. Las aminotransferasas intervienen en la síntesis de compuestos con actividad óptica. La síntesis asimétrica ha adquirido una gran importancia; esta incluye métodos enzimáticos, estereoquímicos y también catalíticos [Gerlach et al., 2005]. En la preparación de aminas enantioméricamente puras la importancia de las ωaminotransferasas está aumentando debido a su enantioselectividad [Koszelewski et al., 2010]. Metodología. La producción de Fusarium oxysporum fue en 500mL que contenía 0.5 g de urea, 0.5 g de fosfato de potasio, 5.0 g de azúcar. La biomasa fue obtenida por filtración en vacío con filtro Whatman de 150mm, obteniendo un rendimiento de 1.55g/500mL. Dado que la enzima de nuestro interés está en el interior de la célula, se prosiguió a un rompimiento de pared celular del Fusarium oxysporum, se utilizó nitrógeno líquido. Se pusieron en contacto 1.2g de células libres en un mortero en la campana de flujo laminar, se cubrieron con nitrógeno líquido utilizando todas las medidas necesarias para su uso, se evaporo el nitrógeno y se cristalizaron las células, después se molieron bien en el mortero para después ponerse en contacto con la reacción de transaminacion en las condiciones necesarias, para después ser analizadas por HPLC.

Resultados. En la Figura 1 se muestra el gel de agarosa al 1.0% mostrando los resultados de la prueba de PCR para la detección de hongos, dando positivo para el hongo tipo Fusarium oxysporum.

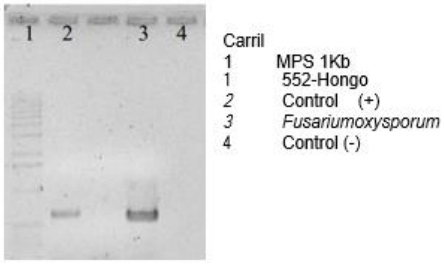


Fig. 1. Prueba de PCR para la detección de hongos.

La actividad de R-AT se midió directamente con la velocidad inicial de la generación de la acetofenona (Figura 2), la cual se obtuvo a los 19.8 minutos por HPLC, dando una velocidad de producción de 0.301µM/min, en sus condiciones óptimas de 32.5°C y pH de 6.28.

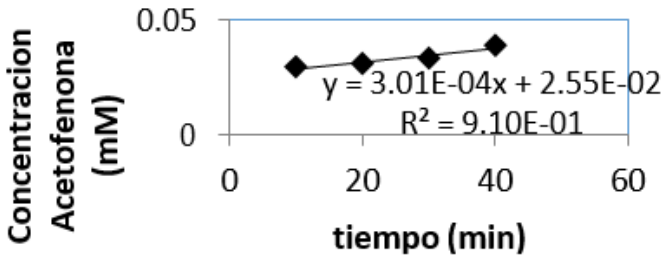


Fig. 2. Velocidad de produccion de Acetofenona a 32.5°C y pH de 6.28.

Conclusiones. Se purifico una enzima aminotransferasa con actividad estereoselectiva; con la cual fue posible convertir RMBA a acetofenona. La estereoselectividad de ω-AT fue con R-AT ya que fue donde se mostró actividad. La R-AT detectada presentó la mayor actividad a 32.5°C y pH de 6.28; esas condiciones se obtuvo una velocidad de reacción de 0.301µM/min.

Bibliografía.

Gerlach, Matthias; Pütz, Claudia; Enders, D. and Gaube, Gero. “Procedimiento de síntesis de compuestos quirales”. Patente Europea. Numero: 2234908. (2005.07.01). Koszelewski, Clay, Dorina; Grischek, Dominik; Gross, Barbara; Lavandera, Ivan; Wolfgang, Kroutil. “Testing of microorganisms for ω-transaminase activity”. Tetrahedron: Asymmetry (2010), 21(16), 2005-2009. 3.Martin, Abraham R.; DiSanto, Rocco; Plotnikov, Irina; Kamat, Sanjay; Shonnard, David; Pannuri, Sachin. “Improved activity and thermostability of (S)- aminotransferase by error-prone polymerase chain reaction for the production of a chiral amine”.Biochemical Engineering Journal (2007), 37(3), 246-255.

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DEL GEN DE LA CELOBIOHIDROLASA II EN *Colletotrichum lindemuthianum*

Ma. Irene Morelos Martínez, María Guadalupe Zavala Páramo, Karla Morelia Díaz Tapia, Horacio Cano Camacho. Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología (CMEB), Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, C.P. 58100.
irene.morelos@umich.mx, gzavpar@hotmail.com, more.fergie93@gmail.com, hcano1gz1@mac.com

Palabras clave: Expresión, celulasa, cbhII

Introducción. *Colletotrichum lindemuthianum* es hongo patógeno de *Phaseolus vulgaris* que presenta una gran diversidad de patotipos con diferente grado de virulencia (1). Los hongos fitopatógenos al enfrentarse con la pared celular vegetal, para despolimerizarla, secretan un arsenal de enzimas hidrolíticas (2), entre las que se encuentran la Celobiohidrolasa II (CBHII) (EC 3.2.1.91), que participa en la degradación de la celulosa actuando sobre los extremos no reductores (3).

El objetivo de este trabajo fue analizar los perfiles de transcripción del gen *cbhII* en un patotipo patógeno (1472) y uno no patógeno (0) de *C. lindemuthianum*.

Metodología. Se realizó extracción de ARN total por el método de TRIzol (Invitrogen) de micelio de ambos patotipos previamente inducido en medio Mathur modificado suplementado con 2.5% de pared celular de *P. vulgaris* (cv. Flor de Mayo), celulosa o glucosa como única fuente de carbono y con diferentes tiempos de incubación (0, 4, 6, 12 y 48 horas y 3, 5, 7 y 9 días) (4). Se realizó síntesis de ANDc siguiendo las instrucciones del kit SuperScrip III RT (Invitrogen). Se realizaron ensayos de qPCR, usando el kit de RadiantTMGreen (2X) qPCR Mix Hi-Rox (1X) (Alkali Scientific) y el sistemade PCR StepOne Real-Time (Applied Biosystems). La cuantificación relativa de la expresión génica se realizó mediante el método de CT comparativo (ΔΔCT) (5) y los datos se obtuvieron por triplicado en dos eventos independientes. Se realizó análisis de varianza (ANOVA). Los resultados se reportaron como las medias con errores estándar (SE). Los valores de $P<0.05$ se consideraron significativos.

Resultados. El patotipo 1472 presentó mayores nivelesde transcrito de *cbhII* que el patotipo 0. El patotipo 1472presentó dos picos de expresión relativa (6 h y 3 días) encultivo con celulosa. En contraste, el patotipo 0 mostró incremento de expresión hasta los 3 días. Cuando se utilizó pared celular de frijol como fuente de carbono, el patotipo 1472 mostró un incremento máximo de expresión a los 7 días, que fue el mayor nivel de transcrito detectado en el análisis, mientras que para el patotipo 0, los niveles de expresión apenas sobrepasaron a los basales detectados con glucosa (fig. 1).

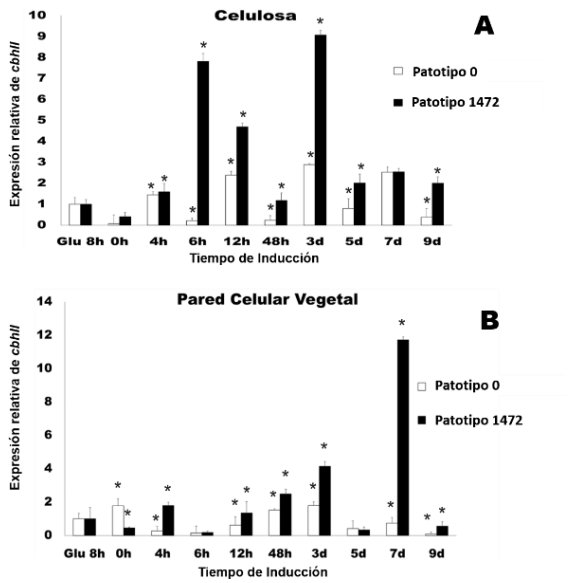


Fig. 1. Expresión relativa del gen *cbhII*en la raza 1472 y raza 0 de *C. lindemuthianum*. **A** celulosa y **B** pared celular vegetal. Las barras muestran lamedia de los valores por triplicado

Conclusiones. El patotipo patógeno presentó mayor nivel de expresión de *cbhII* en casi todos los tiempos en ambas fuentes de carbono, comparado con el patotipo no patógeno. El mayor nivel de expresión del patógeno se obtuvo en la fuente de carbono más compleja que esla pared celular vegetal.

Agradecimiento. A la Coordinación de la Investigación Científica de la UMSNH (Proyecto 2020-2021 a HCC) y a CONACYT (Proyecto 2019-2022 a MGZP y becas a KMDT y MIMM).

Bibliografía.

Pastor-Corrales M. (199). *Phytopathology* 81(6): 694.

King, B. C., Waxman, K. D., Nenni, N. V., Walker, L. P., Bergstrom, G. C., & Gibson, D. M. (2011). *Biotechnol Biofuels*, *4*(1), 1-14.

Horn, S. J., G. Vaaje-Kolstad, B. Westereng y V. G.Eijsink. (2012). *Biotechnol Biofuels* 5(1): 45.

Acosta-Rodríguez, I., Piñón-Escobedo, C., Zavala-Páramo, M. G., López-Romero, E., & Cano-Camacho, H. (2005). *Antonie Van Leeuwenhoek*, *87*(4), 301-310.

Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). *methods*, *25*(4), 402-408.

SECRECIÓN DIFERENCIAL DE HEMICELULASAS EN DOS PATOTIPOS DE *Colletotrichum Lindemuthianum*

Karla Morelia Díaz Tapia, María Guadalupe Zavala Páramo, Ma. Irene Morelos Martínez, Jeni Bolaños Rebolledo, Horacio Cano Camacho, Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, FMVZ, Universidad Michoacán de San Nicolás de Hidalgo, CP 58194, Morelia, Michoacán, México.
morelia.diaz@umich.mx

Palabras clave: Hemicelulasas, hemibiotrófico, fitopatógeno

Introducción. *Colletotrichum lindemuthianum* es el agente causal de la antracnosis en la planta del frijol común (*Phaseolus vulgaris*)[1]. Presenta una gran variedad de patotipos entre los cuales se encuentran el patotipo patógeno 1472 y el patotipo no patógeno 0[2]. *C. lindemuthianum* es un hongo hemibiotrófico que secreta un complejo de enzimas hidrolíticas para degradar la pared celular vegetal (PCV)[3]. La degradación de la hemicelulosa de la PCV requiere de la acción coordinada de enzimas hidrolíticas entre las que se encuentran endoxilanasas, β-xilosidasas y α-L-arabinofuranosidasas[4]. Por otro lado, la degradación de celulosa implica una acción secuencial de un grupo de enzimas, llamadas celulasas (endoglucanasas, exoglucanasas, celobiohidrolasas y β-glucosidasas)[5].

Objetivo: Medir la actividad extracelular de hemicelulasas y celulasas de dos patotipos de *C. lindemuthianum* en cultivo con hipocotilos de frijol y ejote.

Metodología. Se utilizaron los patotipos 1472 y 0 de *C. lindemuthianum*. Se analizó la actividad enzimática en cultivos con medio mínimo Mathur modificado suplementado con hipocotilos de frijol (molido) y ejote (molido) en cinéticas de incubación de 1 a 12 días, 14 y 16 días; para medir la actividad enzimática se utilizó el medio extracelular, buffer de acetato de sodio 50mM pH 5.0 y los sustratos 4MU-arabinofuranósido, 4MU-xilopiranósido, 4MU-celobiosido para determinación de fluorescencia y azul brillante de Remazol con xilanapara determinación colorimétrica.

Resultados. El análisis de la actividad enzimática en cultivos suplementados con hipocotilos de frijol **(Fig.1)** mostró mayor actividad de arabinofuranosidasas y xilanasas en los primeros días de inducción en ambos patotipos de *C. lindemuthianum*. Sin embargo, elpatotipo no patógeno (0) mostró mayor actividad arabinofuranosidasa que el patotipo patógeno (1472) en cultivos suplementados con ejote **(Fig.2)**. En contraste, ambos hongos mostraron baja actividad de celobiohidrolasas con cualquiera de los sustratos empleados en el análisis.

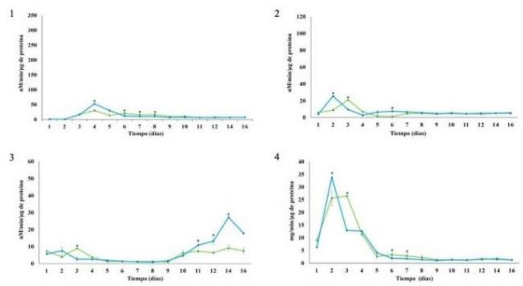


Fig. 1. Actividad enzimática de patotipo 1472 ( ) y el patotipo 0 ( ) de *C. lindemuthianum* en cultivo con hipocotilos de frijol. 1) α-L-arabinofuranosidasa, 2) celobiohidrolasa, 3) β-xilosidasa y 4) endoxilanasa. El símbolo (*) indica la diferencia estadística significativa (P<0.05) entre patotipos.

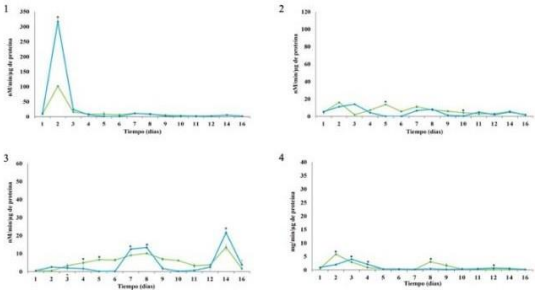


Fig. 2. Actividad enzimática del patotipo 1472 ( ) y el patotipo 0 ( ) de *C. lindemuthianum* en cultivo con ejote. 1) α-L-arabinofuranosidasa, 2) celobiohidrolasa, 3) β-xilosidasa y 4) endoxilanasa. El símbolo (*) indica la diferencia estadística significativa (P<0.05) entre patotipos.

Conclusiones. *C. lindemuthianum* presenta una secreción diferencial de hemicelulasas que depende del estilo de vida del hongo y del tipo de tejido del huésped. Destaca la alta actividad de arabinofuranosidasa secretada por el patotipo 0 en cultivo con ejote, en contraste con el patotipo 1472.

Agradecimiento. A la Coordinación de la Investigación Científica de la UMSNH (Proyecto 2020, 2021 a HCC) y a CONACYT (Proyecto 2019-2022 a MGZP y becas a KMDT y MIMM).

Bibliografía.

O´connell et al. (1985). *Physiol Plant Pathol*. 27(1):75-98.
Rodríguez-Guerra et al. (2006). *Rev. Mex. De Cienc. Agric.* 32 (1):101-114.
Münch, Steffen (2008). J Plant Physiol. 165 (1):41-51.
Conejo-Saucedo et al. (2011). *Curr Trends Microbiol.* 7(1):113.
Acosta-Rodríguez et al. (2005). *Antonie van Leeuwenhoek*.87 (1):301-310.

DISEÑO DE UN MÉTODO ESPECTROFOTOMÉTRICO PARA EL CRIBADO DE ACTIVIDAD B- ETERASA, ENZIMAS DEGRADADORAS DE LIGNINA

Itzel C. Romero-Soto[a], Olga Concha-Guzmán[a], Raúl B. Martínez-Pérez[b], Jorge A. Rodríguez[b], Rosa M. Camacho-Ruiz[b],Vicente Armenta-Pérez[b], M. Ángeles Camacho-Ruiz[a*] aLaboratorio de Investigación en Biotecnología, Centro Universitario del Norte, Universidad de Guadalajara, Colotlán, 46200, Jalisco, México. bBiotecnología Industrial, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco (CIATEJ), Zapopan, 45019, Jalisco, México.

Palabras clave: Lignina, B-eterasa, cribado

Introducción. En los últimos años, la demanda en la industria tequilera y azucarera se han incrementado y con ello la generación de residuos lignocelulósicos. Los cuales son difícil de tratar debido a la presencia de lignina (parte no polisacárida). Las b-eterasas son enzimas que tienen la capacidad de romper el enlace B-O-4 aril - eter que representa aproximadamente del 45-60% de los enlaces presentes en la lignina. La aplicación de biocatálisis para la despolimerización de lignina no genera radicales libres inestables durante la reacción (como los procesos químicos convencionales), lo cual facilita su hidrolisis para su posterior aprovechamiento en la obtención de monoligninas (vainillina, guayacol, catecol, etc.) de alto valor agregado [1-3]. El estudio de estas enzimas es casi nulo, por lo que el objetivo de esta investigación fué diseñar un método espectrofotométrico para el cribado de microorganismos con actividad B-eterasa.

Metodología. Se sintetizó el sustrato 1-(4-hidroxi-3metoxifenil)-2-(4-nitrofenoxi)-etan-1-ona (PNP-GE) por reacción de sustitución nucleofílica. se clonó el gen LigF de la cepa *Sphingobium* sp. SYK-6 en *E.coli* BL21 utilizando el vector de expresión pET28a en los sitios de restricción *Nde*I y *Bam*HI. Para el desarrollo del método se probaron los solventes dimetilsulfòxido y acetonitrilo en proporciones de 3.3%, 5% y 10% y detergentes (CTAB, Tritonx100, NaTDC) a concentraciones <CMC, CMC y >CMC. Así mismo se evaluaron diferentes gomas (Albúmina BSA, goma arábica CA y carboximetilcelulosa CMC) al 0.5%, 1% y 2% de concentración. Se determinó la linealidad y repetibilidad del método en las mejores condiciones.

Resultados. Para la validación del método se eligieron las condiciones con mayor actividad: pH de 8 con 3.3% de acetonitrilo como co-solvente y CMC a 0.5 % de concentración, esta última se seleccionó de 0.5%, ya que no existe diferencia significativa entre la concentración de 0.5% y 1% y la solución presenta mayor viscosidad a mayor concentración de emulsificante (Figura 1). Por otro lado, los detergentes evaluados no favorecieron la actividad enzimática, por lo que se descarta su uso en la validación del método. La figura 2 (a la izquierda) muestra una fotografía de la reacción enzimática de la clona LigF en presencia del sustrato cromogénico PNP-GE (pozo 7 y 8, blancos y del 9-12, reacción enzimática) y las cinéticas típicas de concentración de enzima sobre el sustrato (derecha) a concentraciones de 0.69 mg/mL, 0.138 mg/mL, 0.27 mg/Ml y 0.552 mg/mL de enzima pura.

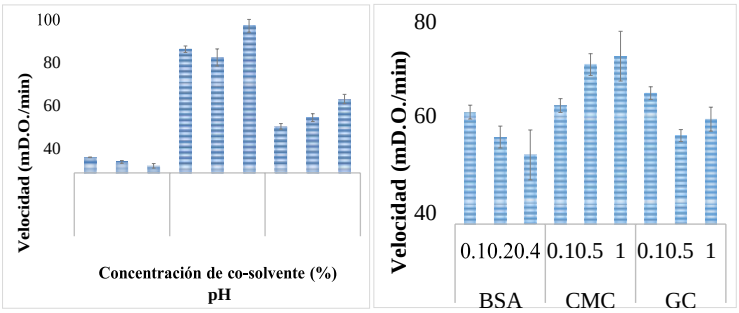


Fig. 1. Velocidad enzimática a diferetes pH y concentraciones de co-solvente (izquierda) y velocidad enzimática de enzima purificada (clona de la cepa *Sphingobium* sp. SYK-6) en diferentes concentraciones y emulsificantes.

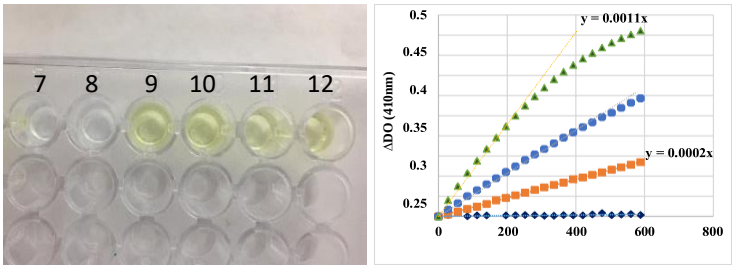


Fig. 2. Fotografía de la reacción catalizada por LigF en el sustrato cromogénico PNP-GE. Los pocillos 7 y 8 corresponden a los blancos de la reacción; los pocillos 9-12 corresponden a la reacción enzimática (izquierda) ycinéticas típicas a diferentes concentraciones de enzima sobre el sustrato (derecha).

Conclusiones. Las mejores condiciones del método para el cribado de microorganismo fueron pH de 8, co-solvente al 3.3%, 0.5% de CMC, a una concentración de sustrato cromogénico de PNP-GE 15 mM, así mismo, este método permitirá identificar microorganismos con actividad b-eterasa para aplicación en la biorrefinería de lignina.

Agradecimiento. Fondo Sectorial de Investigación y Educación SEP / CONACyT, México (CB-2016/283183).

Bibliografía.

Wang, C., Ouyang, X., Su S., Liang, X., Zhang, C., Wang, W., Yuan, Q., Li, Q. (2016) Effect of sulfonated lignin on enzymatic activity of the ligninolytic enzymes Calpha-dehydrogenase LigD and beta-etherase LigF". Enzyme MicrobTechnol 93-94, 59-69.
Yoo, C. G., Meng, X., Pu, Y., Ragauskas, A. J. (2020) The critical role of lignin in lignocellulosic biomass conversion and recent pretreatment strategies: A comprehensive review. Bioresour Technol 301, 122784.
Picart, P., Domínguez, P., Schallmey, A. (2014) From gene to biorefinery: microbial B-etherases as promising biocatalysts for lignin valorization. Frontiers in Microbiology 6, 916.

INHIBICIÓN DE LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA DE LA CATEPSINA L POR QUIMERASRECOMBINANTES DE LA CHAGASINA DE *TRYPANOSOMA CRUZI*

Rosa E. Cárdenas-Guerra, Yasmin I. Rodríguez-Gavaldón, Octavio Montes Flores, Claudia I. Flores-Pucheta, Gerardo Reséndiz-Cardiel, Jaime Ortega-López. Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, CINVESTAV-IPN. Av. IPN No. 2508. Col. San Pedro Zacatenco. Ciudad de México, C.P. 07360.
rcardenas@cinvestav.mx

Palabras clave: proteína quimérica, chagasina, inhibición

Introducción. *Trypanosoma cruzi* quién causa la enfermedad de Chagas, es uno de los parásitos más lacerantes en términos de salud e impactos sociales, por lo que es necesario buscar fármacos más eficaces y seguros, explorando nuevas moléculas y tratamientos alternativos como vacunas terapéuticas.

La proteína de superficie TSA-1 es viable para el desarrollo de una vacuna terapéutica contra la enfermedad de Chagas (1), pero se produce recombinantemente en agregados insolubles. Una alternativa es la generación de proteínas quiméricasmulti-epítopo de TSA-1 que se expresen en forma soluble. La chagasina es una proteína de *T. cruzi* que inhibe a la catepsina L de humano (h-Cat L) y se expresade forma soluble en *E. coli*. Su estructura 3D permite el anclaje de secuencias exógenas en los lazos L4 y L6. Después de un análisis *in sílico* de Quimeras (Q) de la chagasina donde se insertaron secuencias de los epítopos de TSA-1 (E1, E2, E3, E4 y E5) en los lazos L4y L6, se expresaron en *E. coli* en forma soluble de las proteínas quiméricas Q4 (E5-E1), Q8 (E5-E2) y Q45 (E1/E2 -E5), esta última con dos epítopos en el lazo L4y solo 50% soluble (2, 3).

El objetivo del trabajo fue analizar la inhibición de la actividad enzimática de la catepsina L por las quimeras recombinantes Q4, Q8 y Q45.

Metodología. Se realizó la expresión de las proteínas recombinantes (chagasina, Q4, Q8 y Q45) en células de *E. coli* SoluBL21 y la purificación mediante cromatografíade afinidad a níquel. La actividad inhibitoria de cada proteína purificada fue analizada usando la enzima h-Cat L, y el substrato específico para catepsina L, Z-Phe-Arg-MCA (Z-Phe-Arg-7-amido-4-methylcoumarin). La chagasina se utilizó en concentraciones crecientes (0, 0.005, 0.01, 0.02, 0.1 y 0.2 µM), así como para las quimeras Q4, Q8 y Q45 (0, 0.5, 1, 2, 4 y 6 µM). Como control positivo se utilizó al inhibidor E-64 a una concentración 1 µM.

Resultados. Todas las proteínas quiméricas mostraron un cambio importante en la Ki (0.05, 0.09, 0.29 µM) con respecto a la chagasina (0.0024 µM), lo que sugiere que sería más conveniente la producción de una proteína recombinante que no inhiba o inhiba menos a la h-Cat L.La Q4 sería la más indicada como antígeno y fue la más soluble. Desde el punto de vista del número de epítopos de TSA-1, Q45 sería la más indicada, pero fue la que másinhibió a la catepsina L (Figura 1). Es posible que todas pudieran ser aptas para su uso como antígenos, lo cual se tendría que descartar en ensayos en animales de laboratorio o diseñar una quimera que no inhiba la catepsina L.

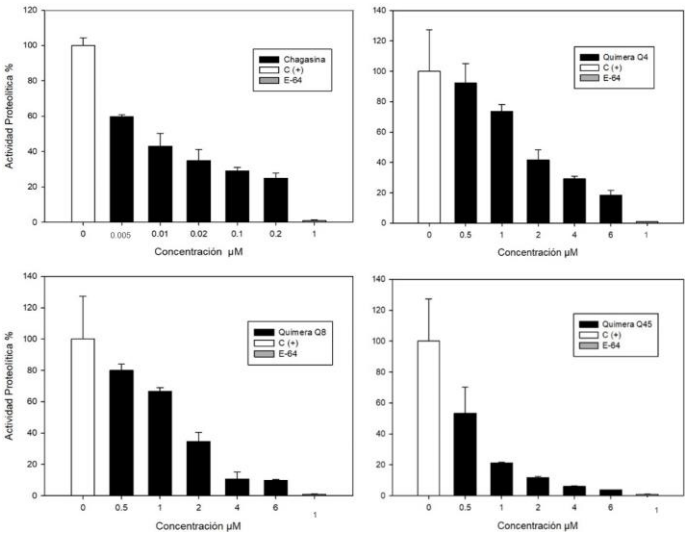


Fig. 1. Inhibición de la actividad proteolítica de h-Cat L por las proteínas recombinantes chagasina, Q4, Q8 y Q45 a diferentes concentraciones en presencia del sustrato fluorogénico Z-Phe-Arg-MCA.

Conclusiones. La modificación de los giros L4 y L6 de la chagasina por epítopos de TSA-1, afectó negativamente la actividad inhibitoria de las quimeras recombinantes (chagasina>Q45>Q8>Q4).

Agradecimiento. Para la realización de este trabajo se contó con el apoyo del Cinvestav-IPN (FIDSC2018/268),CONACYT (269657, A1-S34224,) y de la Fundación Carlos Slim (SLIM-W04.PO5600999400), y becas CONACyT para estudios maestría YIRG (No. 721653).

Bibliografía.

Wrightsman RA, *et.al.* (1994). *J Immunol.* 153:3148–3154.

Nava Pintor EE. (2018). *Tesis de Maestría*. Departamento deBiotecnología y Bioingeniería. CINVESTAV-IPN. México.

Rodríguez Gavaldón YI. (2021). *Tesis de Maestría*. Departamento Biotecnología y Bioingeniería. CINVESTAV-IPN. México.

SÍNTESIS QUIMIOENZIMÁTICA DE NEO-AZÚCARES UTILIZANDO UNA CICLODEXTRINGLUCANOTRANSFERASA DE *Thermoanaerobacter* sp

Pedro Ángel Cid Jiménez [a], Agustín López-Munguía [b], Edmundo Castillo Rosales [b]. [a] Centro de Investigaciones Químicas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca 62209, Morelos, pedro.cid@uaem.edu.mx. [b]Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología UNAM, Cuernavaca 62210, Morelos.

Palabras clave: ciclodextringlucanotransferasa, glicosidación, neo-azúcares

Introducción. Los carbohidratos son la principal fuente de energía en los seres vivos e intervienen en diversos eventos de reconocimiento celular. En la naturaleza existen azúcares que poseen en su estructura enlaces glicosídicos poco frecuentes, lo que les confiere propiedades que los hacen atractivos sustitutos de los carbohidratos tradicionalmente conocidos (1). Actualmente, existe un interés particular en el desarrollo de estrategias para la obtención de carbohidratos funcionales o de nuevos azúcares (neo-azúcares) que presenten actividad biológica. Si bien, la formación de enlaces glicosídicos es uno de los mayores retos para la síntesis orgánica, en la naturaleza existe un grupo de enzimas que son capaces de formar enlaces glicosídicos de manera eficiente, con una alta selectividad y, prácticamente, sin la formación de subproductos o residuos tóxicos.

El presente trabajo tuvo como objetivo desarrollar un proceso quimio-enzimático de tres etapas, para la síntesis regio- y estereoselectiva de nuevos di- y oligosacáridos que poseen enlaces glicosídicos raros o inexistentes en la naturaleza, empleando una ciclodextringlucanotransferasa de *Thermoanaerobacter* sp. (CGTasa).

Metodología. Los azúcares protegidos **2a** y **2b** (**Fig. 1**) se obtuvieron a partir de sus correspondientes azúcares libres (**1a** y **1b**) en condiciones suaves de catálisis ácida. La glicosidación enzimática de **2a** y **2b** se realizó empleando CGTasa de *Thermoanaerobacter* sp. (10 U/mL) como biocatalizador y β-ciclodextrina como sustrato donador de grupos α-glucopiranosilo. La reacción se realizó en un medio de buffer de fosfatos 50 mM pH 6.0 por 48 h a 50°C y 850 rpm. La digestión enzimática de los productos poliglucosilados se realizó con una α-glucosidasa de *Aspergillus niger* (258 U/mL, 50°C por 24 h). Los productos puros **4a** y **4b** se recuperaron por cromatografía flash y se caracterizaron por espectrometría de masas y resonancia magnética nuclear de ^{1}H y ^{13}C.

Resultados. Para limitar la promiscuidad regioquímica que presenta la CGTasa, al transferir grupos α-glucopiranosilo sobre su sustrato aceptor (2), se recurrió a la ingeniería de sustrato. Así, en una primera etapa se incorporan grupos protectores sobre posiciones específicas de los sustratos aceptores (**2a** y **2b**). A partir de estos compuestos se realizó la glicosidación con CGTasa, lo que permitió obtener una serie de maltooligoglicósidos (**3a** y **3b**), hasta con 4 unidades de α-glucosa incorporadas (**Fig. 1**). Los maltooligoglicósidosobtenidos se sometieron a una digestión enzimática *in situ* con α-glucosidasa de *A. niger*, para obtener productos con un solo residuo α-glucopiranosilo (**4a** y **4b**). Es importante mencionar que, al final del proceso, la diferencia de hidrofobicidad entre los sustratos residuales**2a** y **2b** y los productos finales **4a** y **4b**, facilita su separación.

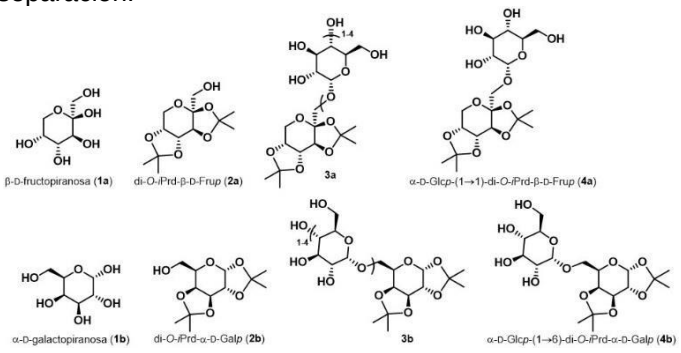


Fig. 1 Materia prima, sustratos aceptores y productos de glicosidación.

Conclusiones. Se obtuvieron dos nuevos azúcares (**4a** y **4b**) reportados como potentes antioxidantes y suplementos alimenticios (3, 4). Uno de ellos posee un enlace glicosídico raro (α-D-Glc*p*-(1→1)-β-Fru*p*, **4a**) y el otro es un azúcar nuevo (α-D-Glc*p*-(1→6)-α-Gal*p*, **4b**). Esta estrategia describe una ruta de síntesis en tres etapas para la obtención de glicoconjugados: a) protección simple, b, c) glicosidación y digestión enzimática. Esta metodología sintética podría ser aplicada a diferentes azúcares para generar nuevas bibliotecas de neo-azúcares con potencial de aplicación en diferentes sectores.

Bibliografía.

Van Laar A *et al*. (2021). *Crit Rev Food Sci Nutr*. 61 (5): 713-741.
Strompen S *et al*. (2015). *Carbohydr Res*. 404: 46-54.
Fletcher M *et al*. (2020). *Sci Rep*, 10(1): 1-8.
Meloncelli P *et al*. (2007). *Carbohydr Res*, 342(12-13): 1793-1804.

ESTUDIO DE LA RELACIÓN ESTRUCTURA/FUNCIÓN DE LA REGIÓN N_{100} TERMINAL DE LA INULOSACARASA (IslA) DE *LEUCONOSTOC CITREUM* CW28

Ingrid Mercado Del Río, Clarita Olvera Carranza. Instituto de Biotecnología (Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis), Cuernavaca, Mor., CP 62210.

ingrid.mercado@ibt.unam.mx.

Palabras clave: fructansacarasas, procesividad, estructura

Introducción. Las fructansacarasas (FNSs) son enzimas capaces de sintetizar polímero de fructosa a partir de sacarosa (1). La FNS de *L. citreum* CW28, IslA, es una enzima multidominio que sintetiza polímero a través de un mecanismo procesivo (2). De acuerdo con reportes en otras FNS (3), se ha sugerido que la procesividad de IslA podría estar dada por los dominios adicionales, y específicamente, por la región N_{100} terminal, contigua al dominio catalítico (4).

Objetivo. Determinar la influencia de la región N_{100} terminal en la procesividad de IslA.

Metodología. Para abordar el objetivo del trabajo se utilizaron las versiones truncadas IslA4 e IslA5. La primera consta del dominio catalítico y la región N_{100} terminal, mientras que IslA5 carece de la región N_{100} terminal. Se realizaron las siguientes actividades:

1. Caracterización bioquímica de las versiones truncadas seleccionadas.

2. Estudio de la influencia de la región N_{100}-terminal en el perfil de productos y mecanismo de elongación.

3. Análisis del efecto del aumento en la concentración de sustrato en el perfil de productos de ambas versiones truncadas.

Resultados. La deleción de la región N_{100} terminal (IslA5) no afecta el pH óptimo de la enzima, ni la estabilidad enzimática, sin embargo, propicia la disminución de la temperatura óptima comparada con IslA4 (4) (fig1). Asimismo, estadeleción merma la actividad enzimática en más de un 99%, demostrando que esta región es muy importantepara la catálisis enzimática.

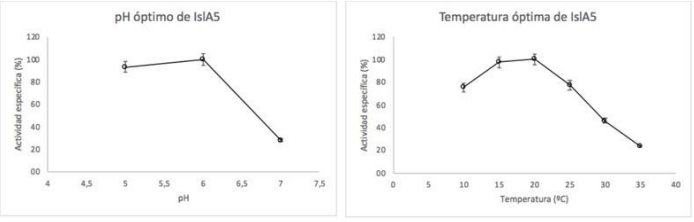


Fig. 1. Determinación de pH y temperatura óptima de IslA5 Losensayos se llevaron a cabo con 1170 mM de sustrato.

En cuanto a la procesividad de la enzima, la eliminación dela región N_{100} terminal causó una disminución del 39% en la producción de productos de alto peso molecular cambiando la relación entre productos de alto y bajo peso molecular, de una relación 2:1 a una relación 1:1 (Tabla 1).

Por otro lado, observamos que al aumentar la concentración de sustrato en la reacción con IslA5, hay unaumento en la velocidad de reacción y una preferencia hacia la transferencia en la síntesis de productos de bajo peso molecular.

Condición de reacción	Conversión de sacarosa(%)	Hidrólisis (%)	Porcentaje de pAPM (%)	Porcentaje depBPM (%)
		IslA4		
30ºC, 292 mM	89 ± 0.23	61 ± 0.58	25.6 ± 1.47	**13.4 ± 0.06**
20ºC, 292 mM	91 ± 0.04	47 ± 0.05	18.9 ± 1.56	**34.1 ± 1.98**
20ºC, 1170 mM	63 ± 0.31	45 ± 0.26	31.1 ± 2.02	**23.9 ± 0.03**
		IslA5		
20ºC, 292 mM	65 ± 0.27	62 ± 0.18	18.5 ± 2.02	**19.2 ± 2.00**
20ºC, 1170 mM	**82 ± 0.63**	**31 ± 0.11**	**18.1 ± 2.31**	**50.9 ± 0.19**

Tabla 1. Porcentaje de hidrólisis y de productos de alto (pAPM) ybajo (pBPM) peso molecular.

Finalmente, el análisis de los productos sintetizados sugiere que la región N_{100}-terminal otorga mayor flexibilidad a la regioselectividad de los subsitios de unión a aceptores, lo que se traduce en una mayor cantidad de intermediarios sintetizados.

Conclusiones. La región N_{100}-terminal no es indispensable para desarrollar el mecanismo procesivo, pero su deleción modula la relación polímero/productos de bajo peso molecular y la actividad enzimática.

Agradecimiento. El proyecto fue financiado por la UNAM por el programa DGAPA-PAPIIT a través del proyecto IN216120, además del apoyo económico otorgado por el CONACYT a través de la beca no. 855138.

Bibliografía.

Ni D., Zhu Y., Xu W., Zhang T., Mu W. (2018). *Int. J. Biol.Macromol.*, vol. 109: pág 1209-1218

Olivares-Illana V., López-Munguía A., Olvera-Carranza. C. (2003). *J. Bacteriol.,* vol. 185: pág 3606-3612

Morales-Arrieta S., Rodríguez M. E., Segovia L., López-Munguía

Olvera-Carranza C. (2006). *Gene*, vol. 376: pág 59-67

Del Moral S., Olvera C., Rodríguez M. E., Munguía L. (2008). *BMCBiochem.*, vol. 9: pág 1-10.

DEVELOPMENT OF CHOLESTEROL OXIDASE AND ESTERASE ELECTRODES FOR THEIR APPLICATION ON SELF-POWERED BIOSEONSORS

Julio César López Rivas, [1] Johannes Pedro Martínez Morales, [1] Luis Alberto Estrada Jiménez, [1] Abraham Ulises Chávez Ramírez, [2] A. Déctor, [3] Alejandra Álvarez, [1] Juan de Dios Galindo de la Rosa[1] y Vanessa Vallejo Becerra[1]* [1] Facultad de Ingeniería, División de Investigación y Posgrado, Universidad Autónoma de Querétaro, Querétaro, Qro., C.P. 76010, México. [2]Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Electroquímica, Pedro Escobedo, Qro., C.P. 76703, México. [3]CONACYT and Universidad Tecnológica de San Juan del Río, 76800, San Juan del Río, Querétaro, México. jlopez162@alumnos.uaq.mx

Palabras clave: Colesterol oxidasa, biosensor, biocelda de combustible

Introducción. Hoy en día el área de biosensores está en constante evolución, donde se busca fabricar electrodos auto-alimentables que puedan generar energía eléctrica a partir de la misma muestra a detectar Uno de los principales analitos es el colesterol debido a que es un biomarcador de diferentes enfermedades cardiovasculares. En este trabajo se realizó el desarrollo de electrodos basados en la inmovilización de la enzima colesterol oxidasa (ChOx), para aplicación en detección de colesterol y para celda de combustible microfluídica. La enzima fue inmovilizada usando enlaces covalentes con nanotubos de carbón multi-pared. Así, el pH óptimo y la temperatura para la actividad enzimática optima de la enzima inmovilizada fueron determinadas por métodos colorimétricos. Los electrodos fueron evaluados por pruebas electroquímicas, tales como la voltametría y el voltaje de circuito abierto (OCV). Estos electrodos fueron aplicados en la fabricación de una biocelda de combustible enzimática, basada en celdas de papel miniaturizadas de flujo lateral.

El objetivo general es desarrollar un electrodo de colesterol oxidasa para su aplicación en biosensores auto-alimentables para la cuantificación del colesterol.

Metodología. Se funcionalizó nanotubos de carbono multi-pared y se inmovilizó la enzima colesterol oxidasa.Evaluaron el efecto del pH y la temperatura en la actividad enzimática del ChOx, así como la termo estabilidad. Se llevó a cabo la fabricación de electrodos de ChOx (como ánodo) y Pt-C (como cátodo).

Resultados. El colesterol oxidasa es dependiente del pH con una actividad máxima en un pH cercano a 7.0. La actividad enzimática del ChOx se ha reportado que incrementa en un 62% una vez inmovilizada, en un rango de pH de 5 a 6 (1,2). Se ha reportado en la literatura que el efecto de la temperatura en la estabilidad de la ChOx muestra una actividad enzimática máxima a 50°C (1). En nuestras evaluaciones se obtuvieron los siguientes datos:

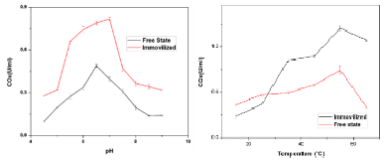


Fig. 1. Actividad enzimática obtenida a diferentes condiciones de pH y a diferentes temperaturas. Se muestra el comportamiento de la enzima en sus dos estados, inmovilizada y libre.

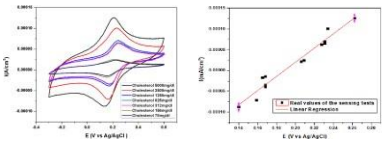


Fig. 2. Voltametría cíclica del electrodo ChOx sumergido en diferentes concentraciones de colesterol, en presencia de buffer fosfato (pH 7.0, 0.5 mM) y su curva de calibración de las pruebas de detección.

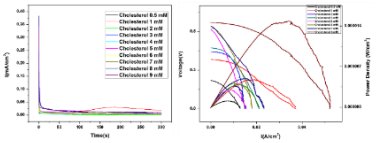


Fig. 3. Evaluación de la estabilidad de la celda de biocombustible microfluídica de papel mediante pruebas de cronoamperometría de colesterol a diferentes concentraciones, y pruebas OCP para diferentes concentraciones de colesterol, de 0.5 mM a 8mM, solución buffer.

Conclusiones. La inmovilización de la ChOx sobre NTCPM incrementa la actividad enzimática, permitiendo su uso a altas temperaturas. Se obtuvieron buenas lecturas de corriente eléctrica obtenidas de la oxidación del colesterol en comparación con las ya reportadas con una diferencia aproximada de 40 $\mu W/cm^2$ en un intervalo similar de voltajes. La celda mostró estabilidad y un comportamiento de reacción continuo de casi 180 segundos. Este trabajo presenta una buena plataforma para la detección electroquímica de colesterol y una buena alternativa para la producción de energía a partir de reacciones de oxidación y reducción

Agradecimiento. Al programa de fondos para el fomento de la cultura emprendedora**.**

Bibliografía.

Li B, Wang W, Wang FQ, Wei DZ. (2009). *Appl MicrobiolBiotechnol* 85, 1831–1838.

Lashkarian H, Raheb J, Shahzamani K, Hossein S, ShamsaraM. (2010). *Iran Biomed J*. 2. 49–57.

ENTENDIENDO EL MECANISMO DE ELONGACIÓN DE LA LEVANA SINTETIZADA POR LA LEVANSACARASA DE *Bacillus subtilis* 168

Sol Castrejón, Luis Alberto Morales, María Elena Rodríguez y Agustín López Munguía. Instituto de Biotecnología, UNAM. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis. Cuernavaca, Morelos. CP 62210.
sol.castrejon@ibt.unam.mx

Palabras clave: L evansacarasa, polisacárido, ingeniería de proteínas

Introducción. La levansacarasa (EC2.4.1.10) codificada en *Bacillus subtilis* por el gen *sacb* (*Bs*-SacB), es una enzima que pertenece a la familia 68 de las Glicosil Hidrolasas (GH68). En presencia de sacarosa sintetiza levana, un polímero de fructosas unidas mediante enlaces β 2–6. Se ha demostrado que el peso molecular que alcanzan las levanas sintetizadas por *Bs*-SacB depende, entre otros factores, de la concentración de enzima, alcanzando pesos moleculares de varios millones de Daltons a concentraciones equivalentes a
0.1 U/mL mientras que por arriba de 10.0 U/mL la enzima sintetiza levana de bajo peso molecular[1]. De un estudio de acoplamiento molecular entre *Bs*-SacB y fructosa, encontramos dos distintas áreas de interacción en la superficie de la enzima, que denominamos: SEUF-1 y SEUF-2[2]. Suponemos que el efecto de la concentración de enzima en la distribución de pesos moleculares de la levana, es consecuencia de interacciones proteína proteína (IPP). El objetivo de este trabajo es demostrar que existen IPP en la reacción de *Bs*-SacB con sacarosa y analizar la participación de los SEUF en la distribución de peso molecular de la levana obtenida en la reacción, afectando dichas interacciones.

Metodología. Se sintetizó la levana empleando la enzima inmovilizada, para observar el producto en ausencia de IPP. Para estudiar la IPP se realizó el ensayo de transferencia de energía de resonancia de Förster (FRET). Por otro lado, para demostrar la participación de los SEUF en dichas interacciones se seleccionó un aminoácido participante en la interacción con fructosa de cada uno de los dos SEUF identificados. Se aplicó el método de mutagénesis dirigida QuikChange para obtener las variantes. El análisis de la distribución del peso molecular de la levana se llevó a cabo en un sistema de permeación en gel (GPC) por medio de cromatografía de exclusión de tamaño con índice de refracción (SEC-RI).

Resultados. La figura 1.A corresponde al efecto de la inmovilización de Bs-SacB, que resulta en la producción de levana de alto peso molecular. En la figura 1.B se presentan los resultados de FRET, donde se muestra una posible IPP determinada por la disminución de la fluorescencia del donador y un incremento en la fluorescencia del aceptor. Por último, en la figura 1.C se incluye la distribución del peso molecular de la levana producida por las variantes obtenidas. Se puede observar que las variantes producen levana de alto peso molecular a altas concentraciones de enzima equivalentes a 10 U/mL.

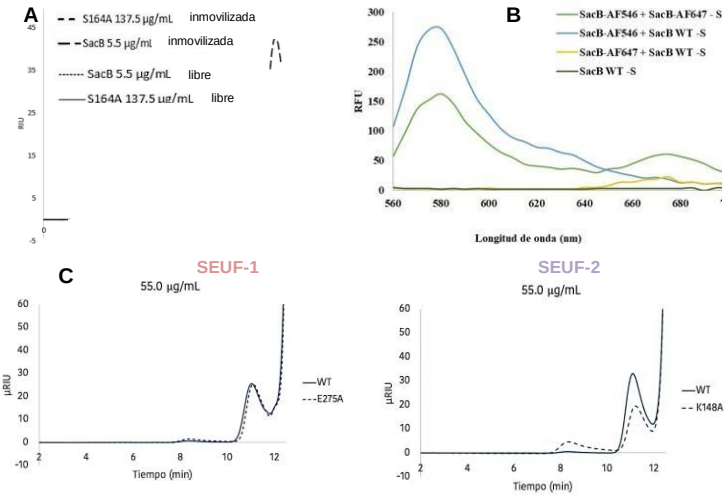


Fig. 1.A) Cromatograma de permeación en gel que muestra el efecto de la concentración de proteínas y la inmovilización sobre el tamaño de la levana. B) Espectros de emisión de fluorescencia de AF546-SacB (donador), AF647-SacB (aceptor) y mezcla. C) Distribución del peso molecular de la levana producida por *Bs*-SacB (líneas continuas) y mutantes (líneas punteadas),empleando una concentración de 100 g/L de sacarosa, a 37ºC y pH 6. Reacciónccon 55.0 µg/mL de enzima equivalente a 10 U/mL.

Conclusiones. Mediante el ensayo de FRET se obtuvieron posibles evidencias de una interacción proteína-proteína. Este resultado puede explicar la influencia de la concentración de enzima y de otros parámetros en la especificidad de reacción, ya que cualquier condición que las impide, da lugar a la síntesisde levana de alto peso molecular. Las variantes obtenidas de la levansacarasa *Bs*-SacB: E275A (SEUF-1) y K148A (SEUF-2), diseñadas a partir de estudios de acoplamiento molecular, contribuyen a la producción preferente de levana de alto peso molecular. SEUF-1 y SEUF-2 podrían ser entonces sitios en los que ocurra la posible IPP que conlleva a una probable competencia por las cadenas de fructosa en crecimiento durante la polimerización, dando lugar a levana debajo peso molecular.

Agradecimiento. Este proyecto fue apoyado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología mediante la beca de maestríacon número 958042 y se desarrolló en el marco del proyecto de Ciencia Básica CONACYT AS-S-21209, sobre funcionalidad deglicosiltransferasas.

Bibliografía

Raga-Carbajal, E. *et al.* (2016). *Glycobiology. 26,* 377–385.

Ortiz-Soto, M. E. *et al.* (2020). *Int. J. Biol. Macromol.* 161, 898–908.

DETERMINACIÓN *IN SILICO* DE LA SOLUBILIDAD DE LAS PEPTIDIL-PROLIL ISOMERASASDE *TRYPANOSOMA CRUZI*: TcCyP19, TcCyP22 Y TcCySEC

C Daniel Jiménez-Guerra, Gerardo Reséndiz Cardiel, Aurora Antonio-Pérez, Rosa Elena Cárdenas Guerra, Jaime Ortega López, Centro de Investigación y Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, Ciudad de México CP 07360.
daniel.jimenezguerra@cinvestav.mx

Palabras clave: PPIasa, Ciclofilinas, Trypanosoma cruzi, cis/trans isomerización

Introducción. La mayor limitante de la expresión de proteínas recombinantes en *Escherichia coli* es la agregación de proteína mal plegada en cuerpos de inclusión[1]. Estudios previos sugieren que en proteínas con gran numero de prolinas, la cis/trans isomerización de los enlaces que preceden a la prolina es un paso limitante para su correcto plegamiento. *In vivo* esta isomerización es catalizada por las Peptidil-Prolil cis- trans Isomerasas (PPIasa) o ciclofilinas[2-4]. El antígeno vacunal TSA-1 de *Trypanosoma cruzi* contiene un gran número de prolinas y solo se expresa de manera eficiente en *E. coli* en cuerpos de inclusión. Se ha propuesto que PPIasas del propio parásito asisten su replegamiento eficientemente.

Objetivo: determinar *in silico* la solubilidad de tres PPIasas de *T. cruzi* para su posterior expresión y caracterización enzimática.

Metodología. Se seleccionaron las PPIasas TcCyP19, TcCyP22 y TcCySEC de *T. cruzi*. A partir de su secuencia de aminoácidos se realizó una análisis *insilico* de estas ciclofilinas que incluyó: BLAST, Alineamiento de Secuencias Múltiple (MSA) entre las PPIasas objetivo y PPIasas ya cristalizadas de otros organismos, determinación de parámetros fisicoquímicos, modelado por homología en tres servidores, refinamiento y validación de cada modelo, y finalmente la determinación de la solubilidad y agregación de cada secuencia y de su dominio PPIasa. La TcCySEC, conocida también como TcMIP, ya ha sidocristalizada (PDB ID 1JVW), por lo que el modelo 3D reportado en el PDB se usó como referencia para la predicción de solubilidad y agregación.

Resultados. Los modelos 3D de TcCyP19 y TcCyP22 obtenidos, se optimizaron y validaron usando diferentes servidores disponibles. En la Figura 1 se muestran los modelos 3D de TcCyP19, TcCyP22 y TcCySEC con su dominio PPIasa en color cian. Los modelos 3D de las tres ciclofilinas se usaron para la predicción de solubilidad y agregación. Los valores obtenidos (Tabla 1) sugieren que las tres proteínas se expresan en forma soluble en

E. coli. La expresión de TcCyP19 y TcCyP22 permitirá validar esta predicción, se conoce que TcCySEC se expresa en forma soluble. Se cuenta con genes sintéticos para demostrar la expresión de las ciclofilinas.

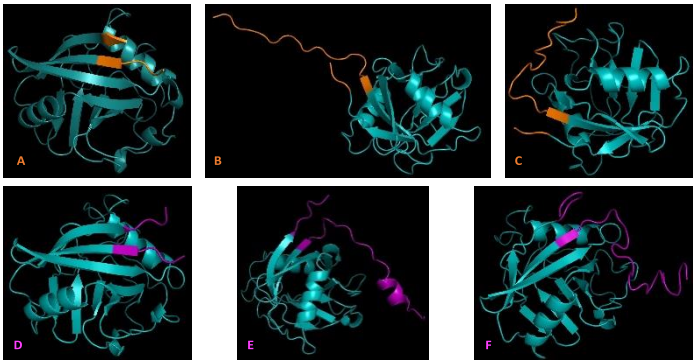


Fig. 1. Modelo 3D de TcCyP19 y TcCyP22 obtenidos en los servidoresSwissModel (A, D), trRosetta (B, E) y I-TASSER (C, F). El dominio de PPIasa se indica en color cian.

Tabla 1. Solubilidad y Agregación de tres Ciclofilinas de *T. cruzi.*

	Solubilidad[b]			Agregación[c]		
Modelo 3D[a]	TcCyP 19	TcCyP 22	TcCyS EC	TcCyP 19	TcCyP 22	**TcCyS EC**
1	0.547	0.846		-0.841	-0.865	
2	0.563	0.677	2.363	-0.831	-0.777	**-1.270**
3	**0.563**	**0.677**		**-0.789**	**-0.719**	

a Los modelos 3D se generaron en 1) Swiss-Model, 2) trRosetta, 3) I-TASSER.**b** Solubilidad estimada con CamSol (Soluble > 0.0). **c** Agregación estimada con Aggrescan3D (Agregación > 0). En la TcCySEC se utilizo el modelo cristalizado PDB ID 1JVW.

Conclusiones. El análisis *in silico* de las proteínas TcCyP19, TcCyP22 y TcCySEC sugiere que sonPPIasas que pueden expresar en forma soluble en *E. coli*.

Agradecimiento. Para la realización de este trabajo se contó con el apoyo del Cinvestav (FIDSC2018/268), CONACYT (269657, A1-S34224,) y CONACyT para estudios de maestría DJG (Nº CVU 289362).

Bibliografía.

Antonio-Pérez A, Rivera-Hernández T, Aldaz-Martínez LM,Ortega-López J.(2012). *Biotech and Biopr Eng*. vol(17):703-710.

Resendiz-Cardiel G, Arroyo R, Ortega-Lopez J. (2017). Prot Expr Purif. vol (134):104-13.

Rego JV, Duarte AP, Liarte DB, de Carvalho Sousa F, Barreto HM, Bua J, et al.(2015). Exp Paras. vol (148):73-80.

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi; www.rcsb.org; www.ebi.ac.uk; https://web.expasy.org/protparam/

https://www-cohsoftware.ch.cam.ac.uk/index.php; http://biocomp.chem.uw.edu.pl/A3D2/

EXPRESIÓN DE GLICOSILTRANSFERASAS DE *Leuconostoc mesenteroides* ATCC 8293 ENCONDICIONES DE ANOXIA

Luz Cristina Vallejo-García, María Elena Rodríguez-Alegría, Agustín López-Munguía Canales.
Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM.
Av. Universidad 2001, Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, CP 62210.
cristina.vallejo@ibt.unam.mx

Palabras clave: glicosiltransferasas, exopolisacáridos, cultivo aerobio

Introducción. Las cepas del género *Leuconostoc* producen una o más Glicosiltransferasas (GTFs), enzimas que, en presencia de sacarosa como sustrato producen Exopolisacáridos (EPS). Aunque no está plenamente demostrado, existe la hipótesis de que éstos polímeros se producen como respuesta a condiciones ambientales hostiles, para proteger a las bacterias[1]. En algunas cepas del género, se ha determinado que los EPS absorben a las especies reactivas de oxígeno (ERO), contendiendo con la oxidación y mejorando la viabilidad de la bacteria[2], mientras que en otras cepas, se ha reportado que un ambiente de CO_2 incrementa la producción de EPS[3] por lo que el efecto parece específico para cada cepa. El genoma de la cepa *Ln. mesenteroides* ATCC 8293 contiene 6 secuencias correspondientes a GTFs [4] sin que hasta la fecha se haya reportado el mecanismo de regulación de las mismas.

En este trabajo exploramos la producción de las GTFs dela cepa mencionada, en cultivos aerobios y anaerobios.

Metodología. Se usaron botellas de vidrio de 150 mL con 50 mL de medio Lm y 20 g/L de sacarosa, para todos los cultivos. En los cultivos aerobios se usaron tapones de gasa y algodón que permiten el intercambio de oxígeno con la atmósfera; mientras que en los cultivos anaerobios el oxígeno se desplazó con una mezcla 80:20 de N_2:CO_2 y se emplearon tapones de silicón con sello de aluminio para evitar la entrada de oxígeno. Se realizaron 4 cultivos secuenciales en condiciones anaerobias para asegurar la ausencia total de oxígeno en el último cultivo. Al final de la fase exponencial, se centrifugó el cultivo y se recuperaron las células. Se determinó actividad enzimática por el método de DNS y proteína por el método de Lowry. Se cargaron 200 µg deproteína en un gel SDS-PAGE 10% que fue tratado con Tween 80 al 1% al final de la corrida. El gel se incubó a 28°C con una solución de sacarosa 50 g/L por 24h. Al final, se tiñó con reactivo de Schiff para detectar elpolímero asociado con la actividad GTF.

Resultados. Los zimogramas correspondientes a los cultivos aerobios y anaerobios se muestran en la Fig. 1 donde es obvia la presencia de las GTFs independientemente de las condiciones de cultivo empleadas o del número secuencial del cultivo.

Dado que no se observó diferencia en los zimogramas, solo sedeterminó la actividad global de las bacterias del último cultivosecuencial (“IV” en aerobio y “4” en anaerobio). Tampoco en este caso se encontró diferencia significativa en la actividad enzimática inducida ni en la proteína total en ambos experimentos (Tabla 1).

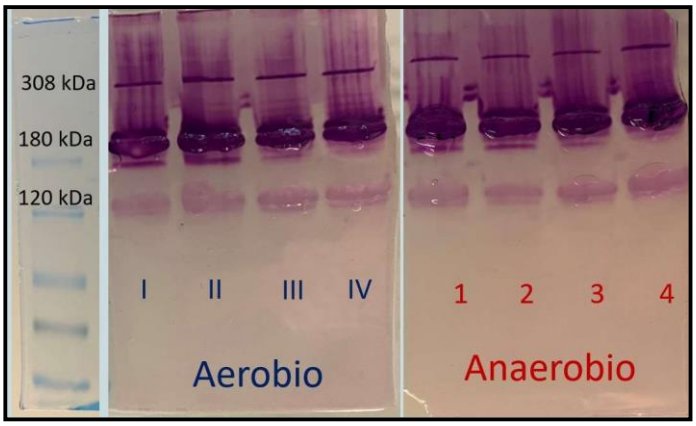


Fig. 1. Zimogramas de los cultivos secuenciales en diferentes condiciones. La numeración representa la secuencia de los cultivos.

Tabla 1. Actividad global de las células del cultivo final de ambascondiciones.

Condición del Cultivo	Actividad (U/mL)	Proteína (µg/mL)	U/µg proteína
Aerobio(IV)	1.85 ± 0.1	193.1 ± 9.2	**0.096 ± 0.001**
Anaerobio (4)	**1.92 ± 0.3**	**195.8 ± 2.2**	**0.098 ± 0.001**

Conclusiones. En el caso de la cepa *Ln. mesenteroides*ATCC 8293, la presencia o ausencia de oxígeno duranteel cultivo no tiene efecto sobre la actividad y la producción de las enzimas. La síntesis de GTFs como respuesta a la presencia o ausencia de oxígeno podría ser particular a cada cepa.

Agradecimientos. Beca CONACyT No. 477574, Proyecto CONACyT: A1-S-21209.

Bibliografía.

Versluys, M., Kirtel, O., Toksoy-Öner, E. & Van den Ende, W (2018). Plant Cell Environ. **41**, 16–38.

Yan, M. et al. (2018). Front. Microbiol. **9**, 1–10.

Dror, B. et al. (2019). Appl. Environ. Microbiol. **85**, 1–13.

Olvera, C., Centeno-Leija, S. & López-Munguía, A. (2006). Antonie van Leeuwenhoek, Int. J. Gen. Mol. Microbiol. **92**, 11–20.

LAS PEPTIDIL-PROLIL-*CIS-TRANS* ISOMERASAS TvCyP1 y TvCyP2 DE *Trichomonas vaginalis* SON POTENCIALES CATALIZADORES PARA REPLEGAMIENTO ASISTIDO DE PROTEÍNAS

Verónica Aranda-Chan[1] , Gerardo Reséndiz-Cardiel[1] , Octavio Montes-Flores[1] , Rossana Arroyo[2] , Jaime Ortega-López[1] . [1] Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, [2]Departamento de Infectómica y Patogénesis Molecular. CINVESTAV-IPN. Zacatenco, Ciudad de México, C.P. 07360.
veronica.aranda@cinvestav.mx

Palabras clave: PPIasas, Trichomonas vaginalis, replegamiento asistido

Introducción. Las peptidil-prolil cis-trans isomerasas (PPIasas) o cilofilinas son enzimas ubicuas responsables de la isomerización cis-trans de los enlaces amido propil en el plegamiento de las proteínas. En el parásito protozoario Trichomonas vaginalis, se ha demostrado in vivo que los ortólogos de la PPIasa humana (hPPIasa) TvCyP1 y TvCyP2 catalizan la isomerización de enlaces -gly-pro- (1). Lo anterior sugiere que in vitro podrían asistir el replegamiento de proteínas recombinantes de parásitos que en su secuencia contiene un gran número de prolinas y se expresan en E. coli solo como cuerpos de inclusión. Para determinar su potencial uso como catalizadores en el replegamiento de proteínas, es necesario expresarlas de manera recombinante y caracterizar su actividad enzimática de PPIasas. El objetivo de este trabajo es analizar in silico las propiedades de las proteínas TvCyP1 y TvCyP2 de T. vaginales, expresarlas en E.coli para posteriormente evaluar su uso en el replegamiento de proteínas de parásito de difícil expresión. **Metodología.** La secuencia de aminoácidos y estructura 3D reportadas de la TvCyP1 y TVCyP2 se usaron para predecir las propiedades físico-químicas, identificar las regiones propensas a la agregación y estimar su solubilidad en la plataforma de expresión de E. coli usando softwares disponibles en la red (AggreScan, ProteinSol, CamSol, Solart, SoDoPe) (2). Para la expresión de la TvCyP1, E. coli BL21 (DE3) trasformada con el plásmido pET28aTvCyP1) se creció a 37 C en medio LB y se indujo con 0.5 mM de IPTG a 0.6-0.7 de OD600nm y la expresión de la TvCyP1 se analizó mediante SDS-PAGE.

Resultados. Los parámetros Físico-químicos muestran proteínas pequeñas, estables, de carácter ligeramente básico y potencialmente hidrofílicos. El alineamiento de secuencias entre ambas ciclofilinas (muestra un porcentaje de Identidad del 67.43%. Las estructuras 3D de la TvCyP1 y TvCyP2 (figuras 1A y 1B) muestran zonas más propensas de agregación en ambas proteínas en el extremo N-t. La superposición de su estructura secundaria (figura 1C) y el análisis de secuencias en 3-D resalta grandes similitudes y algunas diferencias en el sitio activo. La comparación de los valores de solubilidad obtenidos para TvCyP1 y TvCyP2 se ubicaron en una escala intermedia al compararlos con los valores estimados para dos proteína de parásitos protozoarios expresadas en E.coli, una en forma soluble (Tc24) y otra en cuerpos de inclusión (TvLegu-1) (3,4) . Lo anterior sugiere que al menos una fracción de ambas proteínas se expresará en forma soluble en E. coli. En la figura 1D se muestra el perfil electroforético de la expresión de TvCyP1, donde se puede observar que aproximadamente 50 % de la proteína recombinante se expresa en forma soluble. .

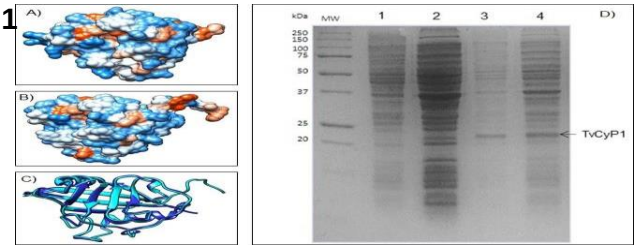


Fig. 1. Expresión en E. coli de la TvCyP1 de T. vaginalis. Estructura 3D de la TvCyP1 (A) y TvCyP2 (B) y comparación estructural por superposición de TvCyP1 (azul oscuro) y TvCyP2 (azul claro) (C). D) Perfil electroforético de la expresión de TvCyP1 en E.coli BL21 (DE3). Antes (carril 1) y después de la 16h (carril 2) de inducción con 0.4 mM de IPTG.: Fracciones soluble (carril 3) insoluble (carril 4), MW marcadores de peso molecular.

Conclusiones. La expresión de TvCyP1 de aproximadamente 50% en la fracción soluble es consistente con las estimaciones de solubilidad in silico y podría ser factible de mejorar modificando condiciones de inducción o los potenciales sitios de agregación en el extremo N-t. Las diferencias en secuencia y estructura en el sitio activo entre ambas enzimas sugieren diferencias en la actividad de PPIasas.

Agradecimiento. Para la realización de este trabajo se contó con el apoyo del Cinvestav-IPN (FIDSC2018/268), CONACYT (269657, A1-S34224,) y de la Fundación Carlos Slim (SLIM-W04.PO5600999400), y becas CONACyT para estudios de doctorado VSAC (Beca No. 762544). Al Dr. J. Tai por la donación de plásmidos para la expresión de TvCyP1 y TVCyP2.

Bibliografía.

Hsu, H., et al., (2014). J. Biol. Chem., 289(27), 19120–19136. 2. biocomp.chem.uw.edu.pl/A3D2; protein-sol.manchester.ac.uk; vendruscolo.ch.cam.ac.uk/camsolmethod; babylone.ulb.ac.be/SOLART; tisigner.com/sodope/faq 3. 3. Martinez-Campos, V., et al., (2015). Vaccine. 33(36), 4505–4512. 4. 4. Reséndiz-Cardiel, G., Arroyo, R., & Ortega-López, J. (2017). Protein Expr. Purif. 134, 104–113.

EFECTO DE DIVERSAS FUENTES DE CARBONO SOBRE LA EXPRESIÓN DE LAS GLICOSILTRANSFERASAS DE *Leuconostoc mesenteroides* ATCC 8293

Luz Cristina Vallejo-García, María Elena Rodríguez-Alegría, Agustín López-Munguía Canales. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM. Av. Universidad 2001, Chamilpa, Cuernavaca,Morelos, CP 62210.
cristina.vallejo@ibt.unam.mx

Palabras clave: PPIasas, glicosiltransferasas, fuentes de carbono

Introducción. Las cepas del género *Leuconostoc* producen una o más Glicosiltransferasas (GTFs) y tienen hábitats muy diversos, donde se encuentra una diversidad de azúcares y otros compuestos, que puedenusar como fuentes de carbono. Tal es el caso de la cepa *Ln. mesenteroides* ATCC 8293 cuyo genoma contiene 6 secuencias de GTFs[1]. Con anterioridad se estableció que la sacarosa induce su expresión cuando está presente como fuente de carbono (FC) en el medio de cultivo[2]. En este trabajo se explora el efecto del uso de diversos azúcares sobre la expresión de estas las GTFsanalizadas mediante zimogramas.

Metodología. Se analizó el efecto de las siguientes FC: sacarosa (Sac), fructosa (Fru), glucosa (Glu), xilosa (Xil), galactosa (Gal), manosa (Man), celobiosa (Cel) y ác. Ascórbico (Asc), en concentración 59 mM en elmedio de cultivo, incluyendo un control con únicamente extracto de levadura (s/c). Se realizaron tres ciclos de cultivo en placa Petri y dos ciclos en matraz con cada FCpara asegurar la ausencia de FC de cultivos previos. La cepa se cultivó a 28°C, con una agitación de 200 rpm en caso de los matraces. El cultivo se centrifugó al final de la fase exponencial y se recuperaron las células. Se determinó actividad enzimática por el método de DNS y proteína por el método de Lowry. Se cargaron 200 µg deproteína en un gel SDS-PAGE 10% que fue tratado con Tween 80 al 1% al final de la corrida. El gel se incubó a 28°C con una solución de sacarosa 50 g/L por 24h. Al final, el gel se tiñó con reactivo de Schiff para detectar polímero resultado de la actividad GTF.

Resultados. En la Fig.1 se muestran los zimogramas obtenidos en cultivos con las diversas FC. Se observan al menos 5 bandas correspondientes a la actividad GTF.En los cultivos con Xil y Asc no se observa la banda correspondiente a una GTF de 308 kDa presente en todas las demás. A diferencia del resto de las FC, Xil y Asc comparten parte de la vía de la interconversión pentosa-glucoronato, antes de integrarse a la vía de la glicólisis. Es probable entonces que en esta parte de la vía se ubique el mecanismo de regulación de la GTF. Al analizar la actividad global de las GTFs (Fig. 2), está claro que indistintamente de la FC utilizada, se detectó actividad, lo que lleva a una nueva discusión sobre el papel de la sacarosa como inductor para todas las GTFs deesta cepa y el rol de la Xil.

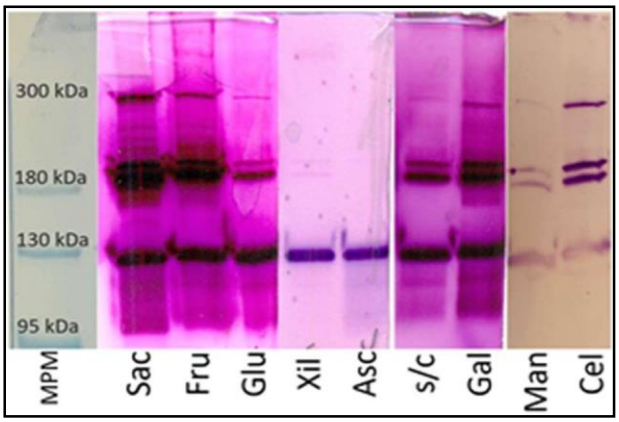


Fig. 1. Zimogramas de las células crecidas en diferentes FC.

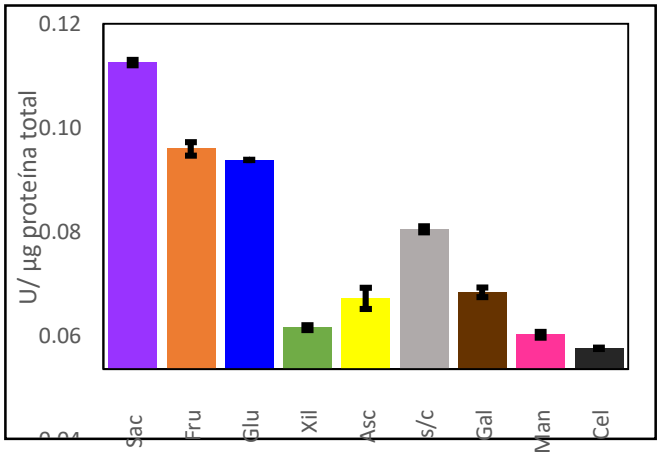


Fig. 2. Actividad global de las GTFs en las células de la cepa endiferentes FC.

Conclusiones. En Xil y Asc no se observó una de las GTFs. Creemos que el mecanismo de regulación de la enzima, está relacionado con la vía de interc. pentosa- glucoronato. Hay que replantear el papel de la sacarosacomo inductor de las GTFs, al menos en esta cepa.

Agradecimiento. Beca CONACyT No. 477574, Proyecto CONACyT: A1-S-21209

Bibliografía.

Olvera, C., Centeno-Leija, S. & López-Munguía, A. (2006) Antonie van Leeuwenhoek, Int. J. Gen. Mol. Microbiol. **92**, 11–20.

Monsan, P. et al. (2001). Int. Dairy J. **11**, 675–685.

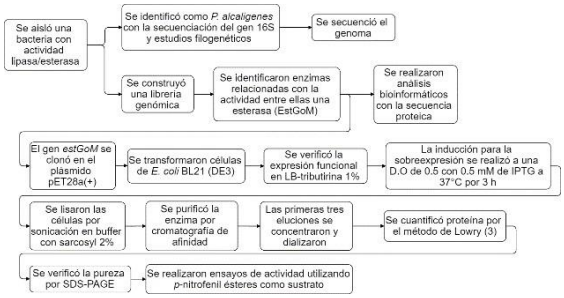
CARACTERIZACIÓN DE UNA NUEVA ESTERASA GDSL CON AUTOTRANSPORTADOR Y TERMOESTABILIDAD DE *Pseudomonas alcaligenes* AISLADA A 1000 METROS DE PROFUNDIDAD DEL GOLFO DE MÉXICO

Itzel Anahí Hidalgo-Manzano[1,2], José Luis Rodríguez-Mejía, Luis Felipe Muriel-Millán, Nancy Rivera-Gómez, Edmundo Castillo-Rosales, Liliana Pardo-López[1], [1]Instituto de Biotecnología UNAM, [2]Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca Morelos C.P 62210.
itzel.hidalgo@ibt.unam.mx

Palabras clave: Ambiente marino, enzima, esterasa-GDSL

Introducción. El ambiente marino cubre más del 70% de la superficie del planeta albergando diversas formas de vida, particularmente, una gran diversidad de microorganismos que son un reservorio de enzimas con potenciales aplicaciones biotecnológicas. La búsqueda de enzimas estables y activas en condiciones extremas de reacción ha llevado a la exploración de hábitats propiamente extremos como el marino, cuyas condiciones fisicoquímicas han permitido el aislamiento de enzimas con propiedades catalíticas novedosas. Las esterasas (EC 3.1.1.1), que son enzimas que catalizan la ruptura y formación de enlaces éster, presentan amplia especificidad de sustrato, estabilidad en disolventes orgánicos y no requieren cofactores (1). Son consideradas catalizadores atractivos con aplicaciones en la elaboración de alimentos, fármacos, detergentes y biorremediación (2). En el presente trabajo se aisló una bacteria de 1000 m del fondo marino y a través de una librería genómica se encontró una nueva esterasa con características biotecnológicas relevantes.

Metodología.



Resultados. Con una librería genómica se identificó una esterasa denominada EstGoM (Fig.1a). Se trata de una proteína de 633 aa (67 kDa) con dos dominios: hidrolasa y autotransportador (Fig.1b). Ha sido clasificada como un nuevo miembro de la familia GDSL/SGNH de enzimas lipolíticas (Fig.1c) (4). El modelamiento de su estructura tridimensional se muestra en la Fig.1d. La enzima se expresó exitosamente en *E. coli* y se purificó parcialmente (Fig.2a). La purificación fue de 14.9 veces con un rendimiento del 8.9% (Fig.2b). Presentó actividad en un amplio rango de temperaturas (10-75°C) siendo la óptima de 60°C, pH óptimo de 9.0 (Fig.3b) y actividad en presencia de detergentes (Fig.3c) y NaCl (Fig.3d).

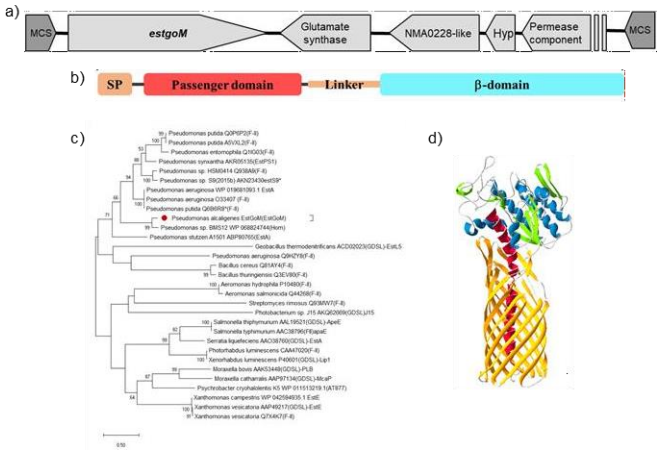
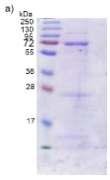


Fig. 1. a) contexto genómico de EstGoM, b) representación esquemática de los dominios proteicos, c) árbol filogenético de clasificación, d) modelamiento de estructura tridimensional.



b)

Pasos de purificación	Volumen (mL)	Actividad volumétrica (U/mL)	Actividad total (U)	Proteína total (mg/mL)	Actividad específica (U/mg)	Rendimiento (%)	Fracción pura
Extracto total	6	1.2	7.2	5.6	0.2	100	1
EstGoM purificada	0.4	1.6	0.64	0.5	3.2	8.9	14.9

Fig. 2. a) SDS-PAGE de EstGoM, b) tabla de purificación.

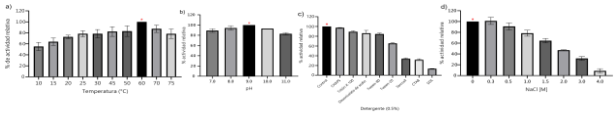


Fig.3. Resultados de caracterización bioquímica.

Conclusiones. Se caracterizó una nueva esterasa GDSL/SGNH marina con potencial aplicación en un amplio rango de temperaturas, pH alcalino y en presencia de detergentes.

Agradecimiento. Fondo sectorial CONACYT-SENER-Hidrocarburos proyecto 201441. Programa UNAM- PAPIIT IN207019. Programa PAPIIT-UNAM IT200220.

Bibliografía.

Barzkar, N., Sohail, M., Tamadoni-Jahromi, S., *et al*. (2021). *Appl Biochem Biotechnol.* 193: 1187–1214.

Huo, Y.Y, Rong, Z., Jian S., *et al*. (2017). *Front. Microbiol.* 8: 2315.

Lowry, O.H., Rosenbrough, N.J; Farr, A.L., Randall, L.J. (1951). *JBiol Chem*. 193: 265-275.

Kovacic, F. (2019). En: *Aerobic Utilization of Hydrocarbons, Oils,and Lipids.* Rojo, F. Springer Nature. 255-289.

SÍNTESIS ENZIMÁTICA DEL ÉSTER FENETÍLICO DEL ÁCIDO CAFEICO EN MICROEMULSIONES

Fernanda Melissa Solís Villafranco[1], María Alejandra Pichardo Sánchez[2], Rodolfo Torres de los Santos[1],Guadalupe Bustos Vázquez[1], Luis Víctor Rodríguez Durán[1].
[1]Universidad Autónoma de Tamaulipas, Unidad Académica Multidisciplinaria Mante, Cd. Mante, Tamaulipas, C.P. 89840. [2]Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Cd. de México, C.P. 09340.
luis.duran@docentes.uat.edu.mx

Palabras clave: CAPE, Clorogenato hidrolasas, Transesterificación

Introducción. El éster fenetílico del ácido cafeico (CAPE, por su nombre en inglés) tiene importantes actividades biológicas que benefician a la salud humana, tales como: actividad antioxidante, antiinflamatoria, antiviral, inmunomodulatoria, anti-angiogénica, antiinvasiva, anti-metastásica, carcinostática, neuroprotectora, hepatoprotectora y cardiopotectora (1). Actualmente, el CAPE se extrae de fuentes naturales, como el propóleo. El proceso es sencillo, pero lento y costoso. La síntesis química mediante la esterificación ente el ácido cafeico (AC) y elalcohol fenetílico (AF) es lenta (hasta 4 días) y con bajosrendimientos (38-40%). La síntesis enzimática tiene altos rendimientos (90-100%). Sin embargo, la reacción es lenta (48-60 h) y requiere de grandes cantidades de biocatalizador (15-18 mg /mg de AC) (2).

El objetivo de este trabajo fue evaluar la síntesis enzimática de CAPE por reacciones de esterificación y transesterificación en un sistema de microemulsiones.

Metodología. Se estudiaron las reacciones de esterificación entre AC y AF y de transesterificación entre ácido clorogénico (ACL) y AF. Se utilizó una hemicelulasa comercial de *Humicola insolens* (Novozymes NS22002), la cual tiene actividad clorogenato hidrolasa de 17.7 U/mL. Así como un extracto enzimático crudo producido por *Aspergillus niger* CR1 (ANCR1). La enzima se produjo en fermentación en estado sólido usando un medio de cultivo con ácido clorogénico como única fuente de carbono y agrolita como soporte inerte. La enzima se extrajo con agua destilada, se filtró a través de membranas de nylon de 0.2 µm y se concentró porultrafiltración. Las reacciones se en una microemulsión agua-AOT-isooctano con una relación molar agua/AOT de 10. Las mezclas de reacción (4 mL) se colocaron en viales ámbar de 8 mL con tapa de rosca. Los viales se incubaron a 50 °C durante 12 h con agitación magnética. Se tomaron muestras periódicamente las cuales se analizaron por HPLC.

Resultados. Ambas enzimas (NS22002 y ANCR1) catalizaron las síntesis de CAPE mediante reacciones de esterificación y transesterificación (Fig 1 y 2).

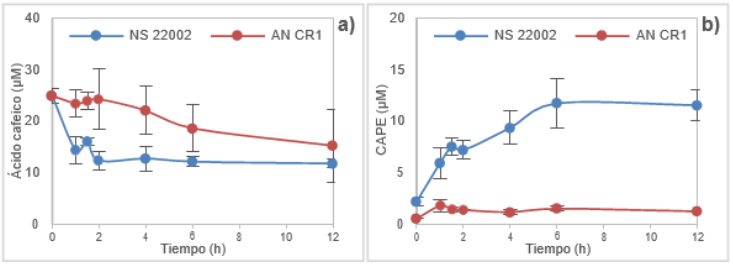


Fig. 1. Consumo de sustrato (a) y formación de producto (b) durante las reacciones de esterificación.

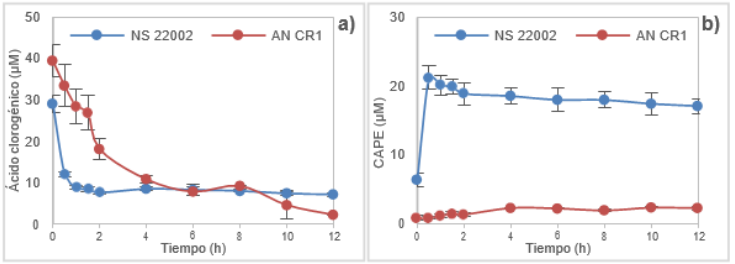


Fig. 2. Consumo de sustrato (a) y formación de producto (b) durante las reacciones de transesterificación.

La mayor conversión (0.94 ± 0.01) se obtuvo en la reacción de transesterificación catalizada por el extractoenzimático crudo. El mayor rendimiento (0.71 ± 0.13) sealcanzó en la reacción de esterificación catalizada por laenzima comercial.

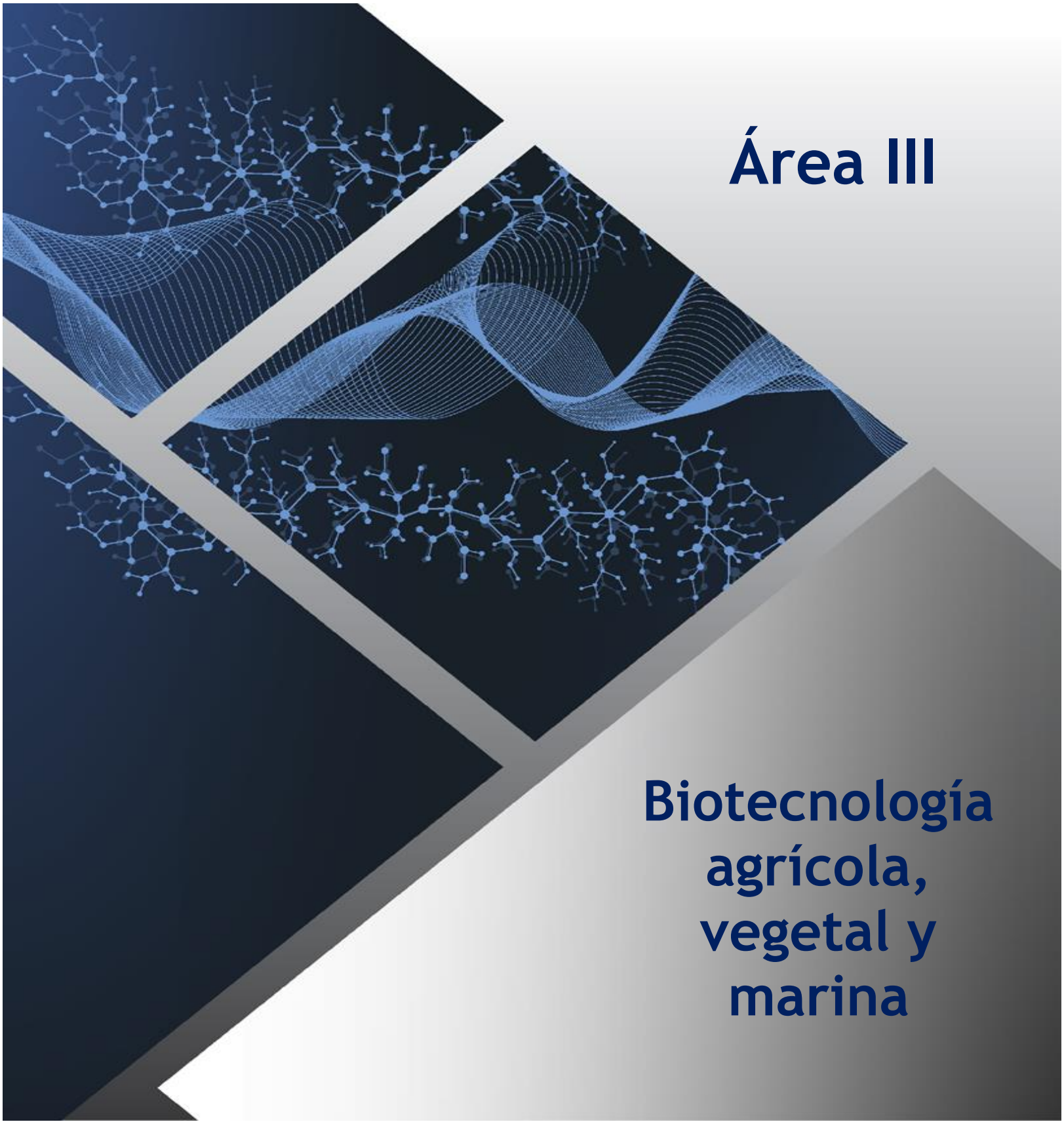
Conclusiones. Las enzimas con actividad clorogenato hidrolasa (NS22002 y ANCR1) catalizan la síntesis de CAPE mediante reacciones de esterificación y transesterificación en un sistema de microemulsión agua-AOT-isooctano.

Agradecimiento. Al proyecto SEP-CONACYT Ciencia Básica A1-S-29456.

Bibliografía.

1. Tolba, M.F., Azab, S.S., Khalifa, A.E., Abdel-Rahman, S.Z. & Abdel-Naim, A.B. (2013). IUBMB Life 65(8): 699-709.

2. Widjaja, A., Yeh, T.-H. & Ju, Y.-H. (2008). J. Chin. Inst.Chem. Eng. 39(5): 413-418



Área III

Biotecnología agrícola, vegetal y marina

Contenido

Bacillus velezensis 83 PRODUCE ACETOÍNA EN LA RAÍZ DE *Arabidopsis thaliana* COMO INDUCTOR DE RESISTENCIA A *Botrytis cinerea*
Eduardo Martínez Terrazas, Mario Serrano, Ángel Arturo Guevara Garcia, Leobardo Serrano-Carreón, Enrique Galindo 69

PRODUCCIÓN DE ÁCIDO EICOSAPENTAENOICO EN *Phaeodactylum tricornutum* UTEX 646 EN FUNCIÓN DEL pH EN CULTIVOS MIXOTRÓFICOS
Tania Castillo, Diego Ramos, Enrique Galindo 70

SOIL MINERALOGY AFFECTS ORGANIC ACID PRODUCTION AND PHOSPHORUS SOLUBILIZATION EFFICIENCY MEDIATED BY SEVERAL NATIVE *Trichoderma* AND *Aspergillus* FROM MEXICO
Dorcas Zúñiga Silgado, Jorge Luis Folch Mallol 71

CAMBIOS HISTOLÓGICOS Y CONTENIDO DE COMPUESTOS FENÓLICOS EN *Castilleja tenuiflora* CULTIVADA *IN VITRO* AL APLICAR VANILLINA Y H_2O_2
Guadalupe Salcedo, Edith Montes, Gabriela Trejo 72

CAMBIOS FISIOLÓGICOS EN PLANTAS DE *Castilleja tenuiflora* EN UN SISTEMA DE HIDROPONIA DESPUÉS DE APLICAR VANILLINA Y H_2O_2 EN CONDICIONES IN VITRO
Guadalupe Salcedo Morales, Israel Gutiérrez Salcedo y Gabriela Trejo Tapia 73

Bacillus velezensis 83 vs *Colletotrichum gloeosporioides*: ESTRATEGIAS DE DEFENSA Y DE ATAQUE
Agustín Luna-Bulbarela, Raunel Tinoco-Valencia, María Teresa Romero-Gutiérrez, María Esperanza Martínez-Romero, Enrique Galindo, Leobardo Serrano-Carreón 74

LA SIMBIOSIS MICORRÍCICA ARBUSCULAR PROMUEVE EL DESARROLLO DE TRICOMAS Y LA ACUMULACIÓN DE COMPUESTOS FENÓLICOS EN *Stevia rebaudiana*
Luis Gerardo Sarmiento López, Melina López Meyer, Gabriela Sepúlveda Jiménez, Luis Cárdenas Torres, Mario Rodríguez Monroy 75

Bacillus cereus MH778713 HIPERTOLERANTE A CROMO COMO HERRAMIENTA PARA LA REHABILITACIÓN DE ZONAS CONTAMINADAS CON METALES
Verónica Ramírez, Javier Martínez, José-Antonio Munive, Antonino Baez 76

DETERMINACIÓN DE FENOLES TOTALES Y ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE EXTRACTOS DE CÁSCARA DE AJO (*Allium sativum*)
Itzel Yoali Hernández Montesinos, David Fernando Carreón Delgado, Karla Nallely Rivera Hernández, Ma. del Sugeyrol Villa Ramírez, Carolina Ramírez López 77

INHIBICIÓN *in vitro* DEL HONGO FITOPATÓGENO *Fusarium sp*. DE ZARZAMORA MEDIADA POR *Bacillus spp*
Blanca Rojas Sánchez, Gustavo Santoyo Pizano, Patricia Delgado Valerio, Ma. del Carmen Rocha Granados 78

EVALUACIÓN DE ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DE EXTRACTOS DE CÁSCARA DE AJO CONTRA *Colletotrichum gloeosporoides*
David Fernando Carreón Delgado, Itzel Yoali Hernández Montesinos, Karla Nallely Rivera Hernández, Ma. del Sugeyrol Villa Ramírez, Carolina Ramírez López 79

PERSPECTIVAS PARA EL USO DE COMPUESTOS ANTIMICROBIANOS EN BIOTECNOLOGÍA ACUÍCOLA
Ana Claudia Sánchez-Ortiz, Rafael Franco-Sapién, Ma. del Carmen Flores-Miranda, Ángel Isidro Campa Córdova 80

Bacillus velezensis 83 INCREMENTA LA PRODUCTIVIDAD DEL JITOMATE CULTIVADO EN INVERNADERO Y CONTROLA *Botrytis cinerea* EN HOJAS Y FRUTOS DE JITOMATE
Karina Alejandra Balderas-Ruíz, Clara I. Gómez-Guerrero, Sergio Aranda-Ocampo, Antonio M. Juárez, Edibel Leyva, Mauricio A. Trujillo-Roldán, Norma A. Valdez-Cruz, Enrique Galindo y Leobardo Serrano-Carreón. 81

ACTIVIDAD ANTIINCRUSTANTE DE EXTRACTOS OBTENIDOS DE *Staphylococcus aureus* AISLADA DE *Rhizophora mangle*.
Diana Sánchez Rodríguez, Mauricio Muñoz Ochoa, Erika Guadalupe Rico Virgen, Ruth Noemí Aguila Ramírez 82

EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS POR CEPAS MARINAS DEL GÉNERO *Bacillus*
Erika Guadalupe Rico Virgen, Mauricio Muñoz Ochoa, Diana Sánchez Rodríguez, Ruth Noemí Aguila Ramírez 83

ENSILAJE DE LA PULPA DE PENCAS DE *Agave salmiana*
Carlos Mosqueda, Fred Hernández, Ángeles Vela, Mario Cobos, Mayra de la Torre 84

DETERMINACIÓN DE COMPUESTOS CON POTENCIAL PARA LA REGENERACIÓN EPITELIAL DE EXTRACTOS DE FRUTOS Y CULTIVOS *in vitro* DE *Randia sp*.
Paulina Bernal-Arriaga, Juan Orozco-Villafuerte, Carla García-Morales, Carmen Hernández-Jaimes, Leticia Buendía-González 85

CULTIVO *in vitro* DEL HONGO ECTOMICORRÍZICO *Laccaria trichodermophora* Y SU EFECTO SOBRE LA INFECTIVIDAD
Alberto Campos-López, Norma A. Valdez-Cruz, Roberto Garibay-Origel, Mauricio A. Trujillo-Roldán 86

IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES DE MICROSATÉLITES EN *Limulus polyphemus*, UTILIZANDO TÉCNICAS DE SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACIÓN
Juan José Sandoval-Gío, Roberto Zamora-Bustillos, Reyna Cristina Collí-Dulá, José Francisco Jiménez-Sosa, Héctor Javier Ortiz-León 87

EFECTO DEL ALUMINIO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE BETALAÍNAS EN SUSPENSIONES CELULARES DE *Stenocereus queretaroensis*
Lizbeth A. Castro-Concha, Angela Kú-González, Luis J. Estrella-Massa, Ma. de Lourdes Miranda-Ham y S.M. Teresa Hernández-Sotomayor 88

EVALUACIÓN DE CONSORCIOS BACTERIANOS CON CAPACIDAD DE PROMOCIÓN DEL CRECIMIENTO VEGETAL (BPCV) CONTRA HONGOS FITOPATÓGENOS
Soley B. Nava Galicia, Mónica Juárez Alonso, Brenda Azcárraga Salinas, Diana V. Cortés Espinosa, Martha D. Bibbins Martínez 89

PRODUCCIÓN MIXOTRÓFICA DE ÁCIDO EICOSAPENTAENOICO EN CULTIVOS DE UNA CEPA SILVESTRE Y UNA MUTANTE DE *Phaeodactylum tricornutum* UTEX 646 COMO FUNCIÓN DEL COEFICIENTE DE TRANSFERENCIA DE OXÍGENO
Tomás García, Tania Castillo, Enrique Galindo 90

ANÁLISIS COMPARATIVO ENTRE FERMENTACIÓN SÓLIDA Y LIQUIDA PARA LA PRODUCCIÓN DE *Metarhizium rileyi* (Nm017)
Jaime Rocha, Ginna Quiroga, Leyanis Mesa, Paola Cuartas 91

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO Y BIOLÓGICO DEL USO DE CULTIVOS MONOSPÓRICOS DE *Metarhizium anisopliae* CPMa1502 PARA EL CONTROL DE *Demotispa neivai* Bondar (*Coleoptera: Chrysomelidae*)
Ginna Quiroga-Cubides, Jaime Rocha, Luis Guillermo Montes, Anuar Morales Rodríguez, Martha Isabel Gómez, Paola Cuartas-Otálora 92

EFECTO DEL METILJASMONATO EN EL CRECIMIENTO DE CELULAS EN SUSPENSION DE *Tamarindus indica* L.
Francelvia Pérez Hernández, Leticia Buendía González, Juan Orozco Villafuerte 93

MEJORAMIENTO EN EL CRECIMIENTO Y CALIDAD NUTRICIONAL DE LA LECHUGA CON LA APLICACIÓN DE EXTRACTO DE ALGA.
Ana Patricia Juárez Rangel, María Myrna Solís Oba, Rigoberto Castro Rivera, José Agustín Pacheco Ortiz, Angelica Romero Rodríguez 94

EFECTO DE RIZOBACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL (RPCV) EN EL CONTENIDO DE D,L-SULFORAFÁN EN PLÁNTULAS DE BRÓCOLI (*Brassica oleracea* var. *Italica*)
Luz María Isabel Miguel-Cruz, Juan José Almaraz-Suárez, Marco Polo Carballo-Sánchez 95

EVALUACIÓN DE ENDOFITISMO Y BIOESTIMULACIÓN DE *Bacillus amyloliquefaciens* (BS006) EN PLÁNTULAS DE PLÁTANO (*Musa paradisiaca*), ALTERNATIVA PARA MEJORAR TOLERANCIA A ESTRESES BIÓTICOS Y ABIÓTICOS
Andrés Díaz, Sandra Barrios 96

EVALUACIÓN DEL EFECTO BENÉFICO DE LA BACTERIA ENDOFÍTICA *Pseudomonas migulae* (Pf14), APLICADA EN SISTEMAS DE VIVERO DE PLÁTANO (*Musa paradisiaca*), EN DOS REGIONES DE COLOMBIA
Andrés Díaz, Sandra Barrios 97

ANÁLISIS DEL USO DE GLICEROL PURIFICADO PROVENIENTE DE LA PRODUCCIÓN BIODIESEL SOBRE LA MODULACIÓN DE NUTRIENTES EN SUELO Y SU EFECTO SOBRE CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DE DOS VARIEDADES DE *Phaseolus vulgaris*
Renato Andrés Calderón Pesina, Eugenia Guadalupe Ortiz Lechuga, Hamlet Avilés Arnaut, Katiushka Arévalo Niño, 98

MODIFICACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE EN FRUTOS DE *Capsicum annuum* POR LA APLICACIÓN DE FITOHORMONAS EXÓGENAS
Rossy Guadalupe Olán Villegas, Aurea Bernardino Nicanor, Leopoldo Gonzales Cruz, Humberto Ramírez Medina. 99

EFECTO DE RIZOBACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL (RPCV) EN EL CRECIMIENTO Y CONTENIDO DE MACRONUTRIENTES EN PLANTAS DE PAK CHOI *(Brassica rapa* subsp*. chinensis)*
Sigrid Eugenia Cázares-Esquivel, Juan José Almaraz-Suárez, Marco Polo Carballo-Sánchez 100

DIFERENCIA EN LA SUSCEPTIBILIDAD A INFECCIONES POR HONGOS ENTOMOPATÓGENOS ENTRE INSECTOS DE *Xyleborus affinis* COLECTADOS DE CAMPO Y CRIADOS EN EL LABORATORIO: (INFLUENCIA DEL MICROBIOMA CUTICULAR)
Citlaly Cando-Narvaez, Nohemí García-Ortiz, Roberto Montesinos-Matías, Verónica Rodríguez-Celestino, Octavio Loera-Corral, Francisco Figueroa-Martínez 101

POTENCIAL DE *Distaplia stylifera* COMO PRODUCTOR DE COMPUESTOS PARA INHIBIR EL CRECIMIENTO DE *Xanthomonas campestris*
Rosalba Pamela Barrera Mota, Ruth Noemí Aguila Ramírez, Mauricio Muñoz Ochoa, Rocío Guadalupe Cervantes Gámez 102

CLONACIÓN, EXPRESIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN INHIBIDOR DE TRIPSINA DE BRÓCOLI (*Brassica oleracea* var.*italica*)
Maria Fernanda Mendoza-Acosta.; José Eleazar Barboza-Corona 103

ESTABLECIMIENTO DE NUEVO MÉTODO PARA LA OBTENCIÓN DE PROTEÍNAS DE RESERVA DE *Moringa oleifera*
Frida C. Moreno-Trujillo, Iván Loera-Mendoza, Santiago-Gutiérrez-Vargas, Ma. Fabiola León-Galván 104

PRODUCCIÓN RECOMBINANTE DEL PÉPTIDO ANTIMICROBIANO AtPFN1, PARA INHIBIR LA MARCHITEZ POR VERTICILOSIS EN CULTIVOS DE ALGODÓN
Abigail Loya-Delgado, Carolina Gajón-Robles, María Hernández-Ramos, Cynthia González-Trevizo, 105

CONTENIDO DE ALCALOIDES TOTALES EN EXTRACTOS CRUDOS DE HOJAS DE *Prosopis juliflora* y *Vachellia farnesiana*
Eduardo Herappe Mejía, Leticia Buendía González, Carla García-Morales, Juan Orozco Villafuerte 106

LA CÁSCARA DE AGUACATE COMO FUENTE DE COMPUESTOS BIOACTIVOS.
Emir Martínez-Gutiérrez 107

PROTEÍNAS INVOLUCRADAS EN LA BIOSÍNTESIS DE GIBERELINAS EN *Capsicum annuum*"
Carolina Acevedo Juárez, Humberto Ramírez Medina 108

BIOENSAYOS DE PATOGENICIDAD EN PLANTAS MUTANTES DE ZARZAMORA (*Rubus fruticosus* Cv. TUPI) RESISTENTES A *Botrytis cinerea* BAJO CONDICIONES DE INVERNADERO Y CAMPO
Huerta-Olalde, Ana Maria, Hernández-García, Alejandra, López-Gómez, Rodolfo, Zavala-Páramo, María Guadalupe, Salgado-Garciglia, Rafael 109

EFECTO DE ABONO DE *Brosimum alicastrum* SOBRE LA DINÁMICA C Y N EN UN SUELO CULTIVADO CON *Solanum lycopersicum*
Luis Eduardo Altuzar-Pérez; Víctor Manuel Ruíz-Valdiviezo; Juan José Villalobos-Maldonado; Joaquín Adolfo Montes Molina 110

EFECTO DEL H_2O_2 EN LA GERMINACIÓN *in vitro* DE MORINGA OLEIFERA
Gerardo Espinosa-Velázquez, David Paniagua-Vega 111

MICROPROPAGACIÓN DE K*alanchoe laetivirens*
Crescencio Bazaldúa, Sandra Luz Escobar-Arellano 112

SOBREEXPRESIÓN DE ´CYSTEINE-RICH RECEPTOR-LIKE KINASE 12´ INDUCE HIPER NODULACIÓN EN *Phaseolus*
Antonino M. Lecona, Kalpana Nanjareddy, Lourdes Blanco, Miguel Lara, Manoj-Kumar Arthikala 113

SÍNTESIS DE NÁCAR *in vitro* POR PROTEÍNAS DE LA CONCHA DE MOLUSCOS
Crisalejandra Rivera Pérez, Raquel Arroyo Loranca, Luis Hernández-Adame, Ariel Arturo Cruz Villacorta, José Luis Rodríguez-López, Norma Y. Hernández Saavedra 114

EVALUACIÓN DE TRATAMIENTOS PARA EL CONTROL DE ENFERMEDADES POSTCOSECHA EN FRUTOS DE ZARZAMORA (*Rubus ulmifolius*).
Jesús Simón Cristobal, Juan Angel Ramos Ixta, Yolanda Ruíz Suárez, 115

EFECTO DE LA FERTILIZACIÓN CON DIGESTATO Y UREA EN EL RENDIMIENTO DE BALLICO PERENNE (*Lolium perenne* L.).
José Agustín Pacheco-Ortiz, Rigoberto Castro-Rivera, María Myrna Solís-Oba, Ana Patricia Juárez-Rangel, Angelica Romero-Rodríguez, Job Jonathan Castro-Ramos 116

COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE LÍPIDOS DE BIOMASA MICROALGAL
F.V. Pérez-Barradas, L.A. Ortega-Clemente, I.A. Pérez-Legaspi, A.A. Huerta-Heredia, R. Quintana-Castro 117

MICROPROPAGACIÓN DE *Acer negundo* POR EL CULTIVO *in vitro* DE ÁPICES DE RAMAS JÓVENES DE ESTACAS CULTIVADAS EN INVERNADERO
Hernández-García, Alejandra, Barrales-Cureño, Hebert Jair, Montoya-Carreto, Lorena, Guzmán-Espino, Elizabeth, Ambriz-Parra, Enrique, Salgado-Garciglia, Rafael 118

MICROPROPAGACIÓN POR ORGANOGÉNESIS DIRECTA A PARTIR DE YEMAS APICALES DE *Ageratina jocotepecana* (ASTERACEAE)
Hernández-García, Alejandra, Anguiano-Aguilar María Rosario, del Río-Torres Rosa Elva Norma, Salgado-Garciglia, Rafael 119

EFECTO ANTAGÓNICO DE TRES ESPECIES DE *Trichoderma* SOBRE LOS HONGOS FITOPATÓGENOS *Rhizopus Y Aspergillus*
Jesús A. Contreras Iglesias, Isela Quintero Zapata, Fátima L. Gandarilla Pacheco, Myriam Elías-Santos, María E. Alemán Huerta, María S. Flores González 120

DETECTAR LOS MARCADORES MOLECULARES P6-25 Y P7- 43D LIGADOS A LOS GENES Ty-3 E I-3 ASOCIADOS A LA RESISTENCIA DEL TOMATE AL VIRUS TYLCV Y EL HONGO FOL RAZA 3 EN LINEAS AVANZADAS Y VARIEDADES COMERCIALES DE *Solanum lycopersicum* L.
Josefina León Félix, María Claudia Villicaña Torres, Richecarde Lafrance 121

EFECTO DE LA SOBREEXPRESIÓN DE miR5300 EN HOJAS TABACO ANTE LA INFECCIÓN POR *Sclerotinia slerotiorum*
Catarino Eduardo Tellez Valerio, Flor de Fátima Rosas Cárdenas 122

IDENTIFICACIÓN DE MIRNAS EN PLANTAS DE AMARANTO SOMETIDAS A DIFERENTES TIPOS DE ESTRÉS USANDO SECUENCIACIÓN MASIVA Y HERRAMIENTAS BIOINFORMATICAS
Marcelino Martínez Núñez, Magali Ruíz Rivas, Josefat Gregorio Jorge, Silvia Luna Suárez, Stefan de Folter, Ricardo Aarón Chávez Montes, Flor de Fátima Rosas Cárdenas 123

INFLUENCIA DEL REGULADOR GLOBAL OxyR SOBRE LA VIRULENCIA DE *P. savastanoi* pv. *phaseolicola* NPS3121
Jackeline Lizzeta Arvizu Gómez, Juan Diego Paredes Tadeo, Alejandro Hernández Morales, Christian González Reyes, Juan Ramiro Pacheco Aguilar 124

NODULACIÓN EFECTIVA Y FIJACIÓN DE NITRÓGENO DE RIZOBIOS-INGA VERA EN CAFETALES DE SOMBRA CON Y SIN HERBICIDAS GLIFOSATADOS
Jorge Alejandro. Velasco-Trejo, Enrique Alarcón Gutiérrez, José Antonio García Pérez, María del Rosario Pineda López, Mónica Rosenblueth 125

GERMINACIÓN DE SEMILLAS DE CANISTEL
Karen M. Granados-Vega, Silvia Evangelista-Lozano, Mario Rodríguez-Monroy, Gabriela Sepúlveda-Jiménez, José F. Pérez-Bárcena 126

TRATAMIENTO POSTCOSECHA EN FRESA (*Fragaria ananassa*) PARA LA INHIBICIÓN DE *Rhizopus sp*.
Marina Guevara Valencia, Oscar Sánchez Aguirre, Ma. del Rocío Bulás Mendoza, Javier Emmanuel Bulbarela Marini, Miriam C. Pastelin Solano, Odón Castaneda Castro 127

PREVENCIÓN DE ANTRACNOSIS MEDIANTE LA APLICACIÓN DE Bacillus sp. HOB008-290 EN INFLORESCENCIAS Y FRUTOS DE AGUACATE (*Persea americana* MILL.)
Cristina Calle, María Palacios, Lorena López, Lina Arbeláez, Sara Ramírez, Sinar Granada 128

Bacillus velezensis 83 PRODUCE ACETOÍNA EN LA RAÍZ DE *Arabidopsis thaliana* COMO INDUCTOR DE RESISTENCIA A *Botrytis cinerea*

Eduardo Martínez Terrazas1, Mario Serrano3, Ángel Arturo Guevara Garcia2, Leobardo Serrano-Carreón1 y Enrique Galindo1. 1Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, 2Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, 3Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. C. P. 62210 México. eduaryts@ibt.unam.mx

Palabras clave: Bacillus velezensis 83, acetoína, Botrytis cinerea

Introducción. *Bacillus velezensis* 83 (*B. v*83) es una bacteria promotora del crecimiento vegetal y antagonista de hongos fitopatógenos. Sin embargo, se desconoce si *B. v*83 es capaz de activar la resistencia sistémica inducida (ISR), un mecanismo de defensa activado típicamente por compuestos producidos por microorganismos benéficos asociados a las raíces (1). En este trabajo, se evaluó cómo afecta la interacción *B. v* 83 - raíz de *A. thaliana*, sobre la incidencia de lesiones por *Botrytis cinerea* en hojas.

Los objetivos fueron, 1) implementar un sistema *in vitro* que permitiera evaluar la inoculación de *B. v*83 en la raíz, 2) evaluar la incidencia de lesiones de *B. cinerea* con la aplicación de *B. v*83 en diferentes horas previas de interacción con la planta, y 3) evaluar y, en su caso, identificar el principal metabolito producido por *B. v*83 que esté actuando como inductor de ISR.

Metodología. Se adaptó un sistema *in vitro* previamente reportado (2), donde *A. thaliana* se desarrolla en columnas con medio de donde una sección de la raíz emerge por el fondo, donde tiene contacto directo con medio líquido en donde se inocula *B. v*83. La aplicación de *B. v*83 fue realizado para que se permitiera una interacción durante diferentes horas previas de tratamiento (hpt) a realizar la aplicación de una suspensión de esporas de *B. cinerea* enhojas (24, 48 y 72 hpt). Después de 72 h de infección, se cuantificaron las hojas que presentan lesiones respecto a las que se infectaron con *B. cinerea* para determinar el porcentaje de incidencia. Adicionalmente, se tomaron muestras del medio líquido de interacción, para analizarse por HPLC y cuantificar metabolitos de *B. v*83 (3) en comparación con medios donde no se inoculó *B. v*83 (control). Los datos se sometieron a análisis estadísticos por ANOVA y la prueba de Tukey (*P*=0.05).

Resultados. En la **Fig. 1**, se muestra el diseño del sistema *in vitro* utilizado, así como una imagen representativa del desarrollo de las hojas de *A. thaliana*. Como se aprecia en la **Fig. 2A** el tratamiento con *B. v*83 a los tres tiempos resultaron en una menor incidencia de *B. cinerea* respecto a la condición control (plantas en las mismas condiciones, pero sin inoculación con *B. v*83). En la **Fig. 2B**, se aprecia que, posterior a la inoculación con el patógeno, la mayor concentración de acetoína se encontró en el tratamiento de 24 hpt con *B. v*83.

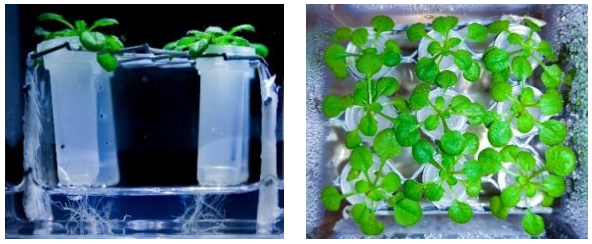


Fig. 1. Crecimiento de *A. thaliana* en el sistema *in vitro*

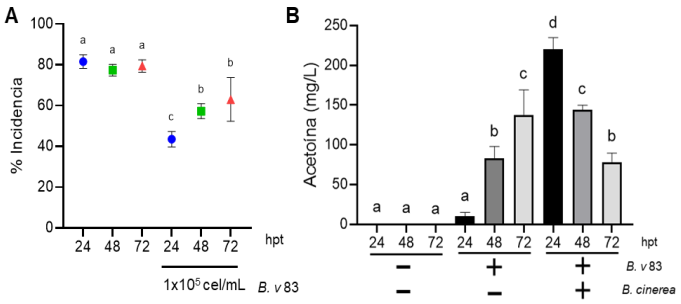


Fig. 2. Efecto de *B. v*83 por interacción con la raíz. A) Incidencia de *B. cinerea* en las hojas, entre plantas inoculadas con *B. v*83 respecto a plantas sin *B. v*83, B) Concentración de acetoína en el medio, bajo tres condiciones: cuando no hay *B. v*83 ni *B. c.*; cuando se aplica *B. v*83 sin *B. c.* trascurriendo las horas previas de tratamiento (hpt); y cuando están presentes *B. v*83 y *B. c.*, habiendo transcurrido las hpt y las 72 h de infección con *B. cinerea*.

En la **Fig. 2B**. se aprecia que antes de aplicar *B. cinerea*, el tratamiento de 24 hpt tiene una concentración de acetoína baja, pero después de la inoculación del patógeno, la concentración es varias veces mayor. Los resultados sugieren que la presencia de *B. cinerea* mejora la interacción planta-*B. v*83, llevando a un incremento en la síntesis de acetoína en favor de proteger la planta.**Conclusiones**. Al interaccionar con la raíz, *B. v* 83 tiene un efecto protector de la planta, que es coincidente con un incremento en la síntesis de acetoína.

Agradecimiento. Beca CONACyT 924868; proyectoPAPIIT (BG200618).

Bibliografía.

Kim, J. S., Lee, J., *et al*. (2015). *Plant Pathology Journal*. 31(2).pp. 195–201

Grady, E. N., MacDonald, J., *et al*. (2019). BMC Microbiology,19(1). pp. 1–14.

Balderas-Ruíz KA, Bustos P, Santamaria RI *et al* (2020). AMB Express 10(1):163.

Producción de ácido eicosapentaenoico en *Phaeodactylum tricornutum* UTEX 646 enfunción del pH en cultivos mixotróficos

Tania Castillo, Diego Ramos1, Enrique Galindo, Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México,Cuernavaca, Morelos, México.
tania.castillo@ibt.unam.mx.

Palabras clave: P. tricornutum, EPA, mixotrofía

Introducción El ácido eicosapentaenoico (EPA; 20:5) pertenece al grupo de los ácidos grasos Omega-3, reconocidos por su efecto terapéutico en el tratamiento de diversas enfermedades, entre las que se incluyen: padecimientos del corazón, cáncer, procesos inflamatorios entre otros. Las microalgas son la fuente primaria de los ácidos grasos omega-3. *Phaeodactylum tricornutum* es una diatomea marina, la cual se ha reportado como una fuente potencial para la producción de EPA, por su alto contenido de lípidos, de los cuales el EPA puede representar hasta el 40 % dependiendo de las condiciones de cultivo[1]. En otras cepas de *P. tricornutum* se ha demostrado que el crecimiento mixotrófico favorece el crecimiento y la producción de EPA[2]. Adicionalmente, se ha descrito que la producción de lípidos se incrementa a pHs mayores de 7[3].

El objetivo del presente trabajo fue estudiar la producción de EPA en cultivos mixotróficos de *P. tricornutum* UTEX 646 en biorreactor, en función del pH.

Metodología. La estrategia experimental se dividió en dos etapas: en la primera etapa se evaluó, en matraces,el crecimiento de *P. tricornutum* UTEX 646 y la producción de EPA en condiciones de autotrofía y mixotrofía, empleando glicerol como fuente de carbono. En la segunda etapa se evalúo, en fermentador de 3 L, el crecimiento y la producción de EPA, bajo tres condiciones de pH: 8, 9 y sin control. El crecimiento se evaluó por conteo celular y peso seco. El EPA se cuantificó por cromatografía de gases.

Resultados y discusión.En los cultivos en matraces, los cultivos mixotróficos presentaron un incremento de 3.2 veces en laproducción de EPA con respecto a los cultivos autótrofos (Tabla 1).

Tabla 1. Crecimiento y producción de EPA en cultivos en matraces.

Condición decultivo	Biomasa (g L^{-1})	Producción EPA(mg L^{-1})
Autotrofía	0.3 ± 0.05	**6.4 ± 2.8**
Mixotrofía	**0.4 ± 0.10**	**20.5 ± 1.5**

En los cultivos sin control de pH se observó un incremento del pH de 8 a 9 hacia el final del cultivo. En contraste, en los cultivos a pH constante se logró mantener el pH a 8.1±0.1 y 8.8±0.2,respectivamente. En lo que se refiere al crecimiento celular (Fig. 1), fue mayor (40 %) en la condición a pH 8 con respecto a la condición sin control de pH, no observándose diferencias significativas entre los cultivos a pH 9 y las otras dos condiciones evaluadas. Estas diferencias no se reflejaron en la concentración debiomasa, alcanzando un promedio de 0.6 g L^{-1}, independientemente de la condición de cultivo.

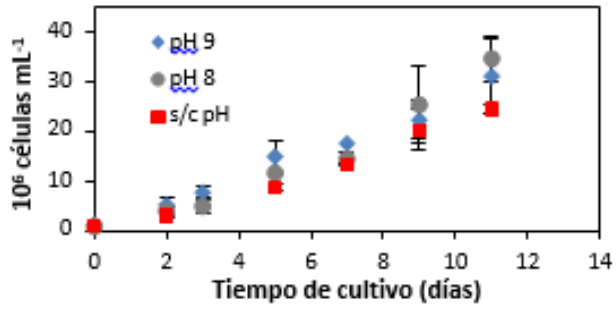


Fig. 1. Cinéticas de crecimiento de *P. tricornutum* en cultivos en fermentador a diferentes pHs.

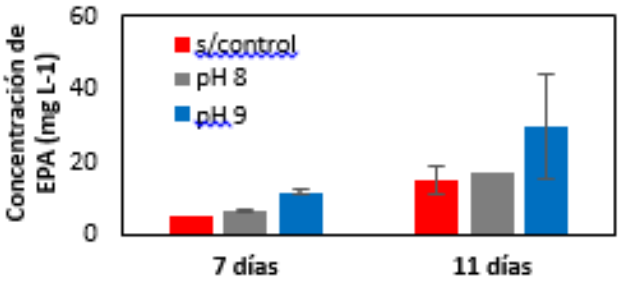


Fig. 2. Producción de EPA en cultivos en biorrreactor

En lo que se refiere a la producción de EPA (**Fig. 2**), en las tres condiciones evaluadas, la mayor concentración se alcanzó al final del cultivo (11 días). En función del pH, la concentración de EPA en los cultivos a pH 9 fue 2.6 veces mayor con respecto a la condición sin control de pH, lo que sugiere que el pH podría tener un papel importante en la biosíntesis de EPA.

Conclusiones. La producción de EPA en P. tricornutum UTEX 646 se favoreció en condiciones de mixotrofía y un pH de 9.

Agradecimiento. Fresenius Kabi GmBH, proyecto P- 9687 IBt-UNAM.

Bibliografía.

Jiao K, et al. (2018). Biotechnol Biofuels 11:273-283.

Cerón-García MC et al. (2006). J Microbiol Biotechnol 16(5):689-694.

Mus F, (2013). Appl Microbiol Biotechnol 97:3625–3642.

SOIL MINERALOGY AFFECTS ORGANIC ACID PRODUCTION AND PHOSPHORUS SOLUBILIZATION EFFICIENCY MEDIATED BY SEVERAL NATIVE *Trichoderma* AND *Aspergillus* FROM MEXICO

Dorcas Zúñiga Silgado, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Facultad de Arquitectura e Ingeniería, Medellín, Colombia, 050036. Jorge Luis Folch Mallol, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Centro de Investigación en Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Cuernavaca, 62209. dorcas.zuniga@colmayor.edu.co

Palabras clave: Biosolubilization of phosphorus, Soil sorption capacity, Organic acids

Introduction. Phosphorus (P) is considered as the scarcest available macronutrient for plants in most tropical soil being a limiting factor for plant growth (1). The application of rock phosphate (RP) has been extensively studied to meet this requirement in crops, but the amount of P released is too low to meet the plant demand (2). A viable alternative to manage this problem is the use of P-solubilizing rhizospheric microorganisms (PSM) to release P from chemically unavailable forms (3). The objective of this research was to evaluate the effect of the P sorption capacity of different types of soils on the secretion profile of organic acids (OAs) by several fungal isolates and its effect on the in vitro solubilization efficiency of RP.

Methodology. Fungi were inoculated in liquid media with or without RP and different soils (Andisol, Alfisol, Vertisol). In these conditions, the type and amount of OAand the amount of soluble P were quantified (4), and significant differences were observed in relation to the OAs profile and the amount of soluble P in different typesof soil.

Results. The pH of the media was inversely proportional to the amount of soluble P. However, the efficiency to solubilize RP lies in the release of OAs with low acidity constants independently of the concentration in which they are released.

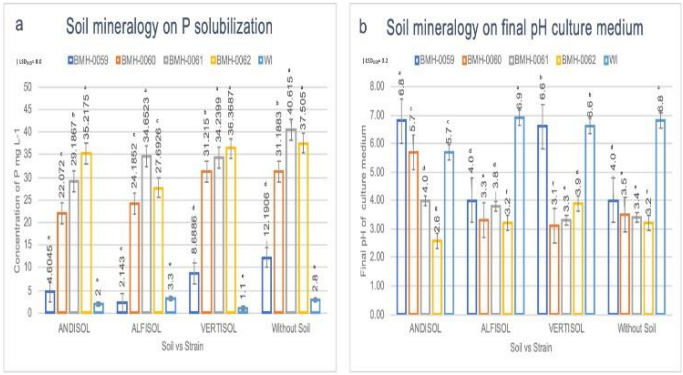


Fig. 1. Evaluation of the effect on P solubilization in different soils inoculated with different fungal isolates. (a) soluble P (H_2PO^-) and (b) final pH of the culture medium. Three soils; Andisol, Alfisol and Vertisol and a control Without Soil (SI) withfour different fungal strains.

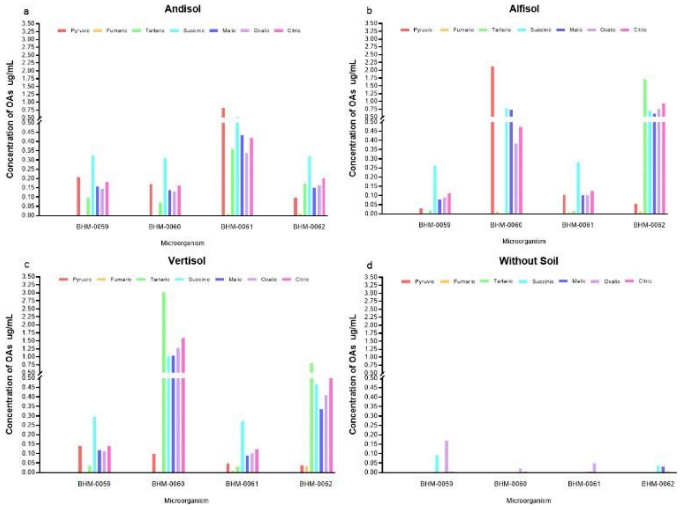


Fig. 2. Detection of the profile of OAs in different soils inoculatedwith different fungi. Three soils were evaluated: (a) Andisol, (b)Alfisol (c) Vertisol and (d) Without Soil (WS) with the four different fungi. All values shown are the average of four replicates per treatment.

Conclusions. Therefore, it is proposed that the main mechanism of RP dissolution is the production of OAs, with oxalic> fumaric> succinic acid being the main OAs involved in the efficiency of P solubilization.

Acknowledgments. Council for Science and Technology (CONACyT) from the Mexican government grant number CB 250831.

Bibliography.

Garland, G., Bünemann, E., Oberson, A., Frossard, E., Snapp, S., Chikowo, R., Sixa, J. 2018. *Soil Biol Biochem*. 116, 91–98.

Restrepo-Llanos, M., Osorio- Vega, N., León-Pelaéz, J. 2018. *Appl Environ Soil Sci*. 1-8

Bi, Y.; Zhang, Y., Zou, H. 2018. *Int. J. Coal Sci Technol*. 5, 1, 47–53.

Salazar-Ramírez, G., Flores-Vallejo, R.C., Rivera-Leyva, J.C., Tovar-Sánchez, E., Sánchez-Reyes, A., Mena-Portales, J., Sánchez- Carbente, M.R., Gaitán-Rodríguez, M.F., Batista-García, R.A., Villarreal, M.L., Mussali-Galante, P., Folch-Mallol, J.L. 2020. *Microorganisms*. 8, 226.

CAMBIOS HISTOLÓGICOS Y CONTENIDO DE COMPUESTOS FENÓLICOS EN Castilleja tenuiflora CULTIVADA IN VITRO AL APLICAR VANILLINA Y H_2O_2

Guadalupe Salcedo[1], Edith Montes[2] y Gabriela Trejo[1]. [1]Centro de Desarrollo de Productos Bióticos, Instituto Politécnico Nacional, Morelos, México, 62731. [2]Tecnológico de Estudios Superiores de Ixtapaluca, Ixtapaluca, Estado de México, 56580.
gsalcedo@ipn.mx

Palabras clave: C. tenuiflora, haustorios, hemiparásita

Introducción. *C. tenuiflora* es una planta hemiparásita con potencial terapéutico por sus propiedades farmacológicas (1,2). En condiciones naturales, forma haustorios (Hs) en sus raíces a través de los cuales establece una interacción con sus hospederos para intercambiar recursos (2). En condiciones *in vitro*, es factible inducir Hs utilizando compuestos químicos (CQs) como vanillina y H_2O_2 siendo una alternativa de estudio. El objetivo del trabajo fue analizar los cambios morfológicos e histológicos en raíces de plantas de *C. tenuiflora* y su contenido de compuestos fenólicos por la aplicación de CQs.

Metodología. Se usaron plantas de *C. tenuiflora* de 21 días de edad crecidas en tubos de ensaye donde se aplicaron los CQs (25 µM) (3). Las muestras fueron preparadas de acuerdo a metodologías ya descritas (4) y se utilizó microscopia óptica (MO) y microscopia electrónica de barrido (MEB) para el análisis. Elcontenido de compuestos fenólicos fue determinado porel método de Folin-Ciocalteau a partir de extractos metanólicos de la parte aérea y raíz (4).

Resultados. En presencia de CQs se observaron diferencias morfológicas e histológicas en los Hs. En el caso del control, los Hs fueron de forma alargada y presentaron pelos haustoriales (phs) (Fig 1A). Por la aplicación de H_2O_2, los Hs fueron de forma ovoide y sin phs (Fig 1C), mientras que con vanillina los Hs tuvieron formas similares a las del control (Fig 1E). En los tres casos, se observó que los vasos conductores del xilema de los haustorios no se desarrollaron completamente (Fig 1BDF), lo cual también ha sido observado en condiciones naturales (2).
El contenido de compuestos fenólicos fue mayor cuando se aplicaron los CQs con respecto al control. En el caso del H_2O_2, reportes indican su participación en la regulación de la biosíntesis de metabolitos secundarios en *C. tenuiflora* (5).

Conclusiones. La aplicación de CQs en condiciones *in vitro* en raíces de *C. tenuiflora* permitió conocer las diferencias morfológicas e histológicas en haustorios inducidos bajo estas condiciones; así como también favoreció la producción de los metabolitos secundarios de esta especie vegetal.

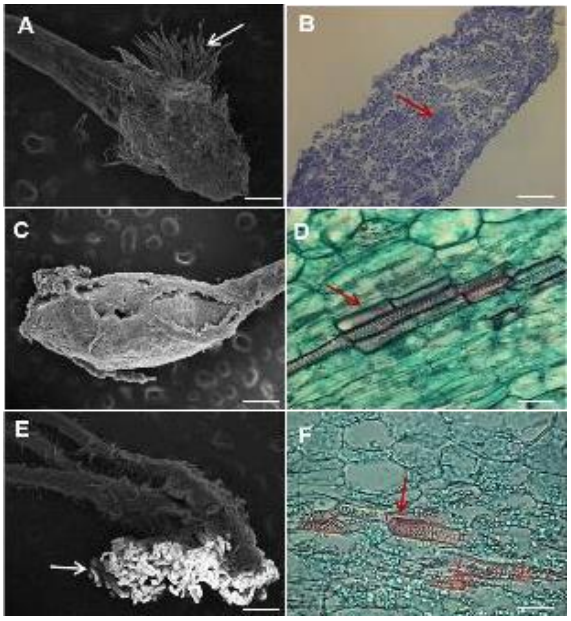


Fig. 1. Haustorios inducidos en raíces *in vitro* de *C. tenuiflora* aplicando CQs. A-B) Control, C-D) H_2O_2 y E-F) Vanillina. Barra MEB= 1mm. Barra MO= 0.45mm.

Tabla 1. Compuestos fenólicos totales en plantas *in vitro* de *C. tenuiflora* después de la aplicación de CQs

Muestra	Control	Vanillina	H_2O_2
Parte aérea	98.8 ± 4.9	114.3 ± 4.6	**122.3 ± 4.5**
Raíz	**93.7 ± 0.5**	**118.3 ± 3.4**	**95.9 ± 4.5**

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por el Instituto Politécnico Nacional (Proyecto SIP20200523).

Bibliografía

Montes-Hernández E, Sandoval-Zapotitla E, Bermúdez-Torres K, Trejo- Espino JL, Trejo-Tapia G. (2019). *Bot Sci.* 97(2): 192-201.

Arango-De La Pava LD, Zamilpa A, Trejo-Espino JL, Domínguez-Mendoza BE, Jiménez-Ferrer E, Pérez-Martínez L, Trejo-Tapia G. (2021). *Molecules* 26,

547. https://doi.org/10.3390/ molecules26030547.

Estabrook E, Yoder J. (1998) *Plant Physiol.* 116: 1-7.

Salcedo-Morales G, Jimenez-Aparicio AR, Cruz-Sosa F, Trejo-Tapia G. (2014). *Biol. Plant.* 58(1): 164-168.

Rubio E. (2021). Biosíntesis de metabolitos secundarios en *Castilleja tenuiflora* Benth. en respuesta a la elicitación por moléculas se señalización. Tesis de Doctorado. Centro de Desarrollo de Productos Bióticos. Instituto Politécnico Nacional. Morelos, México.

CAMBIOS FISIOLÓGICOS EN PLANTAS DE Castilleja tenuiflora EN UN SISTEMA DE HIDROPONIA DESPUÉS DE APLICAR VANILLINA Y H2O2 EN CONDICIONES IN VITRO

Guadalupe Salcedo Morales[1], Israel Gutiérrez Salcedo[2] y Gabriela Trejo Tapia[1]. [1]Centro de Desarrollo de Productos Bióticos, Instituto Politécnico Nacional, Morelos, México, 62730. [2]Universidad Politécnica de Estado de Morelos, Morelos, México.
gsalcedo@ipn.mx

Palabras clave: Castilleja tenuiflora, hidroponía

Introducción. *Castilleja tenuiflora* es una planta de interés terapéutico (1) por lo que resulta de interés establecer protocolos para su micropropagación. Al ser una planta hemiparásita, en condiciones *in vitro* (CIV) el desarrollo del sistema radicular es lento por lo que se ha recurrido al uso de compuestos fenólicos los cuales señalizan el desarrollo de raíces y de haustorios Hs (2). En este trabajo, *C. tenuiflora* fue crecida en CIV y se aplicaron vanillina (Van) y H_2O_2 (CQs) previo a su transferencia a un sistema de hidroponía.

El objetivo fue evaluar los cambios fisiológicos en plantas de *C. tenuiflora* pretratadas con compuestos fenólicos previo a su cultivo en un sistema de hidroponía.

Metodología. Se usaron plantas de *C. tenuiflora* de 21 días de edad crecidas en tubos de ensaye donde se aplicaron los CQs (25 µM) (2) y un control (Ctl), y después de 21 d fueron transferidas a un sistema de hidroponia (3) en donde se midió la altura (cm), longitud de la raíz (cm), longitud de las hojas (cm) y se observó por microscopia óptica la densidad estomatal (4).

Resultados. La aplicación en condiciones in vitro de los CQs ocasionó cambios en la morfología de las raíces con respecto al Ctl (Fig 1A). Con Van, las raíces fueron más vellosas (Fig 1B) y con H_2O_2 se formaron haustorios (Fig 1C). En hidroponía, las plantas pretratadas con los CQs presentaron más ramificaciones (Fig 1EF) y fueron más altas (Tabla 1), con respecto al Ctl (Fig. 1D y tabla 1).

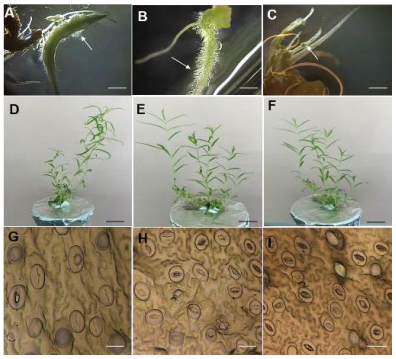


Fig. 1. Raíces, plantas en hidroponia y estomas de *C. tenuiflora* después de aplicar CQs. Raíces in vitro: A) Ctl, B) Van y C) H_2O_2, bar= 1mm. Plantas en hidroponia: C) Ctl, D) Van y (E) H_2O_2, bar= 1cm. Estomas: A) Ctl, B) Van y C) H_2O_2 bar= 1mm.

De igual manera, las raíces fueron 5 y 2 veces más largas, respectivamente, cuando se aplicó Van y H_2O_2 con respecto al Ctl.

Las hojas fueron más grandes en los pretratamientos con Van y H_2O_2 con respecto al Ctl. El H_2O_2 participa en procesos fisiológicos como el desarrollo de las raíces y se generan altos niveles durante el metabolismo en plantas en eventos como el transporte de electrones y fotosíntesis; los cuales tienen un papel central en los procesos de desarrollo tanto laelongación como la diferenciación celular (5), lo cual explica las diferencias observadas en este trabajo. Por otro lado, se observó una mayor densidad estomatal cuando se aplicaron los CQs (Fig 1HI), respecto al Ctl (Fig 1G). Al respecto, los estomas participan en la transpiración regulando la pérdida de agua lo cual afecta el crecimiento y desarrollo de las plantas.

Tabla 1. Aspectos fisiológicos en plantas de *C. tenuiflora* cultivadas en unsistema de hidroponía

	Altura (cm)	Longitudde raíz (cm)	Longitud dehojas (cm)
Control	3.1 ± 0.17^{B}	0.5 ± 0.30^{B}	**0.46 ± 0.30^{C}**
Vainillina	4.1 ± 0.28^{B}	2.5 ± 0.57^{A}	**1.06 ± 0.05^{A}**
H_2O_2	**5.6 ± 1.25^{A}**	**1.0 ± 0.11^{B}**	**1.23 ± 0.25^{B}**

Media ± SE de 3 experimentos (n = 30). Diferentes letras indican diferencias significativas entre las medias a $p < 0.05$ de acuerdo con la prueba de Tukey.

Conclusiones. El tratamiento de *C. tenuiflora* en condiciones in vitro con Van y H_2O_2 previo a su transferencia a un sistema de hidroponía indujo cambios en la fisiología de esta especie vegetal con respecto al tratamiento Ctl.

Agradecimiento. El trabajo fue financiado por el Instituto Politécnico Nacional (SIP-IPN 20200523).

Bibliografía

Arango-De La Pava LD, Zamilpa A, Trejo-Espino JL, Domínguez-Mendoza BE, Jiménez-Ferrer E, Pérez-Martínez L, Trejo-Tapia G. (2021). *Molecules* 26, 547. https://doi.org/10.3390/ molecules26030547.

Salcedo-Morales G, Jimenez-Aparicio AR, Cruz-Sosa F, Trejo-Tapia G. (2014). *Biol. Plant.* 58(1): 164-168.

Ventura-Zapata E, Salcedo-Morales G, Hernández-Lauzardo A, Martínez- Bonfil B, Trejo-Tapia G, De Jesús-Sánchez A, Velázquez-Del Valle M,Jiménez-Aparicio A. (2003). *Biotecnol. Apl.* 20(1): 25-31.

Bazaldúa-Muñoz C, Ventura-Zapata E, Salcedo-Morales G, Maldonado- Amaya U, López-García A. (2008). *Rev. Chapingo Ser. Hortic.* 14(2):147-150.

Nan-Liu, Zhifang-Lin, Lanlan-Guan, Gerald-Gaug-Han, Guizhu-Lin. (2014).

Plos One. 9(2): 1-9.

Bacillus velezensis 83 vs Colletotrichum gloeosporioides : ESTRATEGIAS DE DEFENSA Y DE ATAQUE

Agustín Luna-Bulbarela, Raunel Tinoco-Valencia, María Teresa Romero-Gutiérrez, María Esperanza Martínez-Romero, Enrique Galindo, Leobardo Serrano-Carreón.
Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Biotecnología, Depto. Ingeniería Celular y Biocatálisis, Cuernavaca, Morelos, 62210.
agustin.luna@ibt.unam.mx

Palabras clave: Transcriptomica, interacción, bacteria-fitopatógeno

Introducción. En la naturaleza, hongos y bacterias asociados a plantas entablan interacciones ecológicas interespecíficas que afectan significativamente la salud de su huésped (**1**). Durante estas interacciones, se manifiestan diversos fenotipos especializados, entre los que se encuentran: la síntesis de metabolitos antimicrobianos y proteínas de estrés (**2, 3**). El objetivo de este estudio fue caracterizar a nivel cinético y transcriptómico, la respuesta fisiológica de *B. velezensis* 83, un agente de control biológico (**4**), durante una interacción directa *in vitro* con *Colletotrichum gloeosporioides*, un hongo fitopatógeno.

Metodología. Se realizaron cultivos axénicos y cocultivos de la bacteria y el hongo en biorreactores tipo tanque agitado. Se estudió la dinámica poblacional, velocidad de crecimiento y la viabilidad. Además, se realizó un análisis de expresión diferencial (*DGEA*) a partir de muestras de RNA bacteriano, obtenidas bajo condiciones de NO limitación nutricional. El genoma de *B. velezensis* 83 se usó como referencia (NCBI CP034203, **4**).

Resultados. Se detectó una disminución en la velocidad específica de crecimiento de la bacteria durante los co-cultivos (**Tabla 1**) no asociada a cambios en viabilidad celular. De acuerdo al *DGEA*, 461 genes en la bacteria sufrieron cambios debido a la interacción con el hongo. De estos, 256 sufrieron inducción y 205 represión. El análisis diferencial sugiere que la disminución en la velocidad de crecimiento estuvo asociada al desarrollo de un fenotipo resistente contra el estrés. La respuesta consistió en la inducción de regulones relacionados a la respuesta contra el estrés oxidativo, tales como SigB y Spx, y proteínas de resistencia contra antibióticos (Sistema LiaR/S, **Figura 1**). El número de genes regulados por el factor sigma SigB representaron el 19% (88/461) del total de genes afectados y se distribuyeron en 65 distintos operones, incluida la ruta de autorregulación de SigB (**5**). En correspondencia, vías metabólicas no dependientes de SigB relacionadas con la homeostasis del estado redox (generación de poder reductor y degradación de *ROS*), metabolismo del Fe y el Zn, asimilación del S, biosíntesis de Cys, y enzimas antioxidantes, también sufrieron inducción. Finalmente, la presencia del hongo no afectó a la mayor parte de la expresión génica relacionada con la biosíntesis de antibióticos. De hecho, la viabilidad micelial del hongo disminuyó a lo largo del tiempo en los cocultivos.

Tabla 1. Velocidad específica de crecimiento. Letras diferentes entre tratamientos indican diferencias estadísticamente significativas (p <0.05).

		Bacillus	*Colletotrichum*
μ (h^{-1})	**Axénico**	**0.45±0.06a**	**0.14±0.01b**
	Cocultivo	**0.19±0.02b**	**0.17±0.04b**

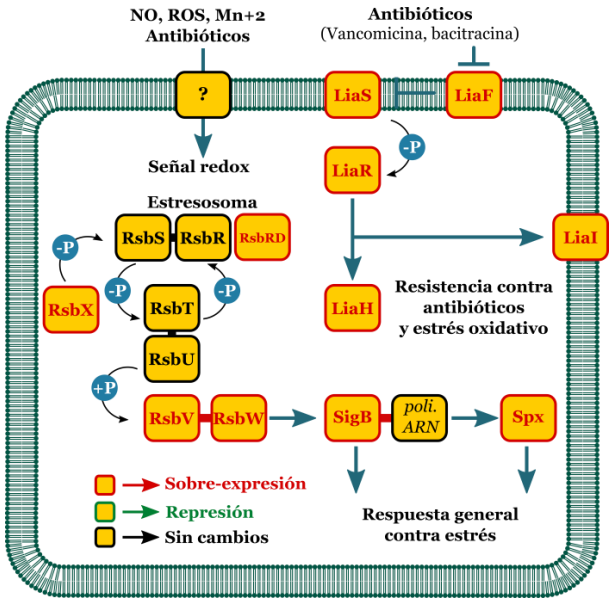


Figura 1. Dinámica transcripcional en la vía de autorregulación de SigB y el sistema de dos componentes LiaR/S debido a la interacción fúngica.

Conclusiones. La estrategia de biocontrol de *B. velezensis* 83 consiste de dos elementos: A) Ofensivo,correspondiente a la síntesis de antibióticos (péptidos no ribosomales y policétidos) y B) Defensivo, caracterizado por la síntesis de proteínas de estrés, inducibles por interacción fúngica. El segundo, no obstante, implica un compromiso metabólico entre la especialización a la respuesta al estrés y el crecimiento celular.

Agradecimiento. A DGAPA-UNAM (AG200618) y al CONACyT, por el financiamiento del proyecto y la beca para los estudios de doctorado (404462), respectivamente.

Bibliografía.

Frey-Klett P, *et al*. (2011). *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*, 75:4, 583 – 609.
Ghoul M, Mitri S. (2016). *Trends Microbiol.*, 24:10, 833 – 845.
Bartolini M, *et al*. (2019). *Appl. Environ. Microbiol.*, 85:9, 1– 15.
Balderas-Ruíz K, *et al.* (2020) *AMB. Expr*. 10:163, 1– 19.
Marles-Wright J, Lewis RJ, (2008). *Commun. Integr. Biol.* 1:2, 182 – 184.

LA SIMBIOSIS MICORRÍCICA ARBUSCULAR PROMUEVE EL DESARROLLO DE TRICOMAS Y LA ACUMULACIÓN DE COMPUESTOS FENÓLICOS EN Stevia rebaudiana

Luis Gerardo Sarmiento López [1,2], Melina López Meyer [2], Gabriela Sepúlveda Jiménez [1], Luis Cárdenas Torres [3] y Mario Rodríguez Monroy [1]. [1]CeProBi, Instituto Politécnico Nacional, calle CEPROBI No. 8, Col. San Isidro, Yautepec, Morelos, México. CP 62731. [2]CIIDIR-SINALOA, Instituto Politécnico Nacional, Blvd. Juan de Dios Bátiz 250, Guasave, Sinaloa, México CP 81101. [3]Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, México CP 62271. lsarmientol1100@alumno.ipn.mx

Palabras clave: Stevia rebaudiana, Tricomas, autofluorescencia de metabolitos

Introducción. *Stevia rebaudiana* es un cultivo de importancia económica, que produce edulcorantes bajos en calorías, llamados esteviol glucósidos y compuestos fenólicos. Estos metabolitos tienen propiedades antioxidantes y pueden acumularse en los tricomas [1]. La simbiosis micorrícica arbuscular es una de las interacciones mutualistas más importantes en la naturaleza [2]. Se sabe que la concentración de fosfato es importante en el desarrollo nutricional y simbiótico, alterando la síntesis de metabolitos secundarios en las plantas [3]. Sin embargo, estudios sobre estas características en *S. rebaudiana* son limitados.

El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la colonización micorrícica en el desarrollo de tricomas y su relación con la acumulación de compuestos fenólicos en *S. rebaudiana* en diferentes concentraciones de fosfato.

Metodología.



Fig. 1. Modelo esquemático utilizado para inducir la colonización micorrícica en conos de plástico**.** Zona I indica mezcla de sustrato (vermiculita-zeolita), Zona II (arena), Zona III (vermiculita-zeolita). Las esporas de *R. irregularis* se inocularon en la zona II.

Resultados. Un 72.01% de colonización fue observado en raíces de *S. rebaudiana* fertilizadas con 200 µM de KH_2PO_4 (Fig. 2a). En contraste, tan solo una colonización del 18.38%, se observó en las plantas fertilizadas con 1000 µM de KH_2PO_4 (Fig. 2b).

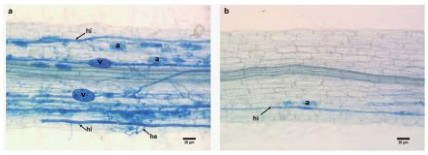


Fig. 2. Colonización micorrícica arbuscular de *R. irregularis* en raíces de *S. rebaudiana* fertilizadas con solución Hoagland con 200 (a) y 1000 (b) µM de KH_2PO_4.

El mayor número de cada tipo de tricoma se observó en plantas colonizadas y fertilizadas con 200 µM de KH2PO4 (Fig. 3a), aumentando 1,83, 2,11 y 2,64 veces, respectivamente (Fig. 3e, 3f y 3g) en comparación con plantas de *S. rebaudiana* no colonizadas (Fig. 3b). En plantas fertilizadas con 1000 µM de KH2PO4 no se observaron diferencias en el desarrollo de tricomas sin importar el estado simbiótico de las plantas (Fig. 3c y 3d).

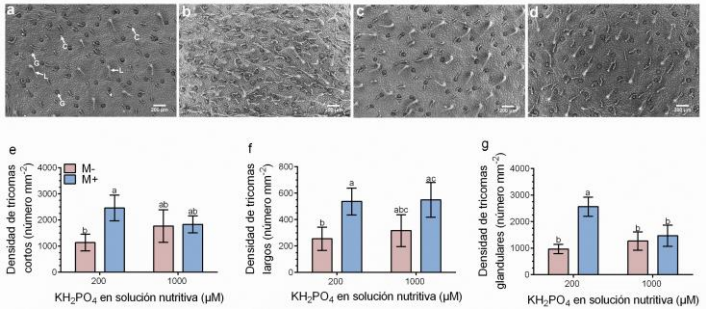


Fig.3. Efecto de la colonización micorrícica en la densidad de tricomas de hojas de *S. rebaudiana*.

La concentración de compuestos fenólicos totales y flavonoides fue de 5.2 y 4.2 veces más, respectivamente, en las plantas de *S. rebaudiana* colonizadas y fertilizadas con 200 µM de KH2PO4 (Fig. 4a) en comparación con las plantas no colonizadas (Fig. 4b). En plantas fertilizadas con 1000 µM de KH2PO4 no se observaron diferencias significativas sin importar el estado simbiótico de las plantas (Fig. 4a y 4b).

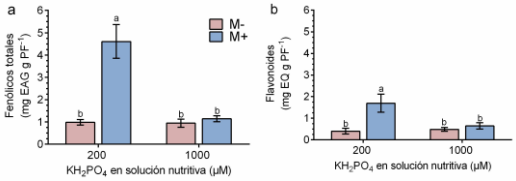


Fig. 4. Efecto de la colonización micorrícica en la concentración de compuestos fenólicos (a) y flavonoides (b) en hojas de *S. rebaudiana*

Conclusiones. Se demuestra que la colonización micorrícica induce el desarrollo de tricomas y la acumulación de compuestos fenólicos y flavonoides en plantas fertilizadas con 200 µM de KH2PO4.

Agradecimiento. Este estudio fue apoyado financieramente por CONACYT (480787) y por los proyectos de investigación SIP- IPN (20211500 y 20210733) y DGAPA IN-209118 y CV200519.

Bibliografía.

Brandle JE, Telmer PG. (2007). *Phytochemistry* 68, 1855–1863.

Smith SE, Read DJ. (2008). *Mycorrhizal symbiosis*. 3rd edition. New York: Academic Press.

Ramakrishna A, Ravishankar GA. (2011). *Plant Signal. Behav*. 6, 1720–1731.

Sarmiento-López LG, López-Meyer M, Sepúlveda-Jiménez G, Cárdenas L, Rodríguez-Monroy M. (2020). *PeerJ* 8, e10173.

Bacillus cereus MH778713 HIPERTOLERANTE A CROMO COMO HERRAMIENTA PARA LA REHABILITACIÓN DE ZONAS CONTAMINADAS CON METALES

Verónica Ramírez[1,2], Javier Martínez[3], José-Antonio Munive[1], Antonino Baez[1]. [1]Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México. [2]Facultad de Ciencias Químicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México. [3]Centro de Investigación en Dispositivos Semiconductores, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México.

Palabras clave: Bacillus, Cromo, Fitorremediación

Introducción. *Bacillus cereus* MH778713 es un microorganismo obtenido de nódulos de *Prosopis laevigata,* esta bacteria es capaz de tolerar altas concentraciones de metales tóxicos como Fe, Al y Cr, además de bioacumular hasta 116 mg Cr/g de biomasa (Ramírez *et al*., 2019). *B. cereus* MH778713 produce compuestos volátiles orgánicos (VOCs) que ayudan a semillas de *Prosopis laevigata y Arabidopsis thaliana* a sobreponerse al estrés por Cr VI. Cuatro VOCs puros fueron probados en su eficacia para proteger a la planta frente al estrés por cromo, mostrando un efecto protector (Ramírez *et al*., 2020).

Metodología. La tolerancia de *B. cereus* MH77871 a diferentes concentraciones de metales (Fe, Al y Cr) fue determinada en medio YMA. La remoción de Cr de soluciones acuosas se realizó usando el protocolo para la 1,5-Difenilcarbazida (Ramírez *et al*., 2019). La determinación de los compuestos volátiles que produce *Bacillus cereus* MH778713 se realizó mediante la técnica GC-MS y la actividad de los VOCS se realizó usando diferentes concentraciones del compuesto puro (Ramírez *et al*., 2020).

Resultados.

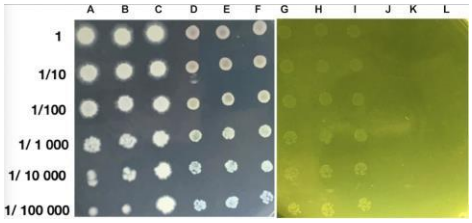


Fig. 1. *B. cereus* MH778713 (A–C) y *P. putida* KT2440 (D–F) en medioYMA y YMA con15000 mg/L de Cr VI usando un método de drop plate (G-I) *B.* cereus MH778713 y (J-L) *P. putida* KT2440.

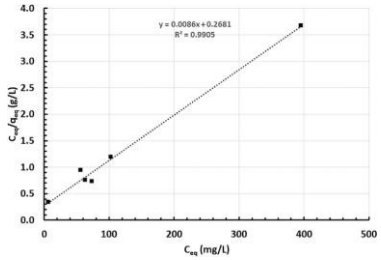


Fig. 2. Isoterma de Lagmuir para *B. cereus* MH778713 a 37°C, 130 rpm.

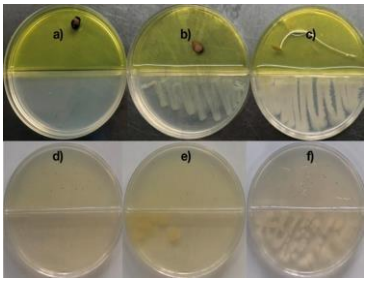


Fig. 3. Co-cultivación de *B. cereus* MH778713 y *P. laevigata*/*A. thaliana* en placas bipartidas y oscuridad a 28°C.

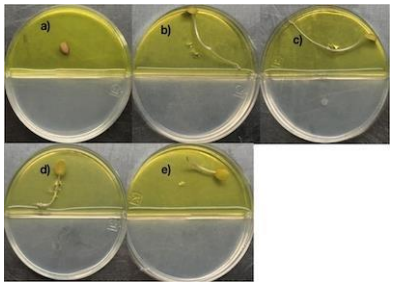


Fig. 4. Promoción de la germinación de las semillas en estrés por cromo por tetracosane, heneicosane, hentriacontane y 2,4-Ditertbutilfenol.

Conclusiones. *Bacillus cereus* MH778713 es una bacteria con un alto potencial para ser usada como inoculante en zonas contaminadas con metales tóxicos como el cromo, aluminio y hierro.

Agradecimiento. A la VIEP-BUAP-2018 proyecto ID00483 yCONACyT por la beca 273291.

Bibliografía.

Ramírez, V., Baez, A., López, P., Bustillos, R., Villalobos, M. A., Carreño, R., et al. (2019). Chromium hyper-tolerant *Bacillus* sp. *MH*778713 assists phytoremediation of heavy metals by mesquite trees (*Prosopis laevigata*). *Front. Microbiol.* 10:1833. doi: 10.3389/fmicb.2019.01833

Ramírez, V., Munive,J.A., et al. (2020). Long-ChainHydrocarbons (C21, C24, and C31) Released by *Bacillus* sp. MH778713 Break Dormancy ofMesquite Seeds Subjected to Chromium Stress. *Front. Microbiol.* 10:1833. DOI=10.3389/fmicb.2020.00741

DETERMINACIÓN DE FENOLES TOTALES Y ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE EXTRACTOS DE CÁSCARA DE AJO (Allium sativum)

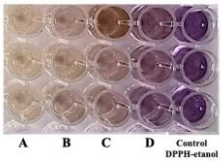
Itzel Yoali Hernández Montesinos, David Fernando Carreón Delgado, Karla Nallely Rivera Hernández, Ma. del Sugeyrol Villa Ramírez y Carolina Ramírez López. Instituto Politécnico Nacional (Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada), Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5 Tlaxcala, 90700.
yoali.hdez@gmail.com

Palabras clave: Residuos, Fenoles, Antioxidantes

Introducción. La cáscara de ajo (*Allium sativum*) es un subproducto que no ha sido aprovechado ni estudiado a profundidad, especialmente en relación con su uso como fuente potencial de compuestos bioactivos. Más de 3.7 millones de toneladas de subproductos del ajo se producen anualmente (1). Lo que hace relevantes las diferentes propuestas de valorización y disposición de estos residuos que resulten rentables y amigables con el medio ambiente. Mediante el diseño y uso de sistemas de extracción eficaces es posible obtener distintos compuestos fenólicos a partir de las cáscaras de los vegetales (2). Así mismo, los compuestos fenólicos, gracias a sus propiedades antioxidantes, se han vuelto de interés para el desarrollo de alternativas naturales que compitan con conservadores sintéticos en la industria alimentaria (3). En el presente trabajo se recalca la importancia de la valorización de este residuo agroindustrial, proponiéndose la evaluación de la actividad antioxidante de los compuestos fenólicos presentes en extractos de cáscara de ajo.

Metodología. Las cáscaras se limpiaron y secaron a 40ºC. Posteriormente se pulverizaron y fueron tamizadas en una malla de 2 mm. La caracterización se determinó según métodos estándar de la AOAC. Laextracción se realizó por maceración agitada con etanol como solvente. La cuantificación de fenoles totales se realizó por Folin-Ciocalteu mediante una curva estándarde ácido gálico y la actividad antioxidante por el métodode captación de radicales DPPH (4). Se realizó un diseño experimental factorial 2^k en el que se probaron temperaturas de 22 y 50ºC y 30 y 80% de solvente tomando como variables de respuesta la concentración de fenoles y %inhibición de DPPH. Los datos se analizaron mediante pruebas estadísticas con un nivel de confianza del 95% usando Minitab 19.

Resultados. Se determinó la presencia de fenoles con capacidad antioxidante en los extractos de cáscara de ajo. Así mismo, en la figura 1 se logra observar la reducción del color violeta del control indicando que los extractos llevaron a cabo una reacción que evitó la oxidación del DPPH. También se puede observar una variación según el tratamiento aplicado. Mediante un ANOVA se determinó que el factor de la temperatura y elde la concentración de solvente fueron significativos, siendo el arreglo de mayor temperatura y %etanol el que incrementó la respuesta (figura 2). Así mismo, se observó quea temperaturas altas se puede utilizar menor %solvente yobtener un resultado similar a cuando se aplica una concentración alta de solvente a temperaturas bajas. Mediante una regresión, se obtuvieron ecuaciones para las respuestas con ajustes >99%. En la tabla 1 se muestra la comparación entre los valores experimentales y los teóricos calculados con las ecuaciones del modelo en los que se obtuvieron porcentajesde error muy bajos, por lo que se puede asumir que el modeloes replicable. De igual forma, se realizó una matriz de correlación de Pearson obteniendo un coeficiente de 0.832, quemide el grado de relación lineal entre las respuestas. Indicandoque, a mayor cantidad de fenoles, mayor es la actividad antioxidante.



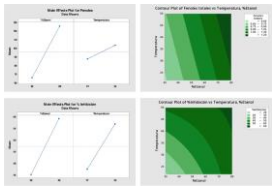


Figura 1. *Inhibición de DPPH de contorno correspondientes al contenido de fenoles totales y %Inhibición de DPPH.*

Figura 2. *Gráficas de efectos principales y delos extractos de cáscara de ajo.*

Tabla 1. *Comparación entre valores teóricos del modelo de regresión y valores experimentales.*

Extractos	Parámetros		Datos experimentales		Datos teóricos		%Error	
Código	%Etanol	Temperatura (º C)	mg GAE/100g cáscara	%Inhibición	mg GAE/100g cáscara	%Inhibición	mg GAE/100g cáscara	%Inhibición
A	80	50	134.16 ± 0.04b	62.30 ± 0.49b	133.60	62.31	0.42	0.01
B	80	22	117.53 ± 0.01a	56.25 ± 0.49a	117.88	56.25	0.30	0.01
C	30	50	73.5 ± 0.01d	51.59 ± 1.96a	73.87	51.59	0.46	0.01
D	30	22	58.54± 0.01c	18.90 ± 1.22c	58.10	18.90	0.75	0.03

Datos expresados como media ± DE. Los valores medios de cada columna con letras diferentes son significativamente diferentes (p <0.05). GAE: Equivalente de ácido gálico. Ecuaciones de regresión:

Fenoles totales= 0.0990+0.011950*%Etanol+0.005625*Temperatura (r^2=0.9962)

%Inhibición DPPH= -41.74+1.1655*%Etanol+1.7378*Temperatura-0.01902*%Etanol*Temperatura (r^2=0.9955)

Conclusiones. Se recuperaron compuestos fenólicos entre 58.54 y 134.16 mgGAE/100g cáscara que exhibieron una capacidad de captación de radicales libres entre el 18.9 y 62.3% de inhibición de DPPH. Se determinó que a los niveles más altos de temperatura y %etanol se obtuvieron los mejores resultados y que existe una correlación positiva entre la concentración de fenoles y la capacidad antioxidante.

Agradecimiento Al CIBA unidad Tlaxcala por brindarnos el espacio y los recursos para realizar la investigación.

Bibliografía.

Kallel, F., Ellouz, S. (2017). *Environ. Prog. Sustain. Energy*. 0(0):1765-1777.

Naqvi, S., Irfan, A., Zahoor, A., Zafar, M., Maria, A., Chand, A., Ashfaq, S.(2020). *Anais Acad. Brasil. Ci.* 92(2): 1-12.

Santos, C., González, A., Oludemi, T., Ayuda,B., González, S. (2020). Plant phenolics as functional food ingredients in: *Advances in food and nutrition research*. Ferreira, I. Academic Press, United States. 188-215.

Hussain, A., Chatha, S., Noor, S., Khan, Z., Arshad, M., Rathore, H.,Sattar, M. (2012). *Food Anal. Methods*. 5(4): 890–89.

INHIBICIÓN *in vitro* DEL HONGO FITOPATÓGENO *Fusarium sp.* DE ZARZAMORA MEDIADA POR *Bacillus spp*

Blanca Rojas Sánchez[1], Gustavo Santoyo Pizano[1], Patricia Delgado Valerio[2], Ma. del Carmen Rocha Granados[2*].[1]Instituto de Investigaciones Químico-Biológicas y [2]Faultad de Agrobiología "Presidente Juárez", de la UniversidadMichoacana de San Nicolás de Hidalgo.

Palabras clave: Biocontrol, Bacillus, Fusarium

Introducción. Las bacterias endófitas asociadas a los cultivos proveen de importantes beneficios a las plantas promoviendo su crecimiento y exhibiendo actividad antifúngica ante diversos fitopatógenos (1). En los últimos años el cultivo de zarzamora (*Rubus* subgénero *Eubatus*) se ha visto seriamente dañado por el hongo fitopatógenos

F. oxysporum, lo que ha repercutido considerablemente en la pérdida de áreas de producción (2). En este estudio se planteó analizar los efectos antifúngicos de las cepas bacterianas endófitas E25, COPE52, UM96 y CR71 del género *Bacillus* spp., sobre *F. oxysporum.*

Metodología. *Bacterias endófitas.* Se utilizaron las cepas E25, COPE52,CR71 y UM96 de *Bacillus* spp., aisladas de plantas de zarzamora variedad Tupy en la región de Ario de Rosales, Michoacán, México.

Hongos fitopatógenos de zarzamora. Se utilizó el hongofitopatógeno *Fusarium oxysporum*, aislado de plantas de zarzamora del Municipio de Peribán, Michoacán, México. *Pruebas de inhibición in vitro.* Para difusibles se utilizó latécnica del rayado con la bacteria en forma de cruz, y cajaPetri con división para volátiles, el fitopatógeno se colocó24 horas después de realizarse el rayado con cada una delas cepas, y se incubaron a 28°C en oscuridad. Se medió elcrecimiento micelial del hongo cada 24 horas por espaciode 6 días. Se utilizó un diseño experimental completamente al azar con tres repeticiones, en donde cada repeticióncorrespondió a *F. oxysporum* inoculado con la bacteria.

Los datos fueron analizados mediante un análisis de varianza y las variables que presentaron diferencias significativas fueron analizadas mediante la prueba de Duncan ($P<0.05$) utilizando el paquete estadístico SAS versión 9.2.

Resultados. Las cepas endófitas de *Bacillus* spp., presentaron efectos inhibitorios *in vitro* sobre *F. oxysporum*. En la emisión de compuestos difusibles destacó la cepa E25 inhibiendo con un 22.79%. La emisiónde compuestos orgánicos volátiles también fue la cepa E25la única que presentó un efecto inhibitorio sobre *F. oxysporum* con un 10.4%. Las cepas E25, COPE52 y CR71 presentaron un efecto inhibitorio similar con un 13.7%.

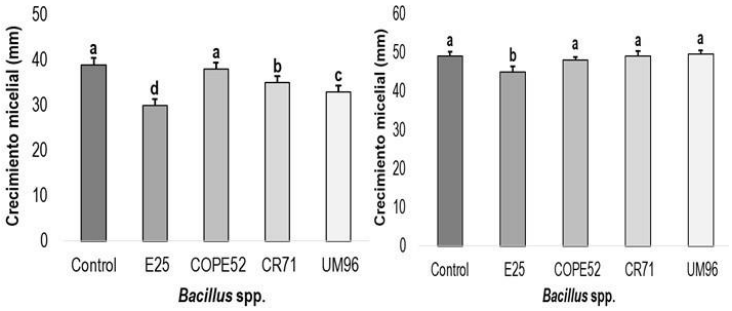


Fig. 1. Efecto de la emisión de compuestos orgánicos difusibles (derecha) y volátiles (izquierda) producidos por las cepas endófitas E25, COPE52, CR71, UM96 de *Bacillus* spp., en el crecimiento micelial de *F. oxysporum*.

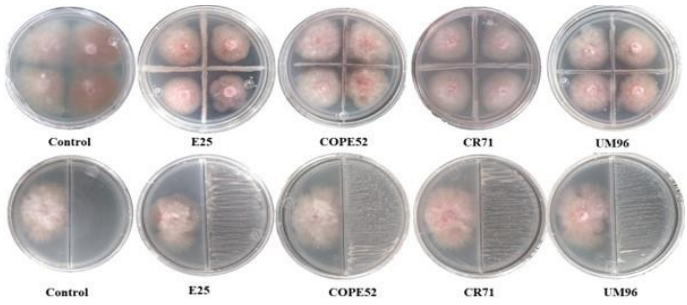


Fig. 2. Imagen de la inhibición mediante compuestos orgánicos difusibles (superior) y volátiles (inferior) producidos por las cepas endófitas E25, COPE52,CR71, UM96 de *Bacillus* spp., en el crecimiento micelial de *F. oxysporum*.

Conclusión. Las cepas endófitas del género *Bacillus* analizadas inhiben el crecimiento de *F. oxysporus* mediante compuestos volátiles y difusibles.

Agradecimiento. Al CONACyT y el CIC-UMSNH por el financiamiento otorgado al proyecto.

Bibliografía

1. Gautam S, Chauhan A, Sharma R, Sehgal R, Shirkot CK. (2019). Potential of*Bacillus amyloliquefaciens* for biocontrol of bacterial canker of tomato incited by*Clavibacter michiganensis ssp. michiganensis*. *M Path* 130: 196-203.

2. Gordon TC, Kikpatrick S, Henry P, Kong M, Broome J. (2016). First report of a wilt disease of blackberry caused by *Fusarium oxysporum* in California. *Plant Disease*. 100.

EVALUACIÓN DE ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DE EXTRACTOS DE CÁSCARA DE AJO CONTRA *Colletotrichum gloeosporoides*

David Fernando Carreón Delgado, Itzel Yoali Hernández Montesinos, Karla Nallely Rivera Hernández, Ma. Del Sugeyrol Villa Ramírez y Carolina Ramírez López. Instituto Politécnico Nacional (Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada), Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5 Tlaxcala,90700. dfcarreon@outlook.com

Palabras clave: Residuos, Fenoles, Antifúngicos

Introducción. Las enfermedades de las plantas causadas por hongos resultan en enormes pérdidas económicas afectando la calidad y cantidad del material vegetal. La antracnosis es una enfermedad causada por *Colletotrichum spp*. que genera lesiones que causan podredumbre en frutos y generan grandes pérdidas económicas en la etapa de pos-cosecha (1). Así mismo, el uso de fungicidas químicos se encuentra bajo debate debido al desarrollo de resistencias por parte de los microorganismos y preocupaciones ambientales, lo que ha incentivado el interés en los fitoquímicos como nuevas fuentes de agentes antimicrobianos. Resultando de gran importancia el estudio de productos naturales que exhiban actividad antifúngica. Por otro lado, el ajo (*Allium sativum*), gracias a sus propiedades fitoquímicas ha sido reconocido por presentar actividad contra bacterias y hongos (2). Sin embargo, más de 3.7 millones de toneladas de sus subproductos se generan anualmente causando contaminación ambiental debido a su inadecuada disposición. Finalmente, se ha reportado que pretratamientos físicos y biológicos sobre el material lignocelulósico, permiten recuperar de manera más eficiente los fitoquímicos mediante su extracción con el solvente adecuado (3).

El presente trabajo se enfoca en el estudio de las propiedades antifúngicas de los extractos de cáscara de ajo (CA) partiendo de la hipótesis de que los subproductos del ajo tienen una actividad antifúngica similar al ajo fresco**.** Además, se determinó la relación de esta con la presencia de fenoles y la influencia de diferentes pretratamientos sobre la CA en su actividad antimicrobiana.

Metodología. Las cáscaras de ajo fueron limpiadas y sometidas a pretratamientos como fermentación en estado sólido con *L.plantarum* y salteado. Posteriormente las muestras fueron pulverizadas y tamizadas (malla 2mm). La extracción se realizó por maceración agitada a 50ºC con metanol 60% v/v como solvente. La cuantificación de fenoles totales se realizó por Folin-Ciocalteu (4) mediante una curva estándar de ácido gálico y la actividad antifúngica contra *C. gloeosporoides* se determinó mediante agar envenenado. Se realizó un diseño experimental de 1 factor y 3 niveles (2 pretratramientos el control) tomando como variable de respuesta la actividad antifúngica. Los datos se analizaron mediante pruebas estadísticas con un nivel de confianza del 95% usando Minitab 19.

Resultados. Se determinó la presencia de fenoles con valores entre 26.4 ± 0.15 y 58.54 ± 1.55 mg GAE/g extracto. Los valores obtenidos fueron significativamente diferentes para todos los tratamientos y el valor mayor corresponde al pretratamiento con salteado. Así mismo, se encontró que la actividad antifúngica de los extractos contra *C. gloeosporoides* fue mayor en los extractos con pretratamiento de salteado y menor con el pretratamiento de fermentación. Por otro lado, se calculó el índice de correlación de Pearson entre estos dos factores siendo este de 0.785 indicando una correlación relativamente alta entre la concentración de fenoles y la respuesta antifúngica. En general se determinó que la aplicación de un pretratamiento de salteado previo a la extracción aumenta la actividad antifúngica del extracto.

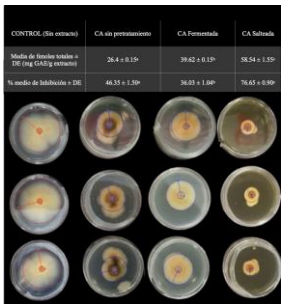


Figura 1. Fenoles totales y Porcentaje de inhibición del crecimiento *de C. gloeosporoides* por actividad ántifúngica de extractos de CA. Letras diferentes indican diferencias significativas entre filas (pretratamientos) según la prueba de Tukey ($P < 0.05$).

Conclusiones. Se demostró la capacidad de inhibición del 36 al 76 % del crecimiento de *C. gloeosporoides* de los extractos de cáscara de ajo obtenidos mediante distintos pretratamientos aplicados. Se encontró que, entre los extractos estudiados, se obtuvo la mayor capacidad antifúngica en los obtenidos a partir de CA salteada, empleando una concentración de solvente del 60% y temperatura de 50 °C.

Agradecimiento A los proyectos SIP 2021801 y 2154 por los recursos facilitados.

Bibliografía.

Guardado, L., Tovar, E., López, A., López, U., Gutiérrez, P., Stoll, A., Aguilera, S. (2018). *Microbiol. Research*. 210(4): 26–32.

Chen, C., Liu, C., Cai, J., Zhang, W., Qi, W., Wang, Z., Liu, Z., Yang, Y. (2018). *Food Control*. 86(16), 117–125.

Santos, C., González, A., Oludemi, T., (2020). Plant phenolics as functional food ingredients in: *Advances in food and nutrition research*. Ferreira, I. Academic Press, United States. 188-215.

Hussain, A., Chatha, S., Noor, S., Khan, Z., Arshad, M., Rathore, H., Sattar, M. (2012). *Food Anal. Methods*. 5(4): 890–89.

PERSPECTIVAS PARA EL USO DE COMPUESTOS ANTIMICROBIANOS ENBIOTECNOLOGÍA ACUÍCOLA

Ana Claudia Sánchez-Ortiz[1],Rafael Franco-Sapién[1], Ma. del Carmen Flores-Miranda[2] y Ángel Isidro Campa- Córdova[3]. [1] Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, CP.44430; [2] Departamento de Estudios Sustentables de la Zona Costera, Centro Universitario de la Costa Sur, San Patricio-Melaque, CP. 48980. 3 Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, La Paz. C.P. 23205. ana.sortiz@academicos.udg.mx

Palabras clave: Plantas medicinales, camarón, patógenos

Introducción. La acuicultura suministra más de la mitad de la producción de alimentos en el sector pesquero, por lo que se ha convertido en una de las prácticas más importantes para la industria alimentaria a nivel mundial. La gestión, salud, calidad del agua y control de patógenos son factores determinantes del éxito de la acuicultura. La búsqueda de alternativas para el mejoramiento de cultivos y la protección contra patógenos es de suma importancia para evitar pérdidas en la producción y prescindir del uso de antibióticos. El uso de extractos de plantas medicinales ofrece una alternativa al uso de antibióticos, sin el impacto ambiental que éstos generan. Aunado al uso de probióticos, se puede obtener una alternativa integral para el mejoramiento de cultivos acuícolas.

Se analizaron tres plantas medicinales como estrategias ecoamigables, estimulantes de crecimiento, inmunomoduladores y antagonistas de patógenos para el mejoramiento de cultivos acuícolas.

Metodología. Se evaluó la capacidad inhibitoria del crecimiento y desarrollo bacteriano asociados al cultivo de rana toro Americana (*Lithobates catesbeianus*), camarón blanco (*Litopenaeus vannamei*) y ostión (*Crassostrea* sp.), mediante extractos de *Ocimum basilicum* L (Albahaca) en tierra y acuaponia, *Rosmarinus officinalis* (Romero) y *Origanum vulgare* (Orégano) obtenidos por maceración y reposo en etanol (70 y 96%, 24 h y 15 días), infusión y decocción en agua destilada, arrastre con vapor y resina. Se evaluó el potencial antibiótico *in vitro* de los extractos (1). Se realizó un cultivo experimental para probar los extractos *in vivo* en camarón blanco (*L. vannamei*). Se probó la factibilidad de incluir el extracto de orégano en el alimento pelletizado a través de encapsulados. Se caracterizaron aislados bacterianos provenientes de ambientes marinos y asociados a invertebrados marinos por su potencial como probióticos *in vitro*.

Resultados. En la Tabla 1 se muestran los resultados de la inhibición del crecimiento de bacterias patógenas Gram (-). El albahaca y orégano muestran un gran potencial antimicrobiano, sin embargo, su adición en el alimento de camarón blanco no demostró diferencias significativas en el crecimientoni supervivencia, pero sí en la disminución de patógenos en el agua. Los extractos vegetales concentrados pueden generar toxicidad en los organismos de cultivo, por lo que el método de aplicación

Tabla 1.- Inhibición de crecimiento bacteriano (R= de rana, Os=de ostión y L= de camarón) con los extractos de A=Albahaca, Aq=Albahaca acuapónicay O=Orégano. Ø dato no disponible, - sin halo, + halo <6.2mm, ++ 6.2- 10mm, +++ >10mm.

		A			Aq			O		
		R	Os	L	R	Os	L	R	Os	L
Infusión		Ø	Ø	Ø	-	++	-	-	++	-
Decocción		-	+	-	Ø	Ø	Ø	-	++	-
Alcohol 70	24 h	Ø	Ø	Ø	+++	+++	++	Ø	Ø	Ø
	15 d	-	+	-	+	+	+	Ø	Ø	Ø
Alcohol 96	24 h	+	+	-	+	+	-	+	+	-
	15 d	+	+	-	+	+	-	+	+	+
Arrastre		++	++	-	++	++	-	+++	+++	+++
Resina		+++	++	+++	Ø	Ø	Ø	+++	++	+++
Resina 50%		++	++	+++	Ø	Ø	Ø	++	++	+++

con mejores expectativas es la encapsulación y pelletizado con el alimento, sin modificar las características de flotación y palatibilidad. Falta evaluar los encapsulados de plantas en cultivos experimentales. Se realizó una búsqueda de bacterias asociadas a invertebrados y ambientes marinos, dado el efecto benéfico de la adición de bacterias en cultivos experimentales (2). Se evaluaron bacilos Gram (+) simbiontes de moluscos y se examinan simbiontes de otros invertebrados marinos.

Conclusiones. El extracto de orégano por arrastre mostró el más alto potencial de inhibición de patógenos pero su administración debe ser evaluada en método y dosis. La adición de encapsulados de plantas medicinales y de bacterias probióticas son estrategias prometedoras para el mejoramiento acuícola.

Agradecimientos. Esta investigación se llevó a cabo con recursos del Programa para el Desarrollo Profesional Docente, para el tipo Superior, SEP-PRODEP UDG-PTC-1483 y UDG-PTC-1410.

Bibliografía.

Bauer, A. W., Kirby, W. M. M., Sherris, J. C., & Turk, M. (1966). The Am. J. of Cl. Path., 45(4), 493–496.

Sánchez-Ortiz, AC., A. Luna-González, A. I. Campa-Córdova, R. Escamilla-Montes, Ma. del C. Flores-Miranda & J. M. Mazón-Suástegui. 2015. LAJAR, 43(1): 123-136.

Bacillus velezensis 83 INCREMENTA LA PRODUCTIVIDAD DEL JITOMATE CULTIVADO ENINVERNADERO Y CONTROLA *Botrytis cinerea* EN HOJAS Y FRUTOS DE JITOMATE

Karina Alejandra Balderas-Ruíz, Clara I. Gómez-Guerrero, Sergio Aranda-Ocampo, Antonio M. Juárez, EdibelLeyva, Mauricio A. Trujillo-Roldán, Norma A. Valdez-Cruz, Enrique Galindo y Leobardo Serrano-Carreón. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma deMéxico. Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. C. P. 62210 México.
karina.balderas@ibt.unam.mx

Palabras clave: Fungifree AB®, *Botrytis cinerea*, *jitomate*

Introducción. Introducción. *Bacillus velezensis* 83 (Bv 83) es efectivo para el control biológico (CB) de hongos fitopatógenos devarios cultivos de importancia económica y como bacteria promotora del crecimiento de plantas (PGPB) como maíz y *Arabidopsis thaliana* (1). *B. cinerea* (moho gris) es el segundo hongo fitopatógeno más importante anivel mundial afectando a más de 200 especies de plantas (2), incluyendo el jitomate. El jitomate (*Lycopersicum esculentum L.*) es la hortaliza más importante en producción a nivel mundial y México es el principal país exportador de este producto (3). Los objetivos de este trabajo fueron 1) evaluar el potencial deBv 83 como PGPB en jitomate cultivado en invernadero y 2) evaluar la eficacia de Bv 83 como antagonista de *B. cinerea* en ensayos *in vitro* con hojas y frutos de jitomate.

Metodología. Se evaluó el efecto de la aplicación de Bv83 (alta y baja concentración) al sustrato de plantas de jitomate (var. Frodo), sobre la producción de frutos. Fungifree AB® es un biofungicida que contiene dos factores de antagonismo de Bv 83: las células y los metabolitos sintetizados durante el proceso deproducción. Por lo tanto, se realizaron ensayos *in vitro* deCB de *B. cinerea* utilizando hojas y frutos de jitomate. Los tratamientos fueron: 1) células de Bv 83 (células + soporte sólido), 2) metabolitos de Bv 83 (sobrenadante +soporte sólido) y 3) Fungifree AB® (células + sobrenadante + soporte sólido). El control fue el soporte sólido del formulado de Fungifree AB®. Se incluyó un tratamiento químico (Clorotalonil) como control positivo. Se aplico un ANOVA y la prueba de Tukey (α=0.05) a losdatos obtenidos.

Resultados. La mayor producción de jitomate se alcanzó con una alta concentración de *B. velezensis* 83, que logró una producción de 4.5 Kg/planta (**Fig. 1A**), lo que corresponde a un rendimiento de 254 ton/Ha/año (**Fig. 1B**). Con este tratamiento se logró incrementar la calidadde los frutos, alcanzando un 63% de frutos de 1ª calidad (≥100 g/fruto). En cuanto a la producción de frutos de 2ª y 3ª calidad, no hubo diferencias significativas entre los tratamientos. Con ensayos de CB *in vitro* se observó quelas células fueron el principal factor que contribuyó en la eficacia de CB *vs B. cinerea* en hojas (32-70%) (**Fig. 2A**)y en frutos (89-97%) (**Fig. 2B**).

En ambos casos, el CB con metabolitos (<10%) fue el de menor eficacia. El tratamiento químico tuvo mayor control de la infección en hojas (>95%) que en frutos (58%).

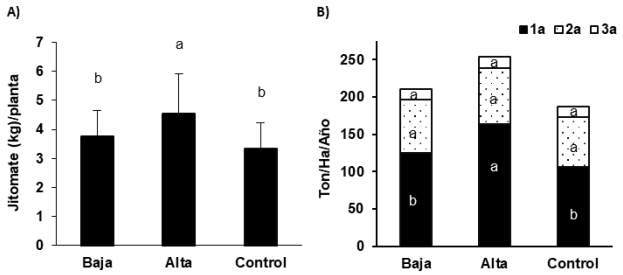


Fig. 1. Efecto de Bv 83 aplicada al sustrato de plantas de jitomate. Baja: 1x10^6 UFC/planta, Alta 1x10^8 UFC/planta: **A)** productividad y **B)** rendimiento (calidad: 1ª ≥100 g, 2ª ≤99 g, 3ª ≤60 g).

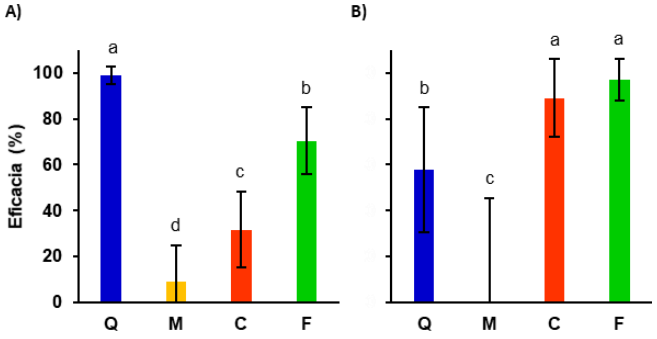


Fig. 2. Eficacia de Bv 83 *vs B. cinerea*: **A)** hojas y **B)** frutos de jitomate. Q: químico, M: metabolitos, C: células, F: Fungifree AB®.

Conclusiones. Bv 83 incrementa la producción y la calidadde jitomate de plantas cultivadas en invernadero. En Fungifree AB® las células de Bv 83 son el principal factor de antagonismo para el control de *B. cinerea* en hojas y enfrutos de jitomate. **Agradecimiento**. Beca CONACyT 361862; proyecto DGAPA (IG200618).

Bibliografía.

Dean R, Van Kan JA, Pretorius ZA et al (2012). Mol Plant Pathol 13(4):414–430.

Balderas-Ruíz KA, Bustos P, Santamaria RI et al (2020). *AMB Express* 10(1):163.

FAOSTAT, 2019. Crops. Consulta en línea 17/04/2021. En http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC

ACTIVIDAD ANTIINCRUSTANTE DE EXTRACTOS OBTENIDOS DE *Staphylococcus aureus* AISLADA DE *Rhizophora mangle*

Diana Sánchez Rodríguez, Mauricio Muñoz Ochoa, Erika Guadalupe Rico Virgen, Ruth Noemí Aguila Ramírez. Instituto Politécnico Nacional- Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas. Desarrollo de Tecnologías. C.P.23096, La Paz, B.C.S.
raguilar@ipn.mx

Palabras clave: Extractos crudos, pinturas, inhibición de asentamiento

Introducción. Para controlar el *biofouling* se han utilizado pinturas a base de compuestos que son tóxicos para los organismos marinos, debido a esto y al hecho de que los compuestos se vuelven persistentes en el ambiente, existe un esfuerzo intensivo hacia la búsqueda de soluciones más amigables con los organismos no objetivo y que sean biodegradables [(1)]. En este sentido, las bacterias han demostrado ser una fuente de compuestos con potencial antiincrustante [(2, 3)].
Por ello, el objetivo fue evaluar la actividad antiincrustante de los extractos orgánicos obtenidos de *Staphylococcus aureus* aislada de *Rhizophora mangle*.

Metodología. Se obtuvieron 15 extractos variando el medio de cultivo y los solventes utilizados para la extracción. Fueron probados frente a bacterias formadoras de biopelículas (BFB) y se evaluó su toxicidad frente *Artemia franciscana*. Los extractos que presentaron los mejores resultados fueron incluidos en Phytagel para realizar el ensayo de actividad antiincrustante en el medio marino, a diferentes concentraciones durante 30 días. Se seleccionaron los extractos que demostraron mayor actividad antiincrustante y fueron evaluados por su capacidad de inhibir BFB, microalgas, así como a la enzima fenoloxidasa y actividad tóxica frente a la línea celular 16HBE. Finalmente, los extractos elegidos fueron incorporados en una matriz de pintura a la concentración más efectiva y se evaluó su efectividad en el medio marino.

Resultados. Los extractos obtenidos con el medio TSB se seleccionaron por demostrar los mejores resultados inhibiendo BFB, estos extractos también presentaron niveles bajos de toxicidad frente a artemia con una CL_{50} mayor a los 1,000 μg/mL. Entre los extractos obtenidos con diferentes disolventes y concentraciones probadas no se encontraron diferencias significativas, teniendo un promedio de 4% de cobertura con respecto al blanco (25%) (Fig. 1). Del ensayo anterior se seleccionaron los tres mejores extractos para ser evaluados por su capacidad antagónica, los cuales mostraron una tendencia a inhibir la adhesión de los microorganismos probados y son inocuos frente a la línea celular probada.

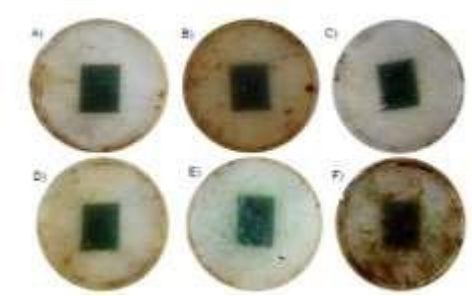


Fig. 1. Placas de Phytagel conteniendo los diferentes extractos A)Resina Diaion® HP-20, B) $CHCl_3$, C) CH_2Cl_2, D) Acuoso, E) Controlpositivo ($CuSO_4$), F) Control Negativo.

Solo el extracto obtenido con CH_2Cl_2 inhibió a la enzima fenoloxidasa y se seleccionó junto con el extracto acuoso, que mostró los mejores resultados en todos los bioensayos, para ser incorporados en una matriz de pintura a la concentración más efectiva (1.5 y 3 mg/mL, respectivamente) y aplicarla sobre placas acrílicas, utilizando como control pintura con cobre. La pintura con el extracto acuoso mostró una cobertura del 46%, mientras que la que contenía el extracto con CH_2Cl_2 fue de 32% (Fig. 2).

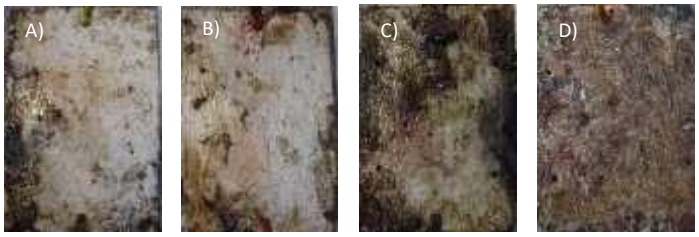


Fig. 2. Fotografías a los 90 días de que las placas de pintura fueronsumergidas. A) Fase Acuosa, B) CH_2Cl_2, C) $CuSO_4$ y D) C-.

Conclusiones. El extracto obtenido con CH_2Cl_2 es el mas efectivo para inhibir el asentamiento de organismos.

Agradecimiento. A CONACyT, BEIFI y PPG.

Bibliografía. 1) Chapman, J., Hellio, C., Sullivan, T., Brown, R., Russell, S., Kiterringham, E. and Regan, F. (2014). Bioinspired synthetic macroalgae: examples from nature for antifouling applications. *Int. Biodeter. Biodegr.* 86: 6-13.

2) Lemos, M. L., Toranzo, A. E. and Barja, J. L. (1985). *Micro Eco*. 11: 149-163.

3) Fabregas, J., Muñoz, A., Otero, A., Barja, J. L. and Roruaris, M. (1991). *Nip. Sui. Gak*. 57: 1377-1382.

EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS POR CEPASMARINAS DEL GÉNERO *Bacillus*

Erika Guadalupe Rico Virgen; Mauricio Muñoz Ochoa; Diana Sánchez Rodríguez; Ruth Noemí Aguila Ramírez. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Desarrollo de Tecnologías, La Paz, B.C.S., 23090.
raguilar@ipn.mx

Palabras clave: Bacillus firmus; difusión en agar

Introducción. Las bacterias pertenecientes al género *Bacillus* poseen características que las convierten en prometedoras candidatas para la bioprospección de agentes de control microbiano (1). Entre los productos de éstas, se encuentran los péptidos antimicrobianos de tipo bacteriocina (2), que son un grupo heterogéneo de biomoléculas de naturaleza peptídica, con conocida actividad antimicrobiana, destacando su actividad bactericida frente a patógenos de importancia alimentaria, industrial y farmacéutica (3). El objetivo de este trabajo, es evaluar la producción y actividad antibacteriana, de compuestos peptídicos aislados de cepas de *Bacillus* de origen marino.

Metodología. A partir de una colección de 167 cepas de *Bacillus* aisladas de condiciones marinas, se evaluó la actividad antimicrobiana de cada una de ellas mediante pruebas de difusión en agar en gota (DAG) utilizando *Listonella angillarum*, como cepa patógena indicadora. Para la obtención de los compuestos se evaluaron los periodos de producción y se utilizó un tratamiento a 4°C y diferentes modificaciones demedios de cultivo a pH 6. Posteriormente se realizó unadigestión enzimática con proteasas, para confirmar la naturaleza proteica de los compuestos. Se llevó a cabo una precipitación diferencial con $(NH_4)_2SO_4$ al 80% y un fraccionamiento por peso molecular mediante ultrafiltración. Finalmente, los productos fueron visualizados por electroforesis en geles SDS-Tricine-PAGE. Mediante métodos autobiográficos, se evidenció la actividad y se confirmó la naturaleza química del compuesto aislado.

Resultados. De las 167 cepas evaluadas, 58 cepas fueron consideradas como activas por la formación de halos de inhibición a partir de sobrenadantes libres de células (SLC). No obstante, en una segunda etapa en donde se realizó digestión enzimática, se seleccionó únicamente la cepa 41Bf (correspondiente a *Bacillus firmus*) como la mejor productora de compuesto con actividad antibacteriana de naturaleza proteica frente a la cepa indicadora por lo que se procedió a la extracción de los compuestos activos mediante la precipitación (**Fig. 1**).

El compuesto activo extraído es estable luego de la exposición prolongada a diferentes temperaturas, pH y radiación UV. Mediante autobiografía del SDS-Tricine-PAGE, se evidenció la presencia de actividad de una banda única, alrededor de los 5-7 kDa (**Fig. 2**). La fracción 3 fue activa frente a 17 cepas patógenas de interés acuícola y humano.



Fig. 1.- Prueba DAG del extracto de la cepa 41Bf. Donde se observa la formación de zonas de inhibición frente a la cepa indicadora. Los círculosgrises evidencian la precipitación total de los compuestos.

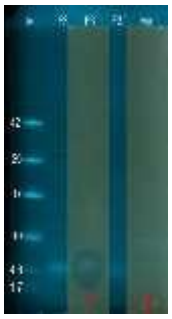


Fig. 2.- SDS-Tricine-PAGE al 20%. M, marcador de peso molecular; F3-F3´´,réplicas de la fracción de peso molecular inferior a los 10 kDa; proteasas, digestión enzimática de la fracción. Las flechas rojas indican el halo de inhibición.

Conclusiones. *Bacillus firmus* es un excelente candidato para la búsqueda de compuestos bioactivos. Evidenciando la producción de compuestos activos con características favorables y atractivas para su posible uso en la industria. Hasta el momento no se han descrito compuestos activos de tipo bacteriocina producidas por *B. firmus*, volviendo a este trabajo, el primer reporte para esta especie.

Agradecimiento. Al CONACyT por la beca proporcionada y al SIP-IPN por el financiamiento del proyecto SIP202000757. Y a todas las personas que participaron directa e indirectamente en el desarrollo del proyecto.

Bibliografía.

Wulff E.G., Mguni C.M, Mansfeld-Giese K., Fels J., Lubeck M. yHockenhull J. (2002). *Plant Patholo*. 51(5): 574-584.

Smitha S. y Bhat S.G. (2013). *J Appl Microbiol*. 114(3): 688-694. 3.Lim K.B., Balolong M.P., Kim S.H., Oh J.K., Lee J.Y. y Kang D.K. (2016). *Biomed Res Int*. 2016(2): 1-7.

Ensilaje de la pulpa de pencas de *Agave salmiana*

Carlos Mosqueda[1], Fred Hernández[1], Ángeles Vela[2], Mario Cobos[2], Mayra de la Torre[1]. Unidad Regional Hidalgo; [1]Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo CP 42163. [2]Laboratoriode microbiología ruminal Colegio de Posgraduados – Montecillo. Km 36.5 carretera Federal México Texcoco, Montecillo, Estado de México. CP 56230. mdelatorre@ciad.mx

Palabras clave: Ensilaje, pulpa de maguey, Agave salmiana

Introducción. El uso y aprovechamiento de las diversas especies del género Agave data desde épocas prehispánicas (Mora-López et al., 2011). En las regiones áridas y semiáridas la escasez de forrajes ha propiciadola introducción de forrajes no convencionales como *Opuntia* spp. (nopal), *Dasylirion* spp. (sotol) y *Agave* spp.(maguey) (Valdez-Cepeda et al., 2012). Una forma de preservar los forrajes es el ensilado, la fermentación láctica disminuye la concentración de bacterias patógenas y la producción de metano en el rumen (Galina et al., 2008).

Este trabajo tuvo como objetivo ensilar la pulpa de las pencas del *Agave salmiana* que queda como residuo después del desfibrado; seguir la cinética de las poblaciones microbianas durante el proceso y evaluar su digestibilidad.

Metodología. Las pencas fueron desfibradas manualmente (Figura 1a). Se colocaron 2 kg de pulpaen cada reactor, esta fue compactada y ensilada a temperatura ambiente. Los microorganismos fueron cuantificados en agar nutritivo (bacterias mesófilas), agar papa dextrosa (hongos y levaduras) y agar MRS (bacterias ácido lácticas). Las bacterias lácticas fueron identificadas mediante secuenciación del gen 16s RNA a partir de las colonias purificadas en MRS. Para la degradación in vitro de materia seca (DIVMS). Se usó un cultivo mixto de bacterias ruminales extraído del rumen de una vaca Jersey con cánula ruminal.

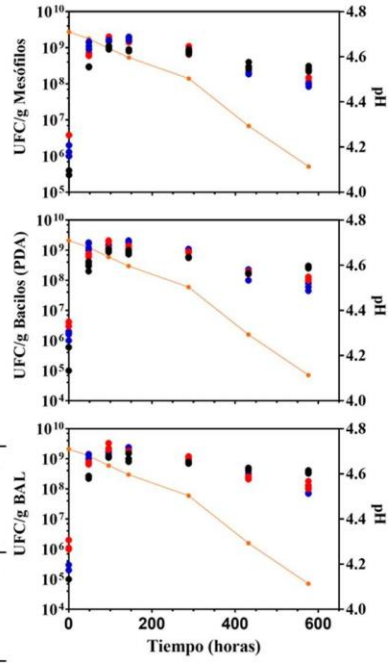
Resultados. En la figura 1b se observa que la mayoría de las bacterias mesófilas corresponden a bacterias lácticas presentes en la materia prima. La poblaciónalcanza el nivel máximo a las 96 horas y se mantiene constante hasta las 300 horas, después de este tiempo,disminuye lentamente. Las bacterias lácticas al final del proceso identificadas son *Lactiplantibacillus* sp, *Leuconostoc* sp, *Lacticaseibacillus* sp y *Enterococcus* sp. La DIVMS del ensilado es similar a la del maíz, lo que sugiere que éste podría ser un producto excelente para la alimentación de vacas lecheras (Figura 1c).

Conclusiones. El ensilaje de la pulpa del magueyse lleva a cabo con las bacterias lácticas de la misma, y presenta una alta digestibilidad in vitro de materia seca.

a)



b)



c)

Degradación in vitro de la MS de pulpa de agave fresca y ensilada

		Repeticiones			
	M	1	2	3	Prom.
Pulpa fresca	1	79.83	77.84	75.4	77.85
	2	77.96	77.84	78.26	
Pulpa ensilada	1	63.36	74.54	74.72	71.69
	2	74.68	72.48	65.36	

Fig. 1. a) Desfibrado de pulpa de pencas. b) cinéticas del ensilado (cadapunto de color representa una réplica de silo, línea naranja – pH, c) DIVMS (%)

Agradecimiento. Al Dr. Gustavo Viniegra por la idea deensilar la pulpa. A Valeria Guzmán por haber iniciado lostrabajos. Esta investigación se llevó a cabo con el proyecto de grupo CONACYT 1312409 (Fronteras de laCiencia 2020).

Bibliografía.

Mora-López, J. L., Reyes-Agüero, J. A., Flores-Flores, J. L.,Peña-Valdivia, C. B., & Aguirre-Rivera, J. R. (2011). Variación morfológica y humanización de la Sección Salmianae del género Agave. Agrociencia, 45, 465–477.

Valdez-Cepeda, R. D., Marquez-Madrid, M., Blanco-Macías, F., Vázquez-Alvarado, R. E., & Santos-Haliscak, J. A. (2012). Atributos forrajeros del maguey. RESPYN (Revista Salud Pública y Nutrición), 04, 129-138.

Galina, M. A., Ortiz-Rubio, M. A., Guerrero, M., Mondragón,

D. F., Franco, N. J., & Elías, A. (2008). Efecto de un ensilado de maíz solo o inoculado con un probiótico láctico y adicionado con un suplemento nitrogenado de lento consumo en ovinos. Avances en investigación Agropecuaria, 12(2), 23-34.

DETERMINACIÓN DE COMPUESTOS CON POTENCIAL PARA LA REGENERACIÓN EPITELIAL DE EXTRACTOS DE FRUTOS Y CULTIVOS *IN VITRO* DE *Randia* sp

Paulina Bernal-Arriaga[1*], Juan Orozco-Villafuerte[2], Carla García-Morales[1], Carmen Hernández-Jaimes[1], LeticiaBuendía-González[1]. [1]Facultad de Ciencias, [2]Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, Estado de México C.P. 50200.
pbernal.bt@gmail.com

Palabras clave: Randia sp., *cultivo in vitro, regeneración epitelial*

Introduction. Recientemente, las propiedades dermoprotectoras de las plantas han sido aprovechadas por la industria farmacéutica y cosmetológica, debido al descubrimiento de compuestos fitoquímicos con actividad antioxidante involucrados en modular la respuesta inflamatoria y acelerar el proceso de regeneración epitelial, estas bioactividades han sido asociadas a la presencia de compuestos fenólicos, principalmente los flavonoides, loscuales han demostrado que son capaces de promover la migración de fibroblastos al mimetizar la actividad de moléculas como el factor de crecimiento transformante β (TGF-β) [1]. Por otro lado, el cultivo de tejidos vegetales representa una alternativa novedosa que garantiza homogeneidad en la producción de compuestos bioactivos de plantas [2]. Las plantas de crucetillo (*Randia* sp.) son usadas en la medicina tradicional para el tratamiento de afecciones de la piel [3]. Por lo que el presente trabajo tienecomo objetivo obtener extractos de frutos y de cultivos *in vitro* de *Randia* sp., para determinar la actividad antioxidante, el contenido de fenoles y flavonoides, y en unestudio posterior, conocer su capacidad regenerativa.

Metodología. Biomasa liofilizada de frutos (F) de *Randia* sp., así como de plántulas germinadas *in vitro* (P) y cultivos de células en suspensión (CS), fue empleada enla elaboración de extractos a partir de su macerado conlos solventes: agua (A), etanol (E), metanol (M), E-A (1:1) y M-A (1:1) durante 1 h, asistidos por baño ultrasónico a 54 KHz durante 1 h. A los extractos y al licor artesanal de *Randia* sp. (AG), se les determinó el contenido de fenoles totales por el método de Folin-Ciocalteau, flavonoides por el método de tricloruro de aluminio, y la capacidad antioxidante por los métodos de los radicales ABTS y DPPH. Todos los ensayos fueron realizados por triplicado y sujetos a un análisis de varianza, y la comparación de medias por la prueba de Tukey (p<0.05).

Resultados. De los 16 extractos obtenidos, se observó unsignificativamente mayor contenido de fenoles totales en los extractos hidroalcohólicos provenientes de plántulas (Fig. 1). Por otro lado, el mayor contenido de flavonoides se encontró en el extracto metanólico de plántulas. Y en términos generales, el tejido que mostró la mayorpresencia de fenoles y flavonoides es la plántula (Fig. 1), respecto al tipo de solvente, los hidroalcohólicos muestran el mayor contenido de fenoles totales, mientras que, para el casode flavonoides, el licor artesanal mostró altos contenidos. Respecto a las diferencias en el tipo de tejido, se pueden atribuir al grado de diferenciación de las plántulas, ya que la síntesis de metabolitos secundarios puede estar asociada a tejidos o célulasespecializadas [2].

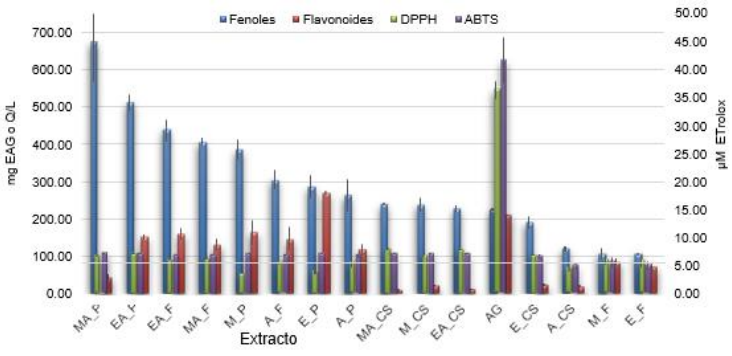


Figura 1. Contenido de fenoles y flavonoides y **c**apacidad antioxidante, de los extractos de *Randia* sp.

El contenido de fenoles totales en plántulas (63.24 mgEAG/g extracto) es similar a lo reportado para extractos etanólicos de hojas de *R. uliginosa* (85 mgEAG/g extracto) [4]. En contraste, sehan encontrado 413 mg EAG/g extracto en *R. monantha* [5], lo querepresenta un contenido >10 veces a lo determinado en el presente trabajo. Con lo que respecta a la capacidad antioxidante,no se observaron diferencias en los extractos de los diferentes tejidos, pero el extracto artesanal mostró mayor actividad (Fig. 1).

Conclusiones. Los extractos provenientes de *Randia* sp. son unafuente potencial de compuestos fenólicos y flavonoides de elevada capacidad antioxidante que podrán ser utilizados posteriormente en la evaluación de su potencial regenerativo en líneas de cultivo celular.

Agradecimientos.Los autores agradecen el financiamiento parcial a través delproyecto 6187/2020CIF.

Bibliografía.

di Martino, O., et al., (2017). *BioMed Res. Int*., 2017, 1–9.

Smetanska, I. (2018). *Bioprocessing of Plant In Vitro Systems* (1–45).

Gallardo-Casas, et al., (2012). *J Venom Anim Toxins Incl Trop Dis.* 18(3), 287–294.

Gulnaz, A. R., et al., (2014). *Int L Curr Microbiol Appl Sci,* 3(6), 1–12.

Juárez-Trujillo, et al., (2018). *Ind Crop Prod*, 124(2018), 53–58.

CULTIVO *IN VITRO* DEL HONGO ECTOMICORRÍZICO *LACCARIA TRICHODERMOPHORA* Y SU EFECTO SOBRE LA INFECTIVIDAD

Alberto Campos-López[1], Norma A. Valdez-Cruz[1], Roberto Garibay-Origel[2], Mauricio A. Trujillo-Roldán[1]
[1]Unidad de Bioprocesos, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, C.P. 70228, 04510 Cd. Mx., México. [2]Laboratorio de Sistemática y Ecología deMicorrizas, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, C.P. 70614, 04510 Cd. Mx., México.

maurotru@gmail.com

Palabras clave: Ectomicorriza, in vitro, biofertilizante

Introducción. Los hongos ectomicorrízicos (HEM) juegan un papel crucial en la adquisición y transporte denutrientes hacia sus hospederos (1). Debido a esto han cobrado relevancia como biofertilizantes. Para la producción de inóculo vegetativo de HEM una técnica con buenos resultados es el cultivo líquido (2). Sin embargo, uno de los factores de relevancia para el desempeño de estos cultivos es la relación C:N delmedio de cultivo (3). Se ha reportado, *in situ,* que una amplia variedad de especies de HEM son sensibles al aumento en la concentración de N, condición que tiene impacto negativo en la producción de esporomas y micelio extraradical, así como en los niveles de colonización radical (4). Considerando lo anterior en este proyecto se evaluó el efecto del cultivo *in vitro* del HEM *Laccaria trichodermophora* CA15-F10, sometido a diferentes relaciones C:N, sobre su infectividad.

Metodología. El cultivo *in vitro* del HEM se realizó siguiendo la metodología usada por Ángeles-Argáiz (5). Se plantearon 4 tratamientos, medio de cultivo BAF (C:N 16:1) y BAF modificado (C:N 20:1, 16:1 y 12:1), usando como fuente de N urea. Para establecer las relaciones C:N se modificó la concentración de la fuente de N, 20:1 (0.440 g/L),16:1 (0.554 g/L) y 12:1 (0.747 g/L),manteniendo la fuente C constante (10 g/L de glucosa). Para controlar la alcalinización del medio se adicionó Buffer MES 0.1 M a los tratamientos con medio BAF modificado. Una vez obtenido el micelio se inocularon plantas de *Pinus montezumae* para determinar el porcentaje de colonización radical a 3 y 6 meses.

Resultados. En la revisión a 3 meses el mayor porcentaje de colonización se observó en el tratamiento BAF (44.87± 2.07%) y C:N 16:1 (43.50 ± 4.68%), mientras que el menor porcentaje de colonización se presentó en el tratamiento C:N 20:1 (31.02 ± 2.13%) y C:N 12:1 (35.02 ± 2.95%) ($p<0.001$) (**fig. 1**). En la revisión a 6 meses se observó mayor variabilidad en el porcentaje de colonización en comparación con la revisión a 3 meses (**fig. 1**). El tratamiento que presentó el menor porcentaje de colonización fue la relación C:N 12:1 (32.00 ± 8.69%), mientras que el tratamiento con mayor porcentaje de colonización fue BAF (59.90 ± 7.98%). Sin embargo, este resultado no fue estadísticamente diferente del tratamiento C:N 16:1 (49.83 ± 6.93%) y 20:1 (49.04 ± 4.87%) ($p<0.001$).

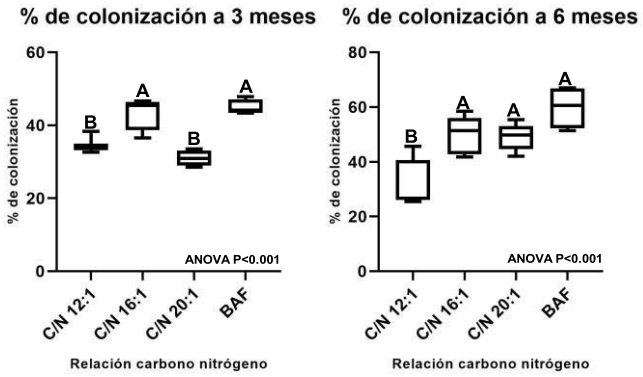


Fig. 1. Porcentaje de colonización radical en *Pinus montezumae* a 3 y 6 meses después de la inoculación.

Conclusiones. De manera similar a lo reportado en los trabajos realizados *in situ* el porcentaje de colonización micorrízico se vio afectado negativamente en el micelio que fue cultivado *in vitro* bajo una concentración de N mayor. Es posible que el micelio del HEM contienda con esta condición ajustando su metabolismo, favoreciendo rutas cataleróticas para metabolizar el N asimilado, lo cual podría afectar la síntesis de compuestos necesariospara el establecimiento de la simbiosis ectomicorrízica

Agradecimiento. Posgrado en Ciencias Bioquímicas, UNAM, CONACYT (becas de doctorado CVU. No. 553999) y Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT- UNAM IT-200719). Programa Institucional del Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM: “La producción de biomoléculas de interés biomédico en bacterias y hongos”.

Bibliografía.

Brundrett, M, C. 2009. *Plant and Soil* 320 (1) : 37-77.

Rossi, M, J; Furigo Jr, A Y Oliveira, V, L. 2007. *Food Technol. Biotechnol.* 45 (3) : 277-286.

Fazenda, M, L; Seviour, R; McNeil, B y Harvey, L, M. 2008. *Adv.Appl. Microbiol.* 63 : 33-103.

Stuart, E, K y Plett, K, L. 2020. *Front. Plant Sci.* 10 : 1658.

Ángeles-Argáiz, R, E; Carmona-Reyes, I, A; Quintero-Corrales, C, A; Medina-Macías, F, J; Blancas-Cabrera, A; Valdez-Cruz, N,A; ... y Garibay-Orijel, R. 2020. *Fungal Biotechnology*. 124 (3-4) : 205-218.

IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES DE MICROSATÉLITES EN *LIMULUS POLYPHEMUS*, UTILIZANDO TÉCNICAS DE SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACIÓN

Juan José Sandoval-Gío[1], Roberto Zamora-Bustillos[2], Reyna Cristina Collí-Dulá[3], José Francisco Jiménez Sosa[2], Héctor Javier Ortiz-León[4]. [1]Tecnológico Nacional de México campus Tizimín, Tizimín, Yucatán, México, [2]Tecnológico Nacional de México campus Conkal, [3]CINVESTAV-IPN Unidad Mérida, [4]Tecnológico Nacional de México campus Chetumal.
juan.sandoval@ittizimin.edu.mx

Palabrasclave: Marcadores moleculares, microsatélites, Limulus polyphemus

Introducción. En los últimos años, gracias al vertiginoso avance de las técnicas moleculares, se han desarrollado múltiples marcadores para evaluar la variación genética de las especies. El estudio de las secuencias de microsatéliteses de gran utilidad, ya que son una de las más variables dentro del genoma. Se caracterizan por una alta heterocigosidad y la presencia de múltiples alelos que hancontribuido, junto con su codominancia, a convertirlo en el marcador molecular de preferencia en la actualidad. El objetivo del trabajo es identificar marcadores microsatélitesde novo de *Limulus polyphemus* para su aplicación en genética de poblaciones mediante la técnica de secuenciación masiva.

Metodología. Se recogió la hemolinfa, de ellas se extrajo el ADN para ser secuenciado por técnicas de segunda generación, y el análisis se realizó en forma silica, finalmente, se seleccionaron tetranucleótidos de 4, 5 y 6 repeticiones. Una vez obtenidas las secuencias, se diseñaron 15 pares de cebadores con el programa Primers3, posteriormente validados en 20 individuos de unapoblación de Río Lagartos.

Resultados. Del análisis de 57 millones de lecturas, segeneraron 71 microsatélites de tipo trinucleótido, 43 decinco repeticiones, 21 de seis repeticiones, cinco de siete repeticiones, mientras que, para los tetranucleótidos, se identificaron 84 de cuatro repeticiones, 11 de cincorepeticiones y cinco de seis repeticiones. Se observó que la mayor proporción de secuencias se encuentran en losmicrosatélites que tienen un menor número de repeticiones. mientras aumenta el número de repeticiones, disminuye elnúmero de lecturas y viceversa, esto posiblemente se deba a la misma naturaleza del genoma de esta especie, donde no ha evolucionado durante millones de años, lo cual no ha permitido que existan cambios morfológicos en varias erasgeológicas, como se evidencia con su ancestro *Limulusdarwini* de 148 millones de años atrás.

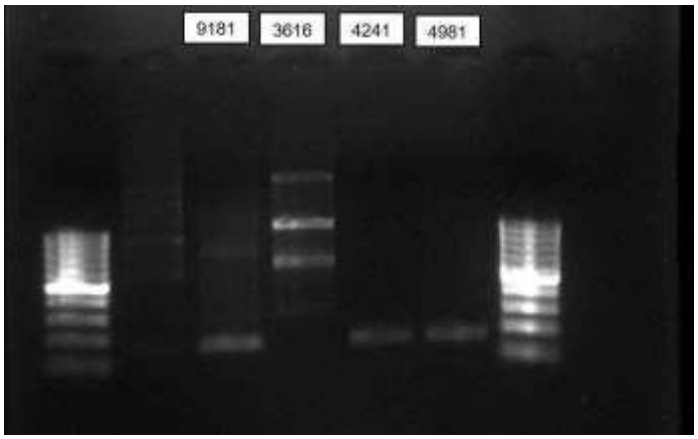


Fig 1. Imagen del gel de agarosa resultado de la validación de las tallas de microsatélites en gel de agarosa.

Conclusiones. La técnica de secuenciación masiva delADN de nueva generación es una técnica avanzada, la cual nos permitió generar un número adecuado de marcadores moleculares tipo microsatélites para la apli- cación de estudios genéticos poblacionales.

La siguiente etapa del trabajo consistiría en validar estos microsatélites en geles de poliacrimida para evaluar el nivel de polimorfismo que presentan, y su posterior aplicación en la genética de la conservación de poblaciones de esta especie.

Agradecimiento. Se agradece al TecNM por el apoyo financiero del proyecto 10162.21-P.

Bibliografía.

Chambers, G. K, y MacAvoy, E. S. (2000). Microsatellites: consensus and controversy. Comparative Biochemistry and Physiology, 126: 455-476.

Kin, A. y Błazejowski, B. (2014). The Horseshoe Crab of the Genus Limulus:Living Fossil or Stabilomorph? PLoS ONE 9(10): e108036. doi:10.1371/journal.pone.0108036

King, T. L. y Eackles, M. S. (2004). Microsatellite DNA markers for the studyof horseshoe crab (*Limulus polyphemus*) population structure. Mol. Ecol. Notes (2004) 4, 394–39.

EFECTO DEL ALUMINIO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE BETALAÍNAS EN SUSPENSIONES CELULARES DE *Stenocereus queretaroensis*

Lizbeth A. Castro-Concha, Angela Kú-González, Luis J. Estrella-Massa, M. de Lourdes Miranda-Ham y S.M. Teresa Hernández-Sotomayor, Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. Calle 43 No. 130 x 32 y 34, Colonia Chuburná de Hidalgo, 97205, Mérida, Yucatán, México.
liarcaco@cicy.mx

Palabras clave: Aluminio betalaínas, confocal

Introducción. Las betalaínas son una clase de pigmentos nitrogenados encontrados en plantas pertenecientes al orden de las Caryophyllales, a la cual pertenece *Stenocereus queretaroensis*, cuyo fruto denominado pitaya, acumula grandes cantidades de estos compuestos, lo que representa una alternativa para la obtención de pigmentos naturales. Sin embargo, dado su lento ciclo de desarrollo y su naturaleza estacional, se ve muy limitada la posibilidad de obtener estos pigmentos a partir de sus frutos. Es, por esto, que los sistemas de cultivo *in vitro* de células vegetales se han propuesto como una plataforma para la producción alternativa de betalaínas (1). Por otro lado, el uso de Al como inductor y el efecto benéfico que pudiera tener sobre la productividad de estos pigmentos, es de importancia en el estudio de este cultivo, y nos genera conocimiento sobre las respuestas fisiológicas de las plantas a este compuesto. La presente investigación tuvo como objetivo general, evaluar el efecto de Al sobre el contenido de betalaínas en suspensiones celulares de *S. queretaroensis.*

Metodología. Las suspensiones celulares de pitaya fueron cultivadas de acuerdo con la metodología descrita por Miranda-Ham *et al*., (2). Para el caso de los experimentos con Al (500 µM), el medio fue modificado a la mitad de su fuerza iónica y a un pH de 4.3 (3). El contenido de pigmentos se determinó por el método espectrofotométrico, reportado por Cai *et al*., (4). Para el análisis de localización y distribución de Al en los cultivos celulares, se utilizó la técnica de co-localización por microscopía confocal, microscopio FV1000 Olympus con filtros para DAPI (λ 405) y Morin para Al (λ488). La suspensión celular tratada con $AlCl_3$ 500 µM durante 24 h, fue fijada con formaldehido al 4%, para su análisis al microscopio, se empleó DAPI como referente nuclear.

Bibliografía.

Araujo J.L., Castro-Concha L.A., Morales-Morales J.A. y Miranda-Ham M.L. (2019). *Desde el* Herbario.11: 235-239.

Miranda-Ham M.L., López-Gómez R., Castro-Concha L., Chrispeels A., Hernández H., Loyola-Vargas V.M. (1999).*Phyton-Int. J. Exp. Bot*. 65: 27-33.

Pech-Kú R., Muñoz-Sánchez J.A., Monforte-González M., Vázquez-Flota F., Rodas-Junco B.A., González-Mendoza

V.M. y Hernández-Sotomayor S.M.T. (2017). *J. Inorg. Biochem*. 181: 177-182.

Cai Y., Sun M., Wu H., Huang R. y Corke H. (1998). *J. Agr. Food Chem*. 6: 2063-2070.

Resultados.

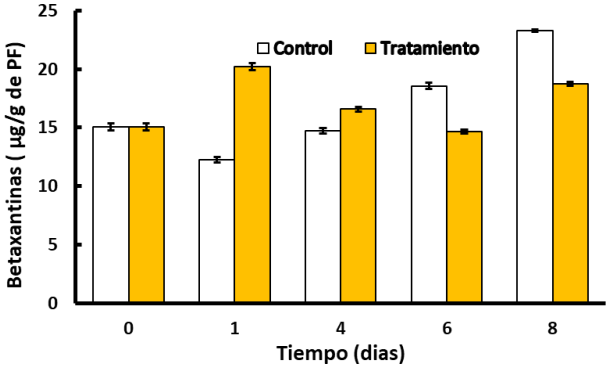


Fig. 1. Contenido de betaxantinas en las células control y en aquellas tratadas con Al (500µM).

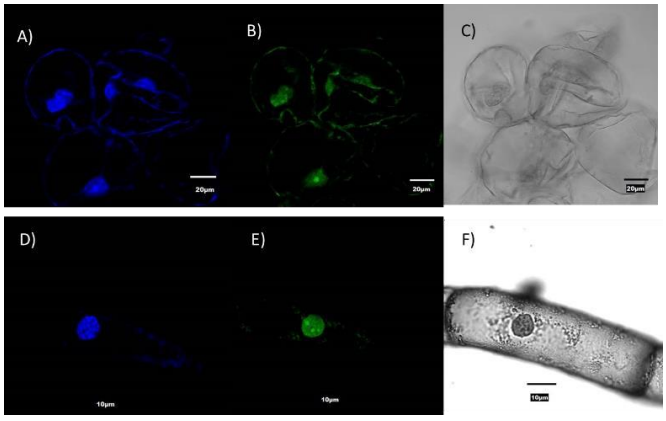


Fig. 2. Microscopía confocal. A y D, DAPI, B) y E) fluorocromo Morin en laser 488, C) y F) campo claro de células en suspensiónde *S. queretaroensis*, tratadas con Al.

Conclusiones. El contenido de betaxantinas en la suspensión celular de *S. queretaroensis*, presenta su mayor acumulacióna las 24 h de tratamiento con $AlCl_3$. Estos datos concuerdan con los observados en el microscopio confocal. Se puede observar, la acumulación en núcleo, nucléolo y la membrana nuclear, así como en la pared celular. Estos datos nos hacen suponer un posible efecto del Al sobre la concentración de pigmentos en estos cultivos.

EVALUACIÓN DE CONSORCIOS BACTERIANOS CON CAPACIDAD DE PROMOCIÓN DELCRECIMIENTO VEGETAL (BPCV) CONTRA HONGOS FITOPATÓGENOS

Soley B. Nava Galicia, Mónica Juárez Alonso, Brenda Azcárraga Salinas, Diana V. Cortés Espinosa, Martha D. Bibbins Martínez. Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada (CIBA) Unidad Tlaxcala, Instituto Politécnico Nacional.
snava@ipn.mx

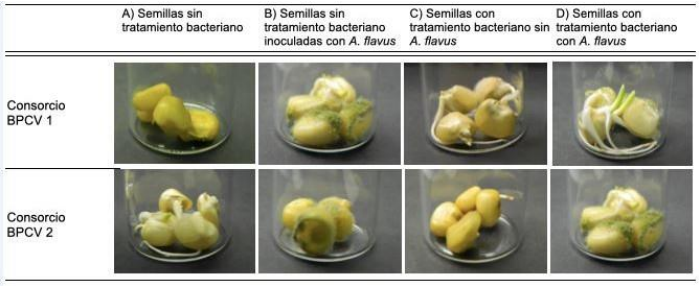
Palabras clave: Consorcios BPCV, hongo fitopatógeno, maíz

Introducción. La producción agrícola se ve afectada ensu rendimiento y calidad de producción, por ataque de una diversidad de fitopatógenos, principalmente hongos y bacterias. Por otra parte la competencia por nutrientes y espacio en un hábitat particular conlleva a que bacterias segreguen compuestos antimicrobianos para competir contra los hongos(1). Algunas bacterias beneficiosas tienen la capacidad de promover el crecimiento de las plantas, degradar compuestos tóxicos y/o inhibir el crecimiento de organismos patógenos en el ambiente, por lo que podrían incrementar el rendimiento de los cultivos y disminuir problemas de contaminación del suelo, especialmente donde los pesticidas y fertilizantes han sido utilizados indiscriminadamente. El presente estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de consorcios de BPCV contra *A. flavus,* fitopatógeno de diversos cultivos de importancia económica y cultural, como lo es el maíz ennuestro país.

Metodología. Se realizaron biensayos en granos delíneas de maíz previamente clasificadas en campo como resistentes (MR1) y susceptibles (MS1) a la infección por *A. flavus.* Las semillas desinfectadas se colocaron en la solución bacteriana a una concentraciónde $1.5X10^7$ UFC por 24 h, posteriormente a cada semilla se le realizó una herida de una profundidad de 0,5 cm a la altura del embrión con una aguja parafacilitar la infección por *A. flavus*, 4 semillas fueron colocadas en viales de vidrio de 20 ml esterilizados y seinocularon con 200 ul de una suspensión de esporas ($1X10^6$ esporas/ml) de *A. flavus* para posteriormente ser incubados en una cámara húmeda 28ºC/7 días(2).

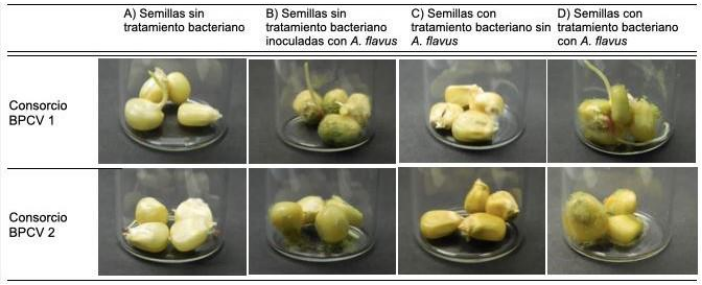
Resultados. En la figura 1, se muestran los resultados de los tratamientos realizados en semillas MR1. Se observó que el consorcio1 favorece la germinación y limita la esporulación y crecimiento de *A. flavus.* El tratamiento sólo con el consorcio bacteriano C muestra una clara inducción de la germinación de semillas yreducción de la esporulación de *A. flavus* esto en comparación con los controles sin BPVC (A) y sólo con *A. flavus* (B) respectivamente, por otra parte, las semillas con tratamiento de consorcios bacterianos (BPCV) e infectadas con *A. flavus* (D) presentan semillas con sistema radícular, mesocotilo y coleóptilo con partes fotosintéticas, a pesar de que no fue evitado el desarrollo de *A. flavus* se puede observar que laproducción de esporas del hongo fitopatógeno es menor($1X10^3$ esporas/ml) comparado con el control ($1X10^6$ esporas/ml) (B) así como en el consorcio (2D). Por otra parte, el tratamiento con el consorcio 2 no muestra germinación de semillas a las 24 h y el desarrollo de *A. flavus* fue favorable.

Fig. 1. Bioensayos sobre semillas MR1



En la figura 2 se muestra el bioensayo para semillas susceptibles MS1. Para las semillas evaluadas con el consorcio1 (C), se observó que la germinación de las semillas después de 24 hr fue menor comparado con el control y con la germinación de semillas MR1, sin embargo, hay una reducción en el desarrollo de *A flavus,* (D). Por otra parte el tratamiento con el consorcio 2, mostró el menor porcentaje de germinación de semillas de maíz (70%) en 24 h. A pesar de esto también se observó efecto del consorcio bacteriano en contra de *A. flavus* (D).

Fig. 2. Bioensayos sobre semillas MS1



Conclusiones. El consorcio BPCV 1 favoreció la germinación en semillas MR1 y MS1, ademas de limitar la proliferación de *A. flavus*, efecto particularmente importante en las semillas delíneas susceptibles a este fitopatógeno (MS1).

Agradecimiento. Al Instituto Politécnico Nacional, al proyecto SIP 20211794, por el apoyo para realizar esta investigación.

Bibliografía.

Kumar, et al. (2002). Current Science, 82(12), 1463-1466.

Christensen, S. et al (2012). J. of visualized experiments : JoVE, (62), 3727.

PRODUCCIÓN MIXOTRÓFICA DE ÁCIDO EICOSAPENTAENOICO EN CULTIVOS DE UNA CEPA SILVESTRE Y UNA MUTANTE DE *Phaeodactylum tricornutum* UTEX 646 COMOFUNCIÓN DEL COEFICIENTE DE TRANSFERENCIA DE OXÍGENO

Tomás García, Tania Castillo, Enrique Galindo. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México,México.
tomas.garcia@ibt.unam.mx

Palabras clave: Phaeodactylum tricornutum, ácidos grasos, mixotrofía

Introducción. Los ácidos grasos poliinsaturados (PUFAs) omega-3 (ω-3) se han reconocido por sus propiedades terapéuticas. Dentro de este grupo destaca el ácido eicosapentaenoico (EPA, 20:5). Entre los potenciales usos del EPA se encuentran la prevención, control y tratamiento de diversos desórdenes fisiológicos (1). La fuente tradicional de EPA es el aceite de pescado, sin embargo, la obtención y purificación de EPA a partir de esta fuente presenta problemas por la posible presencia de metales y contaminantes orgánicos (2). La microalga *Phaeodactylum tricornutum* es un microorganismo con alto potencial biotecnológico, debido a su capacidad de producir EPA (3). La generación de cepas mutantes ha permitido la exploración de cultivos de *P. tricornutum* en condiciones de mixotrofía (2). El objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto del suministro de oxígeno en cultivos de *P. tricornutum* UTEX 646 y su derivada genética LK1 bajo condiciones de mixotrofía empleando glucosa como fuente de carbono.

Metodología. Se hicieron cultivos en biorreactor de 1L con las cepas de *P. tricornutum* UTEX 646 (WT) y LK1. Se evaluaron dos condiciones de transferencia de oxígeno (k_La): 66 h^{-1}(150 rpm, 0.66 vvm) y 122 h^{-1}(250 rpm, 0.66 vvm). El k_La se estimó de forma indirecta a través del método del sulfito. Los cultivos se desarrollaron con una intensidad luminosa de 60 µE, con periodos de luz/obscuridad de 16 h/ 8 h a 20 ºC. El medio se suplementó con 1 g L^{-1} de glucosa como fuente de carbono. En todos los cultivos se realizó la caracterización cinética del crecimiento por conteo celular. La biomasa total se evaluó por peso seco. Se obtuvieron los perfiles de ácidos grasos y se cuantificó la concentración de EPA mediante cromatografía de gases (GC-FID). Los cultivos se realizaron por triplicado. El análisis estadístico se realizó por Anova de un factor con prueba Tukey.

Resultados. En la **Tabla 1** se presenta la velocidad especifica de crecimiento (µ) en cada una de las condiciones evaluadas en este trabajo. Los valores de µ más altos se obtuvieron en los cultivos de ambas cepas a un bajo k_La (66 h^{-1}), . Por otra parte, respecto a la biomasa total se obtuvo un promedio 0.7 g L-1 en las clonas LK1 y Wt a un k_La de 66 h^{-1} y en la Wt a un k_La de122 h^{-1}. Mientras que en la clona LK1 en k_La=122 h^{-1} disminuyó significativamente ($p\leq$ 0.05). Respecto al porcentaje de lípidos totales, este fue mayor en los cultivos de ambas cepas desarrollados a un bajo k_La (66 h^{-1}). En términos del contenido de EPA en la biomasa seca, como se muestra en la **Tabla 2,** el promedio de este fue cercano a los 35 mg EPA $gBio^{-1}$ en la clona LK1 en las dos condiciones de transferencia de oxígeno y en la Wt en k_La=122h^{-1}. Sin embargo, estecontenido disminuyó 46 % en los cultivos de la cepa silvestre a baja transferencia de oxígeno. La mayor producción volumétrica de EPA se obtuvo en los cultivos de la clona LK1 abaja transferencia de oxígeno y en la cepa silvestre a alta transferencia de oxígeno, en contraste se presentó una disminución en la producción de EPA (1.8 veces) en la clona LK1 a un alto k_La (66 h^{-1}) y (1.6 veces) en la cepa silvestre a unbajo k_La (66 h^{-1}), respectivamente.

Finalmente la clona LK1 mostró el mayor porcentaje de ácidos grasos insaturados y el mayor porcentaje de EPA en la mezcla de ácidos grasos, en las condiciones de alta y bajatransferencia de oxígeno, respectivamente.

Tabla 1. Parámetros de crecimiento, producción de biomasa y porcentaje de lípidos.

Parámetro	k_La (h^{-1}) 66		122	
	LK1	Wt	LK1	Wt
µmáx(d^{-1})	0.84 ± 0.03^a	0.68 ±0.04^b	0.52 ± 0.03^c	0.46 ± 0.02^d
Biomasa (g L^{-1})	0.8 ± 0.2^a	0.7 ± 0.1^a	0.4 ± 0.1^b	0.6 ± 0.1^{ab}
Lípidos (%)	29 ± 2^a	26 ± 3^{ac}	19 ± 3^b	23 ± 2^{bc}

Tabla 2. Contenido, producción y porcentaje de EPA en cultivos de *P. tricornutum*

Parámetro	k_La (h^{-1}) 66		122	
	LK1	Wt	LK1	Wt
Contenido EPA (mg EPA $gBio^{-1}$)	33.2 ± 1.7^a	18.9± 0.7^b	35.9 ± 3.5^a	35.4 ± 3.5^a
Producción EPA (mg L^{-1})	26.6± 2.3^a	13.2 ± 3.8^b	14.5 ± 4.9^b	21.4 ± 5.6^{ab}
%EPA/TFA	30.6± 0.32^a	29.2± 0.18^b	21.6± 1.2^c	26.3± 2.4^d
%Insaturados/TFA	81.1± 0.3^a	70.4± 0.9^b	84.7±1.3^c	79.6±1.1^d

Conclusiones. Se determinó por primera vez el efecto de la transferencia deoxígeno (kLa) en cultivos de *P. tricornutum.* Se encontró que elkLa afecta de forma diferente la producción de EPA en funciónde la cepa.

Agradecimiento. Beca CONACyT 1003191; Fresenius Kabi GmBH, proyecto P-9687 IBt-UNAM; L. C. Krämer (Goethe University Frankfurt).

Bibliografía.

Sang, M., *et al.* (2012). *J. Ocean Univ. China*. 11(2):181–186.
Mühlroth, A., *et al.* (2013). *Marine Drugs*, 11(1), 4662–4697.
Perez-Garcia *et al.*, (2011). *Water Research, 45*(1), 11–36.

ANÁLISIS COMPARATIVO ENTRE FERMENTACIÓN SÓLIDA Y LIQUIDA PARA LA PRODUCCIÓN DE *Metarhizium rileyi* (Nm017)

Jaime Rocha, Ginna Quiroga, Leyanis Mesa, Paola Cuartas· Corporación colombiana de investigación agropecuaria – Agrosavia, Centro de investigación Tibaitatá, km 14 vía Mosquera –Bogotá, Colombia, C.P. 250047.
jrocha@agrosavia.co

Palabras clave: Fermentación sólida, fermentación líquida, Metarhizium rileyi

Introducción. *Metarhizium rileyi* es un importante hongo entomopatógeno reportado como controlador de 30 especies de larvas de lepidópteros (1). Para la obtención deconidios de *M. rileyi* se han utilizado dos metodologías tradicionales de producción: fermentación líquida sumergida (FLS) y fermentación en estado sólido (FSS). SSF es un método factible en la obtención de conidios fúngicos para su uso como bioplaguicidas, debido fundamentalmente a la estabilidad, fortaleza, capacidad delos conidios de soportar los procesos downstream y actividad biológica en invernadero y campo. La FLS permiteun mejor control del proceso y una disminución en los tiempos de operación lo que influye en los costos de operación del proceso, aunque las estructuras que se obtienen en todos los casos no son conidios lo que puede modificar la actividad biológica, así como el proceso de formulación (2). El objetivo de este estudio fue analizar y comparar ambas técnicas de fermentación para la producción de *M. rileyi*.

Metodología. Para la fermentación sólida de *M. rileyi Nm017* RNC (Registro Nacional de Colecciones Biológicas), con número de registro 129-Banco de Germoplasma de Microorganismos – AGROSAVIA, se utilizó una técnica estandarizada del Departamento de Bioproductos de Agrosavia (arroz partido y suplementos devitaminas y nitrógeno). La inoculación del medio se realizó mediante una suspensión de conidios ($4{,}6x10^7$ conidio/mL)y la incubación a 25 ± 2°C, humedad relativa de 40 ± 10% con luz LED durante 7 días, y luego 7 días de secado bajo las mismas condiciones. En el caso de la fermentación líquida se empleó el medio Adamek (3), Suplementado conuna fuente de vitaminas y un agente osmótico. La inoculación se realizó a partir de un preinóculo de 24 h crecimiento con el mismo medio de cultivo. Las condicionesde incubación fueron: 25 ± 2°C, 100 rpm y luz LED por 3 días. Al finalizar la fermentación, se determinó la concentración de esporas (hemocitometro) y la biomasa obtenida por tamizaje para FSS y centrifugación para FLS.

Resultados. La FSS muestra rendimientos máximos de $1{,}53x10^9$ conidios/g (Tabla 1). La esporulación sobre sustrato solido permite generar conidios aéreos en mayor cantidad en periodos de tiempos elevados para las necesidades productivas (1). En relación con la FLS se evidencian periodos de fermentación inferiores a la sólida yse lograron obtener concentraciones máximas de $1{,}21X10^7$ blastosporas/mL en 4 días de fermentación (Tabla 1). Se evidencia que la fermentación solida genera rendimientos biomasa/sustratos mayores al 100% comparado con lafermentación liquida, que genera estructuras propias del cultivo sumergido (blastosporas). La FSS es una alternativa adecuada para la producción de esporas de *M. rileyi* debidoal mayor rendimiento de esporas y biomasa. Además, los sustratos sólidos pueden ser residuos contribuyendo al impulso de la bioeconomía, aunque su manejo puede ser complicado. La fermentación sumergida es una alternativa promisoria ya que permite obtener esporas en menor tiempo, aunque se debe continuar trabajando para aumentar la concentración de esporas y la biomasa (5).

Tabla 1. Comparación entre FSS y FLS de *M. rileyi* Nm017.

CONCENTRACIÓN	FSS	FLS
Esporas (Esp/g -mL)	$1{,}53\pm 0{,}78x10^9$	$1{,}21\pm 1{,}43x10^7$
Biomasa (g/kg -mL)	14,2	0,52

Conclusiones. La FLS reduce en 4 días el periodo de incubación del hongo comparado con la FSS. Se evidencia que la FSS genera mayores rendimientos en producción de esporas comparado con la FLS. La FLS muestra un comportamiento prometedor en la generación de estructuras que podrían ser funcionales en aspectos patogénicos.

Agradecimientos. Los autores agradecen al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia - MADR por el apoyo financiero a este proyecto.

Bibliografía.

Fronza E., Specht A., Heinzen H., Monteiro de Barros N. (2017),Biocontrol Scien. Technol., 27(11): 1243–1264.

Faria M., Wraight S., (2007) BioControl, 43:237–256.

Adamek L. (1963) Submerse Cultivation of the Fungus *Metarhiziumanisopliae*, Charles University, Prague.
Song Z., Lin Y., Du F., Y & Wang Z., (2017), Mycology, 8(1): 39-47.

Méndez, A., del Pozo, E., Garcia, I., & Gonzáles, A., (2010). Revista Protección Vegetal, 25(2), 108– 112.

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO Y BIOLÓGICO DEL USO DE CULTIVOS MONOSPÓRICOS DE *Metarhizium anisopliae* CPMa1502 PARA EL CONTROLDE *Demotispa neivai* Bondar (Coleoptera: Chrysomelidae)

Ginna Quiroga-Cubides[1], Jaime Rocha[1*], Luis Guillermo Montes[2], Anuar Morales Rodríguez[2], Martha Isabel Gómez[1], Paola Cuartas-Otálora[1]. [1]Corporación colombiana de investigación agropecuaria – Agrosavia, Centro de investigaciónTibaitata, km 14 vía Mosquera, Colombia; [2]Pestand Diseases Program, Colombian Oil Palm Research Center-Cenipalma, Palmar La Vizcaína Experimental Field, Km 132 Vía Puerto Araujo-La Lízama, Barrancabermeja, Colombia.
jrocha@agrosavia.co

Palabras clave: cultivo monósporico, hongo entomopatógeno, control biológico, Demostispa neiva

Introducción. Los hongos entomopatógenos recolectados en ambientes naturales pueden presentar variaciones en sus propiedades biológicas, físicas, fisiológicas y bioquímicas a causa de su información genética heterogénea [1,2]. Los cultivos monospóricos son la alternativa más utilizada para lograr una mayor estabilidad y proporcionan aislamientos genéticamente homogéneos [2], ideales para procesos de control biológico.

Metodología. Se realizaron cultivos monospóricos *in vitro* del hongo entomopatógeno *Metarhizium anisopliae* CPMa1502 recuperados de insectos esporulados del estadio larvario y adulto de *D. neivai* y *Tenebrio palembus*. Después de la incubación en agar MAYP [3] a 25 ± 2 ° C durante 7 días, se suspendieron en Tween 80 0.1% v/v aquellos que presentaban características similares al aislamiento original, tomando la mínima cantidad de conidios y diluyendo hasta encontrar un conidio por campo de lectura en el hemocitómetro. Las suspensiones se sembraron bajo las mismas condiciones. Con cada cultivo se evaluó la actividad controladora en adultos de *D. neivai*. La inoculación de los insectos se realizó por inmersión en condiciones controladas de laboratorio y utilizando una concentración de $1x10^7$ conidio/mL, que corresponde a LC_{30} previamente determinada. El testigo correspondió alos insectos inoculados con la solución de Tween 80. Lamortalidad se registró luego de 8 y 15 días.

Resultados. Se obtuvieron 27 cultivos monospóricos, con una mortalidad que osciló entre 0 y 53,3%, sin diferencias significativas con el control (Bloque 1 $F_{10,22}$=1,28, p=0,2976; Bloque 2 Pr>Chi-Cuadrado=0,1189, gl=16; Fig. 1). Se seleccionaron seiscultivos monospóricos con la mayor mortalidad (> 30%)y elevada esporulación en los insectos. La actividad biológica de los hongos entomopatógenos puede variar según el estadio del insecto y sus condiciones genéticas, ambientales y nutricionales.

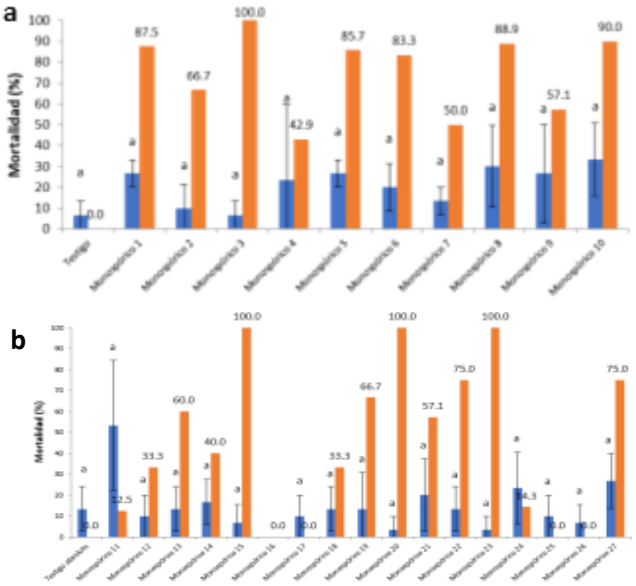


Fig 1. Mortalidad (barra azul) y esporulación (barra naranja) deadultos de *D. neivai* registradas 8 (a) y 15 (b) días después de inoculación.

Conclusiones. La metodología empleada permitió la obtención de 27 cultivos purificados de *M. anisopliae* CPMa1502, procedentes de insectos adultos de *D. neivai* y *Tenebrio sp*. y, de los cuales fueron seleccionados 6 cultivos por destacarse en los ensayos de actividad biológica y esporulación en cámara húmeda. Para demostrar las diferencias insecticidas de estos cultivos monospóricos, se recomienda evaluarlos en un bioensayo en la etapa larvaria, que es más susceptible a la infección por esta cepa.

Agradecimientos. Los autores agradecen al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia - MADR por el apoyo financiero a este proyecto.

Bibliografía.

De La Cruz M, Madrigal H, García C, García S. (2014). Rev. Mex. Ciencias Pecuarias, 5(2):171–180.

Gürlek S, Sevim A, Sezgin F, & Sevim E. (2018). Egypt.J Biolog.Pest Control, 28(1):1–6.

Edelstein J, Lecuona R, Trumper E. (2004) Neotrop, 33(6):737–42.

EFECTO DEL METILJASMONATO EN EL CRECIMIENTO DE CELULAS EN SUSPENSION DE *Tamarindus indica* L.

Francelvia Pérez Hernández[1], Leticia Buendía González[1], Juan Orozco Villafuerte[2].
[1]Facultad de Ciencias, [2]Facultad de Química Universidad Autónoma del Estado México, Km. 14.5 Carretera Toluca-Ixtlahuaca, Unidad "El Cerrillo", C.P.50000 Toluca, Estado de México.
celviperez_qa@hotmail.com

Palabras clave: Tamarindus indica L., Elicitación, Metil jasmonato

Introducción. *Tamarindus indica* es una especie vegetal poco estudiada que presenta propiedades antioxidantes importantes conferidas por la presencia de compuestos fenólicos (1). El cultivo de células en suspensión nos permite controlar y optimizar las condiciones de operación para la producción de biomasa, o bien la producción de metabolitos secundarios (2), además mediante el uso de técnicas de elictación es posible incrementar la producción de biomasa y biosíntesis de un metabolito específico. El objetivo de este trabajo fue aplicar diferentes concentraciones de metil jasmonato (MJ) como elicitor en cultivos de células en suspensión de *Tamarindus indica* para analizar su efecto en el crecimiento celular y posteriormente establecer larelación de este crecimiento con la producción de metabolitos secundarios como flavonoides.

Metodología. Se utilizaron cultivos en suspensión de *Tamarindus indica*, previamente establecidos en el Laboratorio de Biotecnología de la Facultad de Química (UAEMéx), los cuales fueron subcultivados cada 28 días en medio de cultivo MS suplementado con 150 mg/L de ácido cítrico y ascórbico, 500 mg/L de PVP y 0.5 mg/L thidiazuron. Para el ensayo de elicitación se evaluaron tres concentraciones de MJ (50, 100 y 150µM) tomando como tratamiento control el cultivo sin la adición del elicitor; cada tratamiento se activó con 4 g de biomasa y se mantuvieron en incubación a 25 °C durante 28 días. Para evaluar el crecimiento de las suspensionescelulares, se realizaron cinéticas de crecimiento (3) con mediciones cada 4 días durante 21 días. En cada punto de la cinética se colecto la biomasa producida, se filtró alvacío y se sometió a un proceso de liofilización, posteriormente se construyeron graficas de dispersión del peso seco de la biomasa con respecto al tiempo de cultivo.

Resultados. Los resultados mostraron que las células en suspensión de los diferentes tratamientos presentan un crecimiento similar hasta el día 7 de cultivo (Fig.1.), después de ese día se pueden apreciar los efectos en el crecimiento de las diferentes concentraciones del elicitor. Las tres concentraciones de MJ provocaron una disminución en el crecimiento celular, además de que las características físicas del cultivo se vieron afectadas, presentando un grado mayor de oxidación comparadas con el cultivo control.

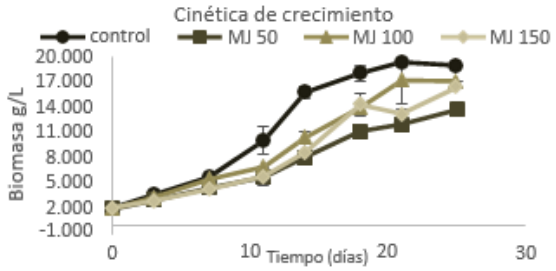


Fig. 1. Cinéticas de crecimiento de cultivos en suspensión de *T. indica* expuestos a diferentes concentraciones de metil jasmonato.

De las tres concentraciones ensayas, la adición de MJ 50 µM provoca el mayor porcentaje de reducción en el crecimiento (61%). Así mismo, los parámetros cinéticos de tiempo de duplicación y velocidad de crecimiento obtenidos (Tabla 1), indican que los cultivos disminuyeron su actividad metabólica con respecto a la división celular, faltando dilucidar si la actividad referente al metabolismo secundario se haya visto favorecida, lo que es potencialmente posible en ensayos de elicitación.

Tabla 1. Parámetros cinéticos evaluados en el cultivo de células ensuspensión de *Tamarindus indica* L.

MJ (µM)	Velocidad de crecimiento (g/día)	Tiempo de duplicación(día)
00 (control)	0.187 ±0.007[a]	3.700 ± 0.245[c]
50 µM	0.088 ± 0.003[c]	7.877 ± 0.355[a]
100 µM	0.088 ± 0.003[c]	7.823 ± 0.250[a]
150 µM	0.136 ± 0.004[b]	5.066 ± 0.131[b]

Conclusiones. La adición de metil jasmonato a los cultivos de células en suspensión de *Tamarindus* indica, promueve una disminución en el crecimiento celular.

Agradecimiento. Los autores agradecen al proyecto 4989/2020CIB (SIyEA-UAEMéx) por el financiamiento del presente trabajo.

Bibliografía.

De Caluwé E, Halamová K, Van Damm P. (2010). *Tamarindus indica*L- A review of traditional uses, phytochemistry and pharmacology. Afrika focus 23(1): 53-83.

Moscatiello, R., Baldan, B. & Navazio, L. (2013). Plant Cell Suspension Cultures. En Maathuis, F. J. M. (Ed.). Plant Mineral Nutrients: Methods in Molecular Biology. Vol. 953. Springer

García, G., Quintero, R. & López, M (1999). Biotecnología alimentaria. LIMUSA Mèxico. 617p.

MEJORAMIENTO EN EL CRECIMIENTO Y CALIDAD NUTRICIONAL DE LA LECHUGA CONLA APLICACIÓN DE EXTRACTO DE ALGA

Ana Patricia Juárez Rangel, María Myrna Solís Oba, Rigoberto Castro Rivera, José Agustín Pacheco Ortiz, Angelica Romero Rodríguez, Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada,Tlaxcala, C.P. 90700.
ing.biotec.rangel@outlook.es

Palabras clave: antioxidantes, urea, sargazo

Introducción. La lechuga es de los vegetales mayormente consumidos en el mundo, aporta una gran cantidad de compuestos que benefician la salud;actualmente existe una creciente demanda por producir alimentos que proporcionen mayor contenido de nutrientes y sean producidos de una manera más ecológica y amigable con el medio ambiente (1). La dependencia de fertilizantes químicos como única fuentede fertilización es a menudo cuestionada como estrategia de gestión sostenible, actualmente se buscanestrategias de manejo integrado de nutrientes que utilizatanto fertilizantes orgánicos como químicos (2). El sargazo es una planta marina que actualmente ha ocasionado grandes problemas por su arribo masivo a playas, sin embargo, estas puede explorarse para su utilización en el sector agrícola como fertilizante orgánico El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto en la altura y contenido de antioxidantes en la lechuga, fertilizada conextracto de sargazo (EA) y urea para reducir la aplicaciónde químicos.

Metodología. La fertilización se realizó con urea (0, 20, 50 y 80 kg N /ha) dosis única y EA (0, 2.5, 5, 7.5, 10 y 20%) aplicado quincenalmente. El cultivo se mantuvo en invernadero durante 60 días. El contenido deantioxidantes se determinó de acuerdo con el método del radical libre 2,2-difenil-1-picrilhidracilo (DPPH) (3). Los resultados se obtuvieron mediante un análisis factorial en el programa OriginPro2019.

Resultados. En la figura 1 se muestra el efecto del EA en las alturas de las lechugas, se observa que en todos los casos las alturas fueron mayores que sin la adición de EA. Aplicando 80 kg N/ha de urea y 7.5% EA la alturaincrementó en 27% respecto a 0% EA.

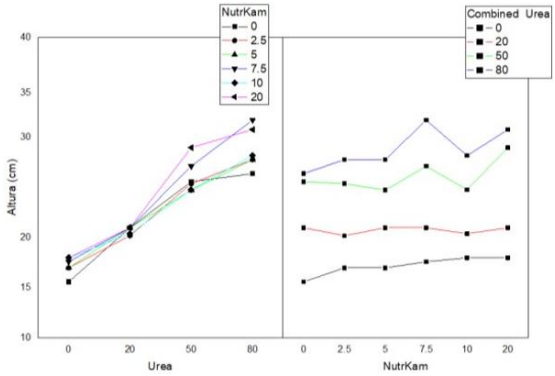


Fig. 1. Interacción de los factores en las alturas.

Con 50 kg N/ha y 20%EA se obtuvieron lechugas más altasreduciendo 30 kg N/ha la dosis de urea.

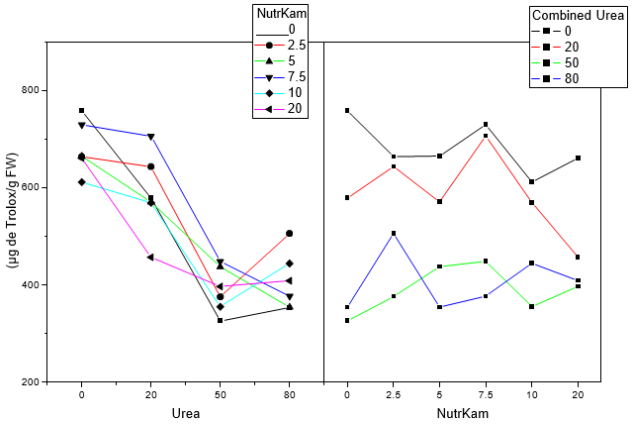


Fig. 2. Interacción de los factores en el contenido de antioxidantes.

En la figura 2 se muestra el contenido de antioxidantes de las lechugas, se observa que la aplicación de EA incrementó el contenido de antioxidantes. Por ejemplo, con 80kgN/ha urea y 2.5% de EA aumentó 42% comparando con el tratamiento sin EA. Con 20 y 50 kg N/ha de urea incrementaron los antioxidantes 22% y 37% respectivamente cuando se aplicó EA a 7.5%, comparando con 0% EA.

Conclusiones. El extracto del alga ayuda a mejorar el crecimiento y la calidad nutricional de la lechuga, aumentando el contenido de antioxidantes en una fertilización mixta con urea a 50 y 80 kg N/ha. La fertilización mixta con el extracto, además permite reducir los requerimientos de urea.

Agradecimiento. A CONACyT por la beca otorgada a la primera autora. Y a la SIP-IPN por el financiamiento.

Bibliografía.

Coria-Cayupán, Y. S., De Pinto, M. I. S., & Nazareno, M. A. (2009). Variations in bioactive substance contents and crop yields of lettuce (*Lactuca sativa L.)* cultivated in soils with different fertilization treatments. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 57(21).

Possinger, Angela R., and José A. Amador. 2016. "Preliminary Evaluation of Seaweed Application Effects on Soil Quality and Yield of Sweet Corn (*Zea Mays L.*)." Communications in Soil Science and Plant Analysis 47(1): 121–35.

Mahlangu, R. I. S., Maboko, M. M., Sivakumar, D., Soundy, P., & Jifon, J. (2016). Lettuce (*Lactuca sativa L.*) growth, yieldand quality response to nitrogen fertilization in a non- circulating hydroponic system. Journal of Plant Nutrition, 39(12), 1766–1775.

EFECTO DE RIZOBACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL (RPCV) EN EL CONTENIDO DE D,L-SULFORAFÁN EN PLÁNTULAS DE BRÓCOLI (*BRASSICA OLERACEA* VAR. *ITALICA*)

Luz María Isabel Miguel-Cruz, Juan José Almaraz-Suárez, Marco Polo Carballo-Sánchez Colegio de Postgraduados, Posgrado en Edafología, Laboratorio de Microbiología del Suelo. Montecillo, Texcoco, C.P. 56230.
carballo.marco@colpos.mx

Palabras clave: metabolitos, glucosinolatos, brasicáceas

Introducción. El brócoli es una hortaliza importante desde el punto de vista nutricional, además de sintetizar sulforafán que es un compuesto rico en azufre con propiedades anticancerígenas. Las RPCV son bacterias que poseen la capacidad de influir directa e indirectamente sobre el crecimiento y desarrollo de las plantas. La respuesta depende de muchos factores, entre ellos el cultivo con el cual se asocien.

Debido a que es poca la información que se tiene sobreel uso de RPCV en brócoli, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de tres cepas de RPCV sobre la síntesis de DL-sulforafán en plántulas de brócoli.

Metodología. Los semilleros se establecieron en el Colegio de Postgraduados (Texcoco). Se inocularon tres cepas de RPCV (*Pseudomonas tolaasii* A46, *Pseudomonas tolaasii* P61 y *Bacillus pumilus* R44) en brócoli var. Heritage. La inoculación se realizó en el sustrato estéril (Peat moss-agrolita 2:1) con inoculante sólido (carga bacteriana de $1x10^8$) en una relación sustrato-inóculo 10:1. La evaluación se realizó a los 35 días después de la siembra. Las variables evaluadas fueron: peso seco, volumen radical, contenido de S (ICP-MS)[1] y sulforafán (HPLC)[2,3]. Los datos fueron analizados con el paquete estadístico SAS versión 9.0.

Resultados. El análisis de datos mostró que existen diferencias estadísticamente significativas en lasvariables evaluadas. El efecto de las RPCV en la acumulación de biomasa se ve favorecida con la inoculación de la cepa R44, en cuanto al volumen de la raíz, estadísticamente la cepa R44 y P61 tuvieron el mismo efecto (Figura 1). En la figura 2 se puede apreciarque la acumulación más alta de azufre en las plántulas se obtuvo con la inoculación de la cepa R44 alcanzando un valor de 1.655 mg de S por planta, superando al testigo con un 38 %. En el caso del D-L Sulforafán se observó la misma tendencia que en la acumulación de S,donde el tratamiento inoculado con la cepa R44 con un valor de 1042.5 µg de sulforafán por planta superó al testigo con un 44 %.

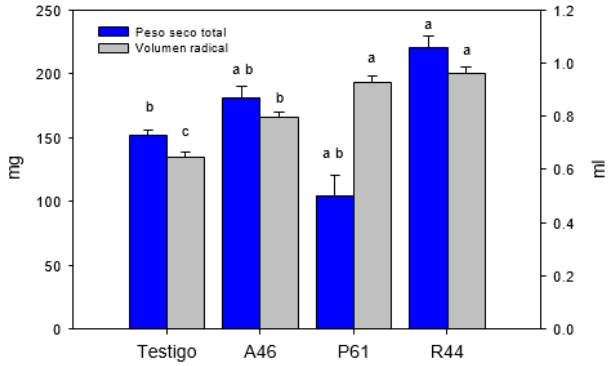


Fig. 1. Efecto de RPCV en peso seco total y volumen radical de plántulasde brócoli.

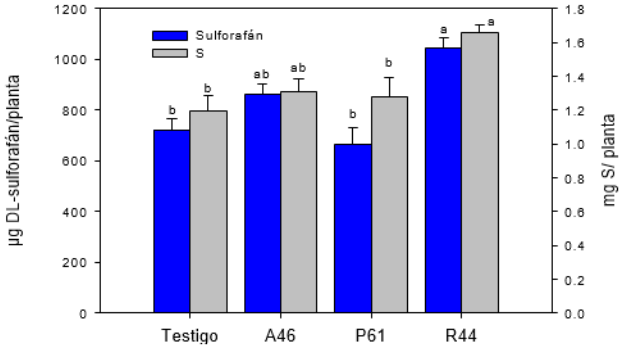


Fig. 2. Efecto de RPCV en la acumulación de S y producción de D-L sulforafán en plántulas de brócoli

Conclusiones. El uso de cepas de RPCV en plántulas de brócoli tuvo un efecto positivo en el crecimiento, acumulación de azufre y producción de DL-sulforafán.

Agradecimiento. La realización de este trabajo se llevó a cabo con el presupuesto de Investigación Institucional del Colegio de Postgraduados (JJAS y MPCS).

Bibliografía.

Alcántar GG, Sandoval VM. 1999. Manual de análisis químico detejido vegetal. Guía de muestreo, preparación, análisis e interpretación. Publicación especial No. 10 de la Sociedad Mexicana de la Ciencia del Suelo A. C. Chapingo, México. 156 p.

Campas-Baypoli, O. N., Sánchez-Machado, D. I., Bueno-Solano, C., Ramírez-Wong, B., & López-Cervantes, J. (2010). *Biomedical Chromatography*, *24*(4), 387-392.

Jia, C. G., Xu, C. J., Wei, J., Yuan, J., Yuan, G. F., Wang, B. L., &Wang, Q. M. (2009). *Food Chemistry*, *114*(1), 28-37.

EVALUACIÓN DE ENDOFITISMO Y BIOESTIMULACIÓN DE *Bacillus amyloliquefaciens* (BS006) EN PLÁNTULAS DE PLÁTANO (*Musa paradisiaca*), ALTERNATIVA PARA MEJORAR TOLERANCIA A ESTRESES BIÓTICOS Y ABIÓTICOS

Andrés Díaz y Sandra Barrios, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia CI Sede Central, Mosquera 250047, sbarrios@agrosavia.co

Palabras clave: Bioestimulantes, endofitismo, plátano

Introducción. Para Colombia, el plátano (*Musa paradisiaca*) tiene una gran importancia por su valor agroindustrial y comercial, sin embargo, la incidencia de enfermedades atribuidas a hongos fitopatógenos del suelo (incluyendo recientemente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Raza 4 Tropical), impacta de forma negativa los rendimientos y la calidad fitosanitaria. En el presente trabajo se evaluó el bioproducto NatiBac® (a base de la rizobacteria *Bacillus amyloliquefaciens* Bs006), sobre dos clones comerciales de plátano en dos regiones productoras. Se demostró por primera vez el endofitismo de *B. amyloliquefaciens* en plátano y se correlacionó con un efecto promotor del crecimiento sobre variables de calidad fisiológicas en plántulas a nivel de vivero.

El objetivo de este trabajo fue comprobar la capacidad endofítica de *B. amyloliquefaciens* en los clones de plátano Hartón Llanero y Dominico Hartón y su efecto promotor del crecimiento vegetal.

Metodología. El bioproducto NatiBac® se aplicó en sistemas de propagación de plántulas de plátano Hartón Llanero en el CI La Libertad y Dominico Hartón en el CI Eje Cafetero, de Agrosavia respectivamente. La aplicación del bioproducto se inició en plántulas con 6 hojas, aplicando tres refuerzos quincenales a una concentración de $1x10^8$ UFC/mL (1). La evaluación del endofitismo se realizó al finalizar el bioensayo en diferentes órganos, para esto se modificó y estandarizó una técnica simple y eficiente en la Planta Piloto de Biofertilizantes de Agrosavia (2).

Resultados. Se recuperó *B. amyloliquefaciens* Bs006 de raíz, cormo y pseudotallo de plátano (**Fig. 1),** la concentración de la bacteria fue diferencial, demostrando un efecto de "dilución ascendente" dentro de los tejidos de la planta (**Fig. 2**).

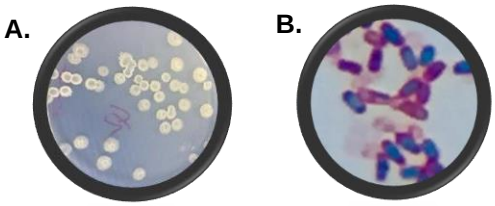


Figura 1. Colonias de *B. amyloliquefaciens* Bs006 recuperadas de **A.** raíz. **B.** Tinción verde malaquita: Bacilos en color rosado y esporas en color verde.

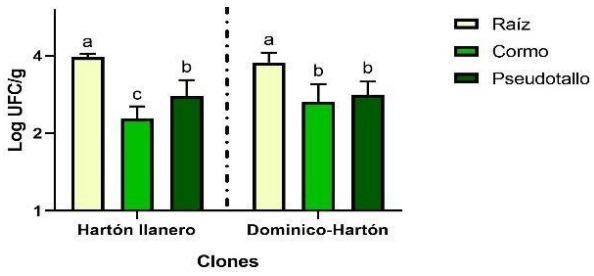


Figura 2. Concentración endofítica de *B. amyloliquefaciens* Bs006 enraíz, cormo y pseudotallo de plántulas de dos clones de plátano.

En las variables fisiológicas (altura de la planta y área foliar), se obtuvo un aumento de crecimiento entre el 10-25% con respecto al testigo de manejo convencional, asimismo, el Dominico Hartón tuvo un 50% más de peso seco en comparación con el testigo.

Conclusiones. Se comprobó la capacidad endofítica de **B.** *amyloliquefaciens* Bs006 tanto en raíz, cormo y pseudotallo de los clones de plátano Hartón Llanero y Dominico Hartón y se demostró la correlación directa de los fenómenos de colonización con un efecto de bioestimulación en las plántulas de plátano.

Se proyecta que el uso del bioproducto NatiBac® en sistemas de propagación de plátano otorgue a las plántulas tratadas una mayor tolerancia a estreses bióticos y abióticos en condiciones de campo.

Agradecimientos. Al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia (MADR), por la financiación del proyecto.

A los investigadores asociados al proyecto "Evaluación y validación de prácticas culturales sobresalientes para aumentar la productividad del cultivo de plátano en Colombia" de los CI Tibaitatá, CI La Libertad y CI Eje Cafetero de Agrosavia, por el desarrollo de los bioensayos en vivero.

Bibliografía.

Rodriguez G. *et al*. (2021). Informe final proyecto de investigación. Agrosavia, 03/06/2021.

Zambell C., White J. (2015). *Fungi Diversity.* vol (75): 279–297.

ICA (2019) *Marchitez por fusarium raza 4 tropical - foc r4T.* Colombia.

EVALUACIÓN DEL EFECTO BENÉFICO DE LA BACTERIA ENDOFÍTICA *Pseudomonas migulae* (Pf14), APLICADA EN SISTEMAS DE VIVERO DE PLÁTANO (*Musa paradisiaca*),EN DOS REGIONES DE COLOMBIA

Andrés Díaz y Sandra Barrios, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia CI Sede Central,Mosquera 250047.
sbarrios@agrosavia.co

Palabras clave: Bacteria endófita, promoción de crecimiento, plátano

Introducción. El cultivo de plátano (*Musa paradisiaca*) es uno de los cultivos permanentes más extendidos en Colombia con un área sembrada de 536443 Ha, se exportan alrededor de 113874 Ton y genera 960000 empleos directos e indirectos. En el presente trabajo se evaluó un prototipo líquido a base de la rizobacteria *Pseudomonas migulae* (Pf14) sobre dos clones de plátano (Dominico Hartón y Hartón Llanero), en dos regiones productoras del país y se demostró su capacidad endofítica en diversos tejidos vegetales de plátano; asimismo, se correlacionó este fenómeno con un efecto benéfico sobre el crecimiento vegetal de las plántulas obtenidas en vivero.

El objetivo de este trabajo fue demostrar los efectos benéficos de *P. migulae* en plántulas de Hartón Llanero y Dominico Hartón.

Metodología. El prototipo líquido de *P. migulae* (Pf14) se aplicó sobre plántulas de plátano Dominico Hartón y Hartón llanero en viveros ubicados en los C. I. Eje Cafetero y C. I. La Libertad, respectivamente. La aplicación se inició en plántulas con 6 hojas, con adición de tres refuerzos cada 15 días a una concentración de $5x10^7$ UFC/ml (1). Al culminar el bioensayo, se tomaron muestras destructivas de raíz, cormo y pseudotallo que fueron procesadas y analizadas en la Planta Piloto de Biofertlizantes de Agrosavia C. I. Sede Central, con el fin de cuantificar la concentración endofítica (expresada en UFC/g material vegetal) mediante una técnica estandarizada (2).

Resultados. Se recuperó *P. migulae* en raíz, cormo y pseudotallo en ambos clones de plátano, demostrando un efecto de "dilución ascendente" dentro de los tejidos (**Fig.1.**). Se confirmaron las características de *P. migulae*: Bacilos Gram negativos y colonias con fluorescencia (**Fig.2)**.

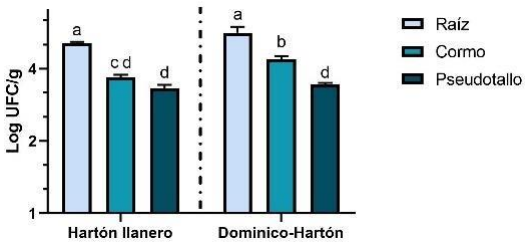


Fig. 1. Concentración endofítica de *P. migulae* Pf14 recuperada en raíz,cormo y pseudotallo en plantulas de dos clones de plátano.

En cuanto a la promoción de crecimiento se observa enla **Tabla 1.** el aumento de las variables fisiológicas evaluadas frente al testigo.

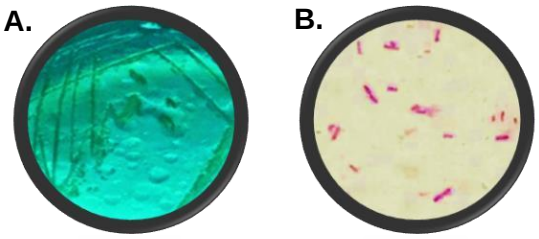


Fig. 1. Características de *P. migulae* Pf14: **A.** Fluorescencia decolonias y **B.** Bacillos Gram negativos.

Tabla 1. Porcentaje de aumento con respecto al control convencional de variables fisiológicas en plántulas de dos clones deplátano.

Clon	Altura de planta (%)	Diámetro de Pseudotallo (%)	Área foliar (%)
Hartón Llanero	+9,8	+8,6	**+20,3**
Dominico - Hartón	**+8,2**	**+6,7**	**+12**

Conclusiones. Se comprobó la capacidad endofítica dela rizobacteria *P. migulae* (Pf14) en los dos clones ya quese pudo recuperar y cuantificar en las tres estructuras vegetales de plátano evaluadas y en los dos viveros, con concentraciones endofíticas mayores a $5.90x10^2$ UFC/g.Así mismo, se comprobó un efecto promotor del crecimiento vegetal en las plántulas de ambos clones

Agradecimiento. Al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia (MADR), por la financiación del proyecto.

A los investigadores asociados al proyecto "Evaluación y validación de prácticas culturales sobresalientes para aumentar la productividad del cultivo de plátano en Colombia" de los CI Tibaitatá, CI La Libertad y CI Eje Cafetero de Agrosavia, por el desarrollo de los bioensayos en vivero.

Bibliografía.

Rodriguez G. et al. (2021). *Informe final proyecto deinvestigación.* Agrosavia, 03/06/2021.

Zambell C., White J. (2015). *F. D*. vol (75): 279–297

MADR (2018) *Indicadores e instrumentos cadena deplátano*. Colombia.

ANÁLISIS DEL USO DE GLICEROL PURIFICADO PROVENIENTE DE LA PRODUCCIÓN BIODIESEL SOBRE LA MODULACIÓN DE NUTRIENTES EN SUELO Y SU EFECTO SOBRECARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DE DOS VARIEDADES DE *Phaseolus vulgaris*

Renato Andrés Calderón Pesina, Eugenia Guadalupe Ortiz Lechuga, Hamlet Avilés Arnaut, Katiushka Arévalo Niño, Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto de Biotecnología, San Nicolás de losGarza, Nuevo León, 66455, katiushka.arevalonn@uanl.edu.mx

Palabras clave: glicerol, frijol, suelo

Introducción. En México, el frijol es un alimento de la canasta básica, es una planta herbácea de tallos delgados y hojas trifoliadas, con una altura de entre 50 a 70 cm con una raíz pivotante principal y muchas ramificaciones. Representa un consumo anual de casi 10 Kg por individuo, siendo una gran fuente de proteínas, carbohidratos, vitaminas del complejo B y minerales (1- 3). Su cultivo requiere grandes cantidades de nitrógeno por lo que el uso de fertilizantes es común, sin embargo, en la actualidad se ha optado por el uso de moduladores de nutrientes con la finalidad de permitir un mejor aprovechamiento del suelo y al mismo tiempo evitar la sobre saturación del mismo. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto del glicerol proveniente de la industrial del biodiesel como aditivo para suelo sobre la distribución de nutrientes y su efecto sobre las características morfométricas de plántulas de *Phaseolus vulgaris*.

Metodología. Se recuperó el glicerol producido de reacciones de transesterificación química y se procedió a realizar una purificación mediante precipitación de impurezas por medio de cambio de pH. Posteriormente se evaluó la viabilidad de los lotes de semillas de frijol (variedad pinto y negro) por medio de la determinación de su tasa de germinación y el vigor utilizando tetrazolio al 1%. Se colocaron las semillas en suelo balanceado y se procedió a aplicar dosis de 10%, 5% y 2.5% de glicerol residual purificado (GRP). Se determinó el efecto sobre los nutrientes en suelo al día 15 de experimentación mediante la técnica Mehlich 3. Se determinaron las características morfométricas de las plántulas de frijol, incluyendo longitud de tallo, largo, ancho y número de hojas, así como número de raíces.

Resultados. Se determinó una viabilidad entre el 85.67%-87% para ambas variedades de frijol con un vigor correspondiente al 83.9% (fig. 1). El glicerol al 2.5% presentó los mejores resultados sobre desarrollo de hojas primarias sin diferencia significativa contra los controles negativo y positivo (fertilizante orgánico) y las demás características morfométricas. Se determinó una capacidad de intercambio catiónico de 18 meq/100 g de suelo y una distribución más eficiente de macro y micronutrientes (Tabla 1).



Fig. 1. Determinación de vigor en semillas de *Phaseolus viulgaris*

Tabla 1. Nutrientes en suelo.

Nutrientes (ppm)	C-	C+	5%	2.5%
Fósforo (P)	92	203	25	**22**
Potasio (K)	1059	1662	821	**635**
Calcio (Ca)	6058	9709	2528	**2254**
Magnesio (Mg)	383	565	280	**253**
Hierro (Fe)	83	111	75	**72**
Manganeso (Mn)	64	100	23	**19**
Zinc (Zn)	**10.4**	**15.7**	**5.1**	**4.3**

Conclusiones. Se observa que la presencia de glicerol a dosis de 2.5% permite una mejor superficie de intercambio de cationes y a su vez un mejor aprovechamiento de P, K y Ca por parte de la planta, lo que se ve reflejado en su desarrollo.

Bibliografía

SAGARPA, (2017). Frijol mexicano. *Planeación Agrícola Nacional 2017-2030. Frijol mexicano. [internet].* Secretaría deAgricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Ciudad de México, 2017, 1-15.

Guzmán Maldonado S. H., et al. (2002). Agricultura Técnica en México. 28 (2):159-173.

Suárez-Martínez S. E. et al., (2016). *CyTA-Journal of Food*. 14(1):131-137, 2016.

MODIFICACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE EN FRUTOS DE *Capsicum annuum* POR LA APLICACIÓN DE FITOHORMONAS EXÓGENAS

Rossy Guadalupe Olán Villegas, Aurea Bernardino Nicanor, Leopoldo Gonzales Cruz y Humberto Ramírez Medina.
Tecnológico Nacional de México campus Celaya, Departamento de Ingeniería Bioquímica, Celaya Gto. 38010.
humberto.ramirez@itcelaya.edu.mx

Palabras clave: antioxidante, giberelinas, auxinas

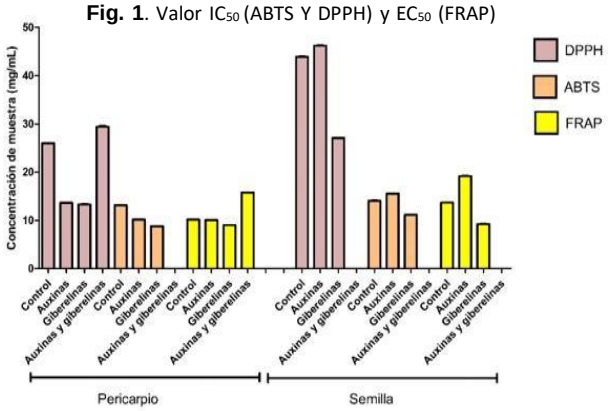
Introducción. *Capsicum annuum* variedad jalapeño produce importantes metabolitos secundarios, llamados compuestos fitoquímicos ó bioactivos porque proporcionan beneficios para la salud. Entre ellos, vitaminas C y E, provitamina A, carotenoides, compuestos fenólicos y capsaicinoides. El contenido de estos fitoquímicos cambia debido a las condiciones de crecimiento[1]. Además, se ha observado que la aplicación de fitohormonas también influye sobre la síntesis y acumulación de los compuestos fitoquímicos.

Metodología. Las semillas de *Capsicum annuum* var. jalapeño fueron proporcionadas por el INIFAP (Campo experimental Bajío). Crecieron a una temperatura entre los 28 a 32 ºC y una humedad relativa entre 35.7 y 41.8

%. Para evaluar el efecto sobre la acumulación de compuestos se realizaron cuatro tratamientos. La preparación de muestras del pericarpio y semilla serealizó por siguiendo la metodología de Campos[2]. Para medir la actividad antixidante se ralizaorn tres ensayos, DPPH[3], ABTS[4] y FRAP[5]. Se realizó análisis estadístico yprueba de Tukey.

Resultados. En el pericarpio del fruto existe una mayor acumulación de los compuestos bioactivos, siendo el promedio de 5 mg/g más en este tejido; el tratamiento de giberelinas y auxinas incrementó la actividad antioxidante del fruto (pericarpio y semillas); sin embargo, la combinación de ambas fitohormonas reducela acumulación de los compuestos (Figura 1).

Fig. 1. Valor IC_{50} (ABTS Y DPPH) y EC_{50} (FRAP)



Tres métodos para evaluar la actividad antioxidante de compuestosbioactivos.

Tabla 1. Concentración mínima para calcular IC_{50} y EC_{50}.

Tratamiento con fitohormonas	IC_{50} DPPH (mg/mL)	IC_{50} ABTS (mg/mL)	EC_{50} FRAP (mg/mL)
	Pericarpio		
Control	25.98±0.06[a]	13.13±0.09 [a]	**10.14±0.01 [a]**
Auxinas	13.62±0.07[b]	10.16±0.03 [b]	**10.05±0.01 [b]**
Giberelinas	13.31±0.06[c]	8.78±0.07[c]	**9.01±0.00[c]**
Auxina-giberelinas	100.0 ± *	100.0 ± *	**100.0 ± ***
	Semilla		
Control	43.92±0.05[b]	14.06±0.07 [b]	**13.68±0.03 [b]**
Auxinas	46.22±0.06[a]	15.53±0.01 [a]	**19.16±0.08 [a]**
Giberelinas	27.06±0.08[c]	11.15±0.03 [c]	**9.20±0.04[c]**
Auxina-giberelinas	**n.d**	**n.d**	**n.d**

n.d.: muestra no analizada. Letras diferentes entre columnas indican diferencia significativa ($p \leq 0.05$ y $n = 3$), con prueba de Tukey. *El tratamiento en combinación con auxinas y giberelinas no alcanzó el IC50 y EC50, porcentaje de inhibición del radical fue18.02 % DPPH y31.66 % ABTS, y para la formación del complejo de ión Fe+2 en FRAP 40.76 %.

En el ensayo DPPH, es conveniente para el análisis de capacidad antioxidante de cisteína, glutatión, ácido ascórbico, tocoferol, compuestos aromáticospolihidroxilados[6], incluyendo compuestos tanto hidrófilos como lipófilos[7]. El ensayo ABTS, permite medir principalmente la actividad antioxidante de polifenoles[8], ácidos fenólicos[9] y flavonoides[10]. El ensayo de (FRAP) permite medir la capacidad antioxidante como los polifenoles, flavonoides, vitaminas y enzimas como glutatión peroxidasa y superóxido dismutasa[11].

Conclusiones. El fruto proveniente del tratamiento conla aplicación ácido giberélico presenta una mayor actividad antioxidante.

Agradecimiento. Instituto Tecnológico de Celaya por permitir realizar el trabajo de maestría.

Bibliografía.

Padilla H., Pereira, E., Munhoz, P., Vizzotto, M., Valgas, R.,Barbieri, R. (2015). *FST*. Vol. 35, 516–523

Campos, N., Jaramillo, M. E., Téllez, D. I. and Alamilla, L. (2018).CyTA-JOF. 16(1): 316-324.

Efecto de Rizobacterias Promotoras del Crecimiento Vegetal (RPCV) en el crecimiento ycontenido de macronutrientes en plantas de Pak Choi (*Brassica rapa* subsp. *chinensis*)

Sigrid Eugenia Cázares-Esquivel, Juan José Almaraz-Suárez, Marco Polo Carballo-Sánchez. Colegio de Postgraduados, Posgrado en Eafología, Laboratorio de Microbiología del Suelo. Montecillo, Texcoco, c.p. 56230.
carballo.marco@colpos.mx

Palabras clave: Brasicáceas, rizobacterias, macronutrientes

Introducción. El Pak Choi es un vegetal de la familia dela col y el brócoli (brasicáceas). En la actualidad ha aumentado su consumo en el mundo debido a su sabor y a su contenido nutricional de vitaminas o sus precursores (ácido ascórbico, carotenoides), minerales y derivados de los glucosinolatos[1]. Las RPCV son una alternativa para evitar el uso excesivo de fertilizantes, yaque influyen en el desarrollo de las plantas y mejoran sucalidad, aunque con cierta especificidad hacia los cultivos que colonizan, de ahí la importancia de evaluar su efecto.
Existen pocos estudios sobre la influencia de las RPCVen plantas como el Pak Choi por lo que en este trabajo se evaluó el efecto de tres cepas de RPCV en elcontenido de nutrientes en las plantas.
Metodología. El experimento se estableció en el Colegio de Postgraduados (Texcoco). Se inocularon 3 cepas de RPCV *Arthrobacter pokkalii* (JLB4), *Pseudomonas tolaasii* (P61) y *Pseudomonas tolaasii* (A46) en plántulasde Pak Choi 35 días después de la siembra. El trasplantese realizó en bolsas negras de 5kg con suelo arcillo- arenoso. La evaluación se realizó 70 días después del trasplante. Las variables evaluadas fueron: peso seco y contenido de N, P, K y S (ICP-MS)[3]. Los datos fueron analizados con el paquete estadístico SAS versión 9.0.
Resultados. Se muestra en la figura 1 los resultados de peso seco de la planta. La cepa que produjo un efecto significativamente mayor fue P61, en comparación con el testigo. Este parámetro se relaciona con la nutrición de la planta, al producir biomasa en mayor cantidad. Se puede observar en la figura 2 que no se presentaron diferencias estadísticamente significativas (α=0.05) en el contenido de N entre los tratamientos. En cambio, hubo una mayor acumulación de P y S en el tratamiento con P61, mientras que para K fue la cepa A46, en comparación con el testigo. Una de las características delas RPCV es la capacidad de solubilizar fosfatos presentes en el suelo y hacerlos disponibles para la planta. El contenido de azufre está relacionado con la síntesis de glucosinolatos, a partir de los cuales se obtienen algunos compuestos benéficos para la salud humana, como el sulforafán (actividad anticancerígena).

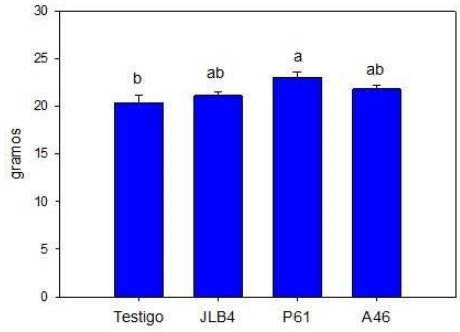


Fig. 1. Peso seco de material vegetal (parte aérea y raíz) de plantas de Pak Choi inoculadas con RPCV.

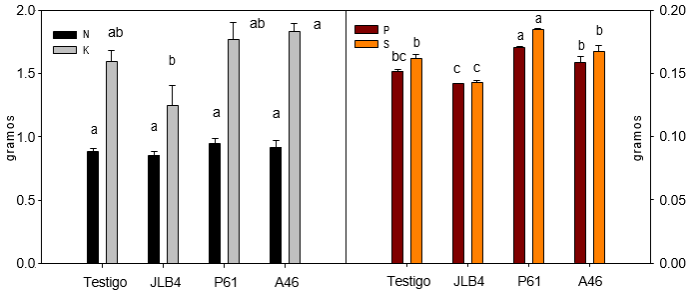


Fig. 2. Contenido de nutrientes en plantas de Pak Choi inoculadas con RPCV.

Conclusiones. El uso de cepas de *Pseudomonas tolaasii* en el cultivo de pak choi tuvo un efecto positivo enla acumulación de P, S y K, por lo que pueden resultar una alternativa para una agricultura sustentable.
Agradecimiento. La realización de este trabajo se llevó a cabo con el presupuesto de Investigación Institucional del Colegio de Postgraduados (JJAS y MPCS).
Bibliografía.

Hanson, P., Yang, R. Y., Chang, L. C., Ledesma, L., & Ledesma, D. (2009). *Journal of the Science of Food and Agriculture*, *89*(5),906-914. https://doi.org/10.1002/jsfa.3533

Liao, J., Ye, J., Liang, Y., Khalid, M., & Huang, D. (2019). *Sustainability*, *11*(8), 2424. https://doi.org/10.3390/su11082424

Alcántar GG, Sandoval VM. (1999). Manual de análisis químico de tejido vegetal. Guía de muestreo, preparación, análisis e interpretación. Publicación especial No. 10 de la Sociedad Mexicana de la Ciencia del Suelo A. C. Chapingo, México. 156 p.

DIFERENCIA EN LA SUSCEPTIBILIDAD A INFECCIONES POR HONGOS ENTOMOPATÓGENOSENTRE INSECTOS DE *Xyleborus affinis* COLECTADOS DE CAMPO Y CRIADOS EN EL LABORATORIO: (INFLUENCIA DEL MICROBIOMA CUTICULAR)

Citlaly Cando-Narvaez, Nohemí García-Ortiz, Roberto Montesinos-Matías, Verónica Rodríguez-Celestino, Octavio Loera-Corral, Francisco Figueroa-Martínez. Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco186, Vicentina, 09340, Ciudad de México, México.
ibicando@gmail.com

Palabras clave: Xyleborus affinis, microbioma, Hongos entomopatógenos

Introducción. La diversidad de microorganismos presentes en el microbioma cuticular de los insectos plaga puede representar un problema para su control, ya que la presencia de algunos microorganismos puede disminuir la efectividad de los hongos entomopatógenos (HE) o cualquier otro tipo de control biológico o químico (1), pues algunos microorganismos pueden metabolizar insecticidas químicos (2) o producir compuestos antifúngicos que impiden la infección por HE (3).
Este trabajo tiene como objetivo comparar la susceptibilidad entre *Xyleborus affinis* (un escarabajo plaga que afecta los árboles de aguacate) cultivados en el laboratorio y colectados de campo a la infección por HE ya que la diferencia en la mortalidad del insecto está relacionada con una mayor diversidad en el microbioma cuticular. Además,se plantea establecer un protocolo que permita la extracción de material genético del microbioma asociado ala cutícula de *X. affinis.*
Metodología. Los insectos (hembras), colectados de campo y criados en laboratorio, se asperjaron con 2 mL de una suspensión de conidios de *B. bassiana (*CHE-CNRCB 431) a una concentración de 1 x10^8 con/mL, y se colocaronindividualmente en tubos con dieta. Después de incubar lostubos durante 10 días a 25 ± 2°C, los insectos se separaronen tres grupos: “control”, “escarabajos vivos” y “escarabajos muertos. Con estos datos se calculó el porcentaje de mortalidad. Los microorganismos asociados a la cutícula delos escarabajos se obtuvo mediante un lavado con $100\mu l$ de amortiguador de lisis (4), y se extrajo ADN de lasmuestras con un kit comercial. Finalmente se amplifico la región V3-V4 del RNA16S.
Resultados.



Fig. 1. (A) Aislamiento de campo, (B) *X. affinis* infectado sin micosis y (C) *X. affinis* infectado y micosado.

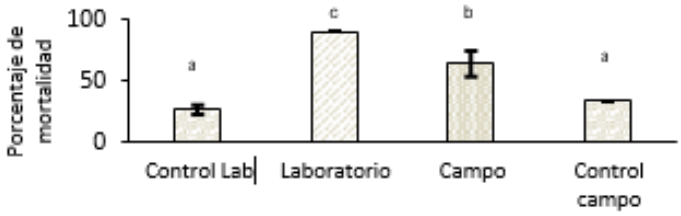


Figura 2 Mortalidad de *X. affinis*, a una concentración de 1X10^8 con/mL.

Debido a la diferencia significativa en el porcentaje de mortalidad (Figura 2), se utilizaron los lavados cuticulares de cada insecto para extraer ADN. Para comprobar que se obtuvo ADN con la calidad y cantidad suficiente para el posterior análisis del microbioma se amplificó la región V3-V4 del gen RNA 16S (Figura 3).

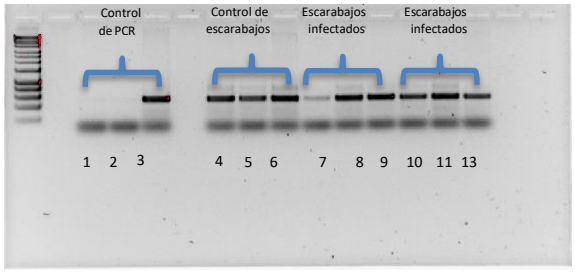


Figura 3 Gel de las muestras amplificadas por PCR, del ADN cuticular de *X.affinis.*

Conclusiones. La susceptibilidad de los escarabajos *X. affinis* ante la infección por el hongo entomopatógeno *Beauveria bassiana* fue más alta en escarabajos criados en laboratorio que colectados en campo debido a la variabilidad de microbioma. El protocolo de extracción de ADN cuticular permitió extraer el ADN necesario para poder desarrollar con éxito la PCR.
Agradecimiento. A Conacyt, número de apoyo: 757452.

Bibliografía.

Ortiz A., & Keyhani, N. O. (2013). *Insects*, *4*(3), 357–374.
Bisset, L. J. a. (2002). *Rev. Cuba. Med. Trop.*
Sivakumar, G., Rangeshwaran, R., Yandigeri, M. S., (2017). *Indian J. Agri. Sci.*
Birer, C., Tysklind, N., Zinger, L., & Duplais, C. (2017). *Mole. Ecol.Resour.*

POTENCIAL DE *Distaplia stylifera* COMO PRODUCTOR DE COMPUESTOS PARA INHIBIR EL CRECIMIENTO DE *Xanthomonas campestris*

Rosalba Pamela Barrera Mota[1]; Ruth Noemí Aguila Ramírez[1]; Mauricio Muñoz Ochoa[1]; Rocío Guadalupe Cervantes Gámez[2]. [1]Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Desarrollo de Tecnologías, La Paz, B.C.S., 23090. [2]Centro Universitario de la Costa Sur de la Universidad de Guadalajara, Departamento de Estudios para el Desarrollo Sustentable de Zonas Costeras, San Patricio-Melaque, Jal., 48980.
rbarreram2000@alumno.ipn.mx

Palabras clave: Antagonismo; extracto; ascidia

Introducción. *Xanthomonas campestris* es un patógenoagrícola causante de la enfermedad conocida como “mancha bacteriana” en cultivos de tomate, chile y ajonjolí (1). En la búsqueda de alternativas de control amigables con el ambiente, se ha iniciado la exploración del medio marino como una fuente de compuestos antimicrobianos (2). Las ascidias han sido reconocidas como productoras de compuestos antimicrobianos de naturaleza peptídica (3), por lo que en el presente trabajo se pretende obtener compuestos peptídicos de la ascidia colonial *Distaplia stylifera* y evaluar su capacidad para inhibir el crecimiento *in vitro* del patógeno agrícola *X. campestris.*

Metodología. Las ascidias fueron recolectadas en la laguna de La Paz. Se obtuvo el extracto crudo de *D. stylifera* con una mezcla de MeOH/$CHCl_3$ (2:1). Se realizaron pruebas de inhibición mediante el método de sensi-disco. Una vez comprobada la actividad del extracto crudo, se realizó una prueba de cromatografía en capa fina y se realizó un fraccionamiento sólido-líquido obteniendo tres fracciones (F1: CH_2Cl_2, F2: CH_2Cl_2/MeOH, F3: MeOH), las cuales fueron evaluadas por su actividad contra *X. campestris*. Finalmente se llevóa cabo una prueba preeliminar de microdilución para determinar el porcentaje de inhibición de crecimiento.

Resultados. En el ensayo con sensi-discos el extracto crudo mostró ligera actividad antibacteriana frente a *X. campestris* y en la prueba en microplaca disminuyó el crecimiento bacteriano en 62% (**Fig. 1**) por lo que se continuó con el fraccionamiento.

De las tres fracciones obtenidas, la F2 mostró resultados positivos en el ensayo con sensi-discos mientras que enlas pruebas en microplaca esta misma fracción obtuvo un porcentaje de inhibición del 63% y la F3 un porcentaje de49% de inhibición (**Fig. 2**).

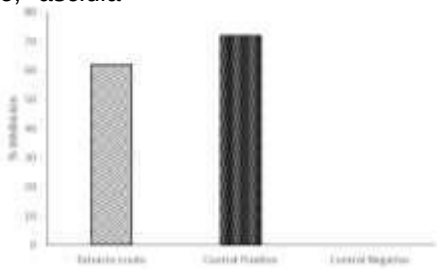


Fig. 1.- Porcentaje de inhibición de *X. campestris* con el extracto crudo de *D.stilyfera*

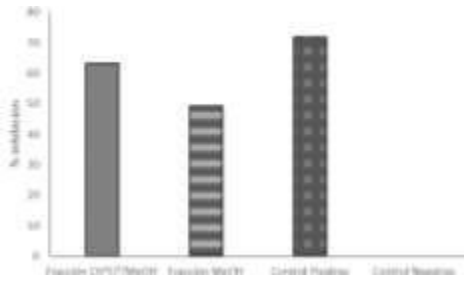


Fig. 2.- Porcentajes de inhibición de *X. campestris* con las fraccionesobtenidas de *D. stilyfera*.

Conclusiones. *Distaplia stylifera* ha demostrado ser una fuente de productos con actividad contra *X. campestris*, por lo que se continuará con el fraccionamiento guiado por bioensayo para finalmente lograr la identificación del compuesto activo. El aprovechamiento de su biomasa para obtener dichos compuestos representa una ventana de oportunidad en la industria agrícola para lograr una transición hacia el uso de productos naturales para el control de enfermedades.

Agradecimiento. A mi comité por el apoyo y asesoramiento y al SIP-IPN por el financiamiento del proyecto SIP20200573.

Bibliografía.

Zapata, M., & Gaud, R. (2001). Estrategias para diferenciar *Xanthomonas campestris pv. phaseoli* con sales inorgánicas. Agronomía mesoamericana, 12(1), 1-8.

Sable, R., Parajuli, P., & Jois, S. (2017). Peptides, peptidomimetics, and polypeptides from marine sources: A wealth of natural sources for pharmaceutical applications. Marine drugs, 15(4), 124.

Zubia, E., Ortega, M.J., Salva, J. (2005). Natural products chemistryin marine ascidians of the genus Aplidium. Mini-Reviews in OrganicChemistry, 2(4), 389-399.

CLONACIÓN, EXPRESIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN INHIBIDOR DE TRIPSINA DE BRÓCOLI (*Brassica oleracea var.italica*)

Maria Fernanda Mendoza-Acosta.; José Eleazar Barboza-Corona, Universidad de Guanajuato Departamento dePosgrado en Biociencias, Irapuato,Gto 36000.
josebar@ugto.mx

Palabras clave: Expresión, Inhibidor, brócoli

Introducción. Los inhibidores de proteasas de origen vegetal se distribuyen ampliamente en semillas de plantas y son la clase de inhibidores más estudiados ya que se han caracterizado varias familias de genes de esta clase. Los inhibidores de serin proteasas, particularmente los inhibidores de tripsina se han estudiado extensamente ya que desempeñan un papel importante como agentes de defensa en las plantas. El objetivo de este trabajo es expresar un inhibidor de tripsina de brócoli (*Brassica oleracea*) en *E. coli* y evaluar su efecto contra hongos fitopatógenos.

Metodología. Se amplificó el gen de BraDef1 a partir de brócoli por medio de PCR y clonado en *e.coli* Rosseta (DE3). La expresión de BraDef1 fue inducida con IPTG 0.5mM y evaluada por medio de geles SDS-PAGE (1). BraDef1 fue purificado por medio de exclusión molecular. La actividad inhibidora de tripsina fue determinada midiendo la actividad hidrolítica residual de la tripsina con BAPNA (2). La actividad antifúngica se evaluó tratando esporas con BraDef1 y evaluando la permeabilización de la membrana fúngica. (**Fig 1**)

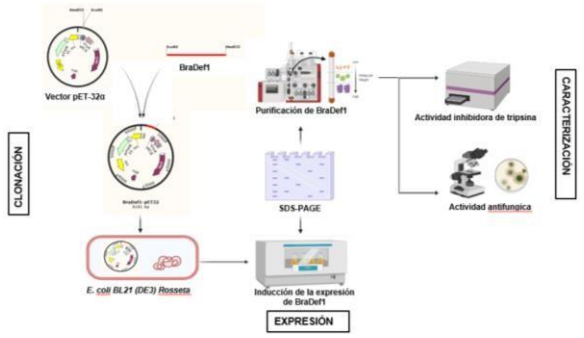


Fig 1. Esquema de metodología utilizada

Resultados. Los resultados mostraron la amplificación del gen de un inhibidor de tripsina (BraDef1) (**Fig 2)** para posteriormente ser clonadoen *e.coli* Rosseta (DE3), se indujo la expresión de BraDef1 con IPTG 0.5mM, la expresión de la proteína recombinante se evaluó por medio de geles SDS-PAGE (**Fig 3**) y se purifico por medio de exclusión molecular (**Fig 4**) para probar efecto como inhibidor de tripsina (**Fig 5**) y actividad antifúngica (**Fig 6**).

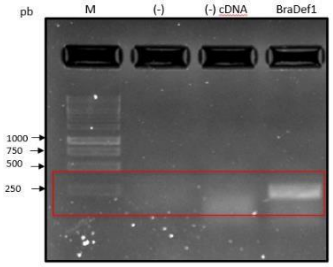


Fig 2. Amplificación del gen de BraDef1; M: Gen Ruler 1Kb; (-): Control (-); (-)cDNA: Control negativo cDNA; BraDef1: Floretesin tratar (BraDef1).

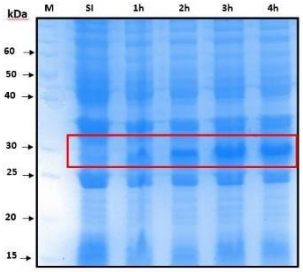


Fig 3. Inducción de laexpresión de BraDef1 en *e. coli* Rosseta (DE3). M: PageRuler; SI: Cultivo sin inducir; 1h-4h: Muestra inducida conIPTG 0.5mM 1,2,3 y 4h inducción

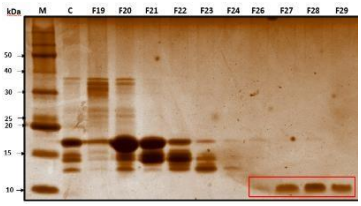


Fig 4. Purificación de BraDef1 por exclusión molecular M: Spectra; F19-F29:Fracciones de exclusión molecular

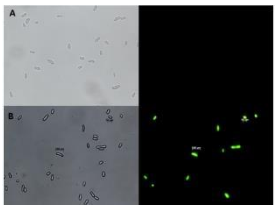


Fig 6. Actividad antifúngica. A: Esporas de *f.oxysporum*; B: Esporas de *f.oxysporum* tratadas con BraDef.

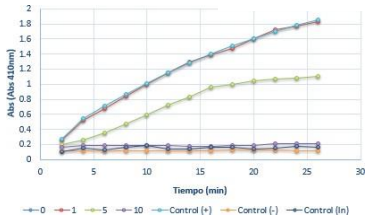


Fig 5. Actividad de BraDef1 comoinhibidor de Tripsina

Conclusiones. La proteína recombinante BraDef1 es un inhibidor de tripsina y presenta actividad antifúngica.

Agradecimiento. A la Universidad de Guanajuato y a Conacyt por la beca de maestría otorgada.

Bibliografía.

Laemmli, U.K. (1970) *Nature*,227, 680- 685. (2) Mello, G. C.; Oliva, M. L. V.; Sumikawa, J. T.; Machado, O. L. T.; Marangoni, S.; Novello, J. C.; Macedo, M. L. R. (2001) *Protein Chem*., 625–632.

ESTABLECIMIENTO DE NUEVO MÉTODO PARA LA OBTENCIÓN DE PROTEÍNAS DE RESERVA DE *Moringa oleifera*

Frida C. Moreno-Trujillo, Iván Loera-Mendoza, Santiago-Gutiérrez-Vargas, Ma. Fabiola León-Galván Universidad de Guanajuato, División Ciencias de la Vida, Posgrado en Biociecias, Departamento de Alimentos,Irapuato, Gto., 36500.
fabiola@ugto.mx

Palabras clave: Moringa oleífera, proteínas, globulinas 11S

Introducción. *Moringa oleifera* también conocido como el árbol de la vida, es de interés en diferentes áreas de estudio, debido a sus múltiples beneficios en la industria cosmética, de biocombustibles, tratamiento de aguas, nutraceútica, entre otras. La semilla de *Moringa oleifera* es rica en aceites esenciales, antioxidantes, flavonoides y proteínas [1]. Estudios preliminares demuestran que las proteínas de reserva de la semilla presentan gran potencial biotecnológico en el tratamiento de aguas residuales, de forma puntual las albuminas y las globulinas. En ese sentido, el objetivo de este trabajo es establecer una metodología de extracción seriada de las proteínas de reserva de la semilla de *Moringa oleífera*.

Metodología. Se realizó la extracción de grasas de la semilla de *Moringa oleífera* por soxhlet, se deshidrato y tamizó la muestra. Posteriormente, se hizo la extracción seriada por triplicado de las fracciones proteicas de la semilla, por el método modificado de Barba de la Rosa [2], se utilizaron las siguientes soluciones para la extracción a tres pasos (1:30 p/v): agua para albuminas (ALB), NaCl 0.1M, K2HPO4, 10Mm a pH 7.5 y EDTA 1mM a pH 8 para extracción de globulinas 7S (7S), NaCl 0.8M, K2HPO4 10Mm a pH 7.5 y EDTA 1mM a pH 8 para globulinas 11S (11S), La extracción de prolaminas (PRO) se realizó con una solución de 30% etanol 70%. La última fracción que se obtuvo fue glutelinas (GLU) con una solución de NaOH 0.1M. Las muestras con la solución correspondiente se mezclaron en vórtex por 20 minutos y se centrifugaron a 1000 rpm durante 20 min a 4°C, el sobrenadante se decantó y se almacenó a -20°C [2,3,4]. Las fracciones proteicas extraídas de la semilla de *Moringa Oleífera* se cargaron a un gel de tris-glicina SDS- poliacrilamida.

Resultados. Se identificó que la metodología aplicada para la extracción seriada de las fracciones proteicas de la semilla de *Moringa oleifera* es viable. Las muestras que aparecen en la Fig 1. Son Marcador de peso molecular, albuminas, globulinas 7S, globulinas 11S, Prolaminas y Glutelinas respectivamente.

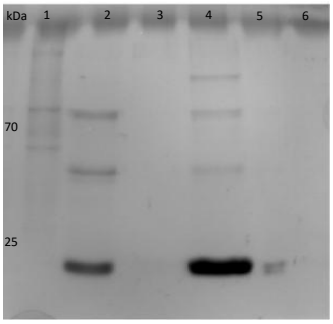


Fig. 1. Gel de Tricina-SDSPAGE con muestras de la extracción fraccionada de las proteínas de semilla de *Moringa Oleífera*, carril 1. MPM, carril 2. Albuminas,3. Glutelinas 7S,4. Glutelinas 11S,5. Prolaminas, 6. Glutelinas.

La extracción seriada de las fracciones proteicas de la semilla de *Moringa oleifera* permitió observar que existe una diferencia en la cantidad de proteínas arrastradas en cada fracción. Siendo albuminas, y globulinas 11S las proteínas mayoritarias. Este resultado es similar a lo reportado por Baptista, et. al., en 2017, donde se estableció que las fracciones mayoritarias son albuminas y globulinas, sin embargo, en ese estudio los rendimientos fueron menores a los obtenidos en este estudio con la extracción seriada de 3 pasos [3]. En el análisis SDSPAGE de las fracciones proteicas extraídas se observan bandas de aproximadamente 70, 25 y <10kDa propias de proteínas reportadas en la semilla.

Conclusiones. La estrategia de la extracción seriada a tres pasos aumenta el rendimiento de las fracciones proteicas de interés de la semilla de *Moringa oleifera.*

Agradecimiento.
Los autores agradecen a la Universidad de Guanajuato por el apoyo otorgado para la realización de esta investigación.

Bibliografía.

Meireles D, Gomes J, Lopes L, Hinzmann M, Machado J (2020)Advances in Traditional Medicine.

Barba de la Rosa A, Gueguen J, Paredes O, Viriben G. (1992). *JAgric.Food Cham* vol (40) 931-936.

Baptista A, Silva M, Guttierres R, Bergamasco R. (2017) Separation and Purification Technology vol (180) 113-124.

Borges E, Barbieri M, Neves V, Arapeci M, Arantes L. (2014) FoodChemistry. (147) .

PRODUCCIÓN RECOMBINANTE DEL PÉPTIDO ANTIMICROBIANO AtPFN1, PARA INHIBIRLA MARCHITEZ POR VERTICILOSIS EN CULTIVOS DE ALGODÓN

Abigail Loya-Delgado, Carolina Gajón-Robles, María Hernández-Ramos, Cynthia González-Trevizo,
Tecnológicode Monterrey, Departamento de Bioingeniería, Chihuahua, 31300.
cynthial.gonzalez@tec.mx

Palabras clave: verticilosis, péptidos antimicrobianos, biología sintética

Introducción. *Verticillium dahliae* es el fitopatógeno responsable de la verticilosis, que afecta a más de 300 especies en todo el mundo (1). Ataca el sistema vascular de las plantas al causar marchitez y afectar la calidad y el proceso de producción del cultivo. Cada año alrededor de 150,000 toneladas de algodón se pierden debido a este hongo (2). Para prevenir e inhibir esta enfermedad se propuso la producción recombinante del péptido antifúngico AtPFN1, que posee la habilidad de romper la pared celular fúngica (3). De igual forma, se planteó la determinación de su actividad fungicida.

Metodología. Se realizó transformación por choque térmico de la cepa de expresión *E. coli* BL21 (DE3) con el plásmido recombinante AtPFN1 [BBa_K2959010 del Registry of Standard Biological Parts] que posee un promotor T7, sitio de unión a ribosoma, la secuencia codificante para AtPFN1 y un doble terminador, construido por estrategias de biología sintética. Se indujo la expresión del péptido con IPTG a 0.2 mM, 0.4 mM, 1 mM y 3 mM. Posteriormente, se realizó el protocolo de extracción de proteínas solubles utilizando una solución de lisis con lisozima. Finalmente, para probar la actividad antifúngica, se midió la absorbancia a 405 nm de una suspensión de esporas de *V. dahliae*, tratada con distintas concentraciones del extracto de proteína soluble de *E. coli* BL21.

Resultados. Se realizó una cinética de expresión del péptido AtPFN1 y se corroboró su producción en todas las concentraciones probadas del agente inductor (Fig. 1).

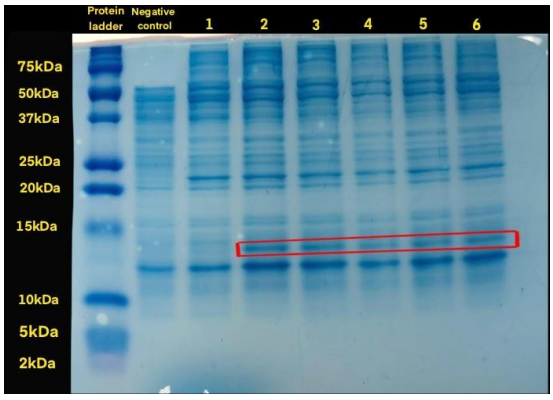


Fig. 1 Expresión de AtPFN1 visualizada en SDS-PAGE (12%). Control negativo: *E.coli* BL21 (DE3) células no transformadas, Células transformadas con AtPFN1 **1.** sin inducción, **2.** 0,2 mM de IPTG, **3.** 0,4 mM de IPTG, **4.** 1 mM de IPTG, **5.** 3 mM de IPTG, **6.** 3 mM de IPTG.

En el ensayo de actividad antifúngica, el control positivo presentó una tasa de crecimiento del 40%. Los controles de células no transformadas parecían aumentar el crecimiento del hongo, en contraste con el extracto que contenía los péptidos, que demostró una inhibición en todas las diluciones con concentraciones más bajas (Fig. 2).

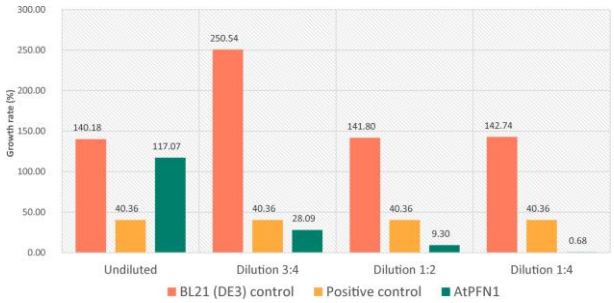


Fig. 2 Actividad antifúngica de AtPFN1 contra *V. dahliae*. Tasa de crecimiento de *V. dahliae* (%) tratada con diferentes concentraciones de proteína y *E. coli* BL21 (DE3) sin transformar.

Los extractos proteicos de *E. coli* BL21 (DE3) no transformados parecen aumentar el crecimiento del hongo, en contraste con el extracto que contiene el péptido AtPFN1, donde se observó la inhibición del crecimiento fúngico en las tres diluciones, con porcentajes del 30.40%, 76.96% y 98.32% para las diluciones 3:4, 1:2 y 1:4, respectivamente, en comparación con el control de crecimiento positivo.

Conclusiones. Se demostró la producción eficiente de AtPFN1 de manera recombinante a través de estrategias de biología sintética y su capacidad inhibitoria de crecimiento para el hongo *V. dahliae*.

Agradecimiento. A la Escuela de Ingeniería y Ciencias del Tecnológico de Monterrey campus Chihuahua por las facilidades brindadas para la realización de este proyecto.

Bibliografía.

Ttacca, B., Gardini, E., Bouchon, A. (2018). *Cienc Tecnol Agropecuaria.* 20(1): 117-132.

Li, X., Zhang, Y., Ding, C., Xu, W. & Wang, X. (2017). *Sci Rep*. 12581(7): 1-8.

Park, S., Kim, I., Kim, J., Lee, Y., Kim, E., Jung, J., Jung, Y., Lee, J., Jang, M. (2018). *Biochim Biophys Acta Gen Subj.* 1862 (12): 2545–2554.

Contenido de alcaloides totales en extractos crudos de hojas de *Prosopis juliflora* y *Vachellia farnesiana*

Eduardo Herappe Mejía[1], Leticia Buendía González[1], Carla García-Morales[1], Juan Orozco Villafuerte[2], [1]Facultad deCiencias, [2]Facultad de Química, Universidad Autónoma del Estado México, Km. 14.5 Carretera Toluca- Ixtlahuaca, Campus "El Cerrillo", Toluca. CP. 50000.
eherappem@uaemex.mx

Palabras clave: Alcaloides, extractos, cáncer

Introducción. El cáncer es un término para relacionar a un grupo de enfermedades que afectan a diferentes partes del organismo, una característica que lo define es la multiplicación rápida de células anormales (ASC, 2020). Aunque los tratamientos actuales como la quimioterapia han demostrado ser efectivos, tienen un costo elevado y numerosos efectos secundarios. Por lo que aún existe la necesidad de la búsqueda de nuevos medicamentos que puedan ser más potentes, selectivos y menos tóxicos que los empleados hoy en día. Cerca del 70% de los fármacos contra el cáncer han sido aislados de productos naturales, destacando los alcaloides (Ali et al., 2014). En México, contamos con una gran diversidad botánica, sin embargo, sólo un pequeño número de plantas han sido estudiadas para comprobar sus propiedades anticancerígenas. Se han reportado un total de 300 plantas pertenecientes a 90 familias botánicas de las cuales 181 han sido estudiadas en modelos in vitro e in vivo, y sólo un 56 % han presentado actividad en al menos una línea celular cancerígena, una de las familias de plantas que han demostrado bioactividad in vitro son las Fabaceas (Alonso-Castro, 2011) y han sido asociado a compuestos del tipo alcaloide. Por lo que el objetivo del presente trabajo es determinar el contenido de alcaloides en extractos crudos de Prosopis juliflora y Vachellia farnesiana.

Metodología. Las hojas de Prosopis juliflora y Vachellia farnesiana, se secaron por liofilización por 24 horas (PS). Las muestras de biomasa seca, se mezclaron con etanol en una proporción 1:30 (m/v) y se mantuvieron en agitación constante durante 24 h. posteriormente se empleó baño ultrasónico a 40 °C y 53 KHz durante 40 minutos. La mezcla, se filtró y se extrajo con hexano empleando volúmenes iguales. El extracto fue concentrado en rotavapor y reconstituido en agua, después fue desengrasado con cloroformo en volúmenes iguales, este proceso se realizó por triplicado. El extracto clorofórmico fue particionado con una solución al 1% de NaCl para remover taninos, el extracto se llevó a sequedad y peso constante a 60°C. La cuantificación se realizó en base a la reacción de alcaloides propuesta por Shamsa (2010) empleando una solución de verde de bromocresol (BCG), midiendo la absorbancia a 470 nm (Genesis 10S UV- vis V4.006), y usando como material de referencia a la atropina, los resultados se expresaron como miligramos de equivalentes de atropina por g de biomasa seca (mg EA g-1 , PS).

Resultados. Se elaboraron los extractos, a los cuales se les estableció el rendimiento de extracción a peso constante, encontrándose un poco más del 2% en el rendimiento para ambas especies vegetales y sin mostrar diferencias significativas entre ellas. A los extractos obtenidos se les determinó espectrofotométricamente el contenido de alcaloides elaborando una curva patrón usando atropina (R2=0.996). Se observó que el extracto clorofórmico de P. juliflora tiene un significativamente mayor contenido de alcaloides (16.53 mg EA g-1 PS) respecto al contenido determinado para V. farnesiana (9.80 mg EA g-1 PS) (Tabla 1). Esto fue similar a lo observado por Muhammad (2013) para P. juliflora reportando un rendimiento de 3.6% w/w para el extracto crudo elaborado con hojas expresado como cantidad de alcaloides totales. Para el caso de V. farnesiana no existen reportes previos de cuantificación de alcaloides en las hojas. Sin embargo, Sanjay (2013) reporta la cantidad de alcaloides para la corteza y las semillas de V. farnesiana, con un valor de 1.23% w/w y 0.034% w/w, respectivamente. Mientras que en un informe para Acacias dealbata y A. melanoxylon especies de la misma familia, se reporta 5.8 y 4.8 mg de alcaloides en el extracto crudo de hojas (Angelo, 2012).

Tabla 1. Rendimiento y contenido de alcaloides de los extractos de *P. juliflora* y *V. farnesiana*.

Especie vegetal	Rendimiento de extracción (%)	Alcaloides totales (mEA g^{-1}, PS)
P. juliflora	2.64±0.42[a]	**16.53 ± 1.19[a]**
V. farnesiana	**2.58±0.18[a]**	**9.80 ± 1.09[b]**

Los datos representan el promedio de tres réplicas ± DS. Letras diferentes en superíndice, dentro de las columnas, muestran diferencias significativas (p<0.05).

Conclusiones. El extracto clorofórmico de *P. juliflora* muestra un significativamente mayor contenido de alcaloides totales (16.53 ± 1.19 mg EA g-1, PS) con respecto a *V. farnesiana* (9.80 ± 1.09 mg EA g-1, PS). En términos generales, las dos especies son un buen blanco para estudios en el desarrollo de nuevos fármacos para el tratamiento del cáncer, al presentar altos contenidos de alcaloides.

Agradecimientos. El primer autor agradece al CONACYT por la beca otorgada para los estudios de doctorado.

Bibliografía.

Ali M. *et al.* (2014) Genetics and Molecular Research, 13(2), 3981–3990 Alonso-Castro *et al.* (2011) Journal of Ethnopharmacology,133, 945–972 American Cancer Society (2020).

Sanjay R. (2013) Journal of pharmacy and biological sciences, 7 (5) 44-48 Shamsa *et al.* (2010). Journal of Applied Horticulture, 12(1), 69–70.

Statz, D. & Coon, F. B. (1976). Cancer Treat. Rep. 60, 999 –1005.

Wall *et al.* (1996). Phytomedicine 3, 281–285.

Muhammad (2013) Pak. J. Bot., 45(6): 2101-2104.

Angelo *et al.* (2012) Int J Pharm Pharm Sci, 4, (1), 225-231.

LA CÁSCARA DE AGUACATE COMO FUENTE DE COMPUESTOS BIOACTIVOS

Emir Martínez-Gutiérrez, CONACYT-Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, departamento de Ingeniería Genética, Irapuato, Guanajuato CP 36824.
gutiem75@hotmail.com

Palabras clave: Aguacate, cáscara, fenoles totales, epicatequina

Introducción. Los residuos agroindustriales pueden ser utilizados como fuente de compuestos bioactivos, tal es el caso de la cáscara de aguacate, la cual representa el 16 % de peso del fruto (1). Algunos estudios indican que la cáscara de aguacate puede contener polifenoles como la epicatequina, entre otros (2). Los polifenoles presentan actividades antiinflamatorias y antioxidantes que podrían emplearse en el tratamiento de enfermedades degenerativas (3). Sin embargo, falta desarrollar métodos de extracción más eficientes, que sean sustentables y con bajo impacto ambiental, mediante el uso preferencial de solventes menos dañinos para el ambiente.

El objetivo del presente trabajo fue estudiar la obtención de compuestos bioactivos a partir de la cáscara de aguacate mediante la utilización de diferentes métodos de extracción.

Metodología. La cáscara residual (variedad Hass) se recolectó de cafeterías, mercados u hogares. Se lavó, se cortó y se molió. Se evaluaron los siguientes métodos de extracción: A) 40 g de sustrato más 200 ml de agua, con agitación a 70°C durante 1 h; B) método a + β ciclodextrina (1%); C) fermentación en estado sólido 40 g de sustrato, 70 % de humedad, usando *Saccharomyces cerevisiae* (2.5 x 10^7 cel / g); D) sonicación 15 min, 1 g de sustrato más 10 ml de agua; E) sonicación con etanol y F) molido húmedo, 40 g de sustrato más 200 ml de agua, 30 s de molido usando un procesador de alimentos comercial. A los extractos se les determinó el contenido de fenoles totales y los polifenoles por HPLC (4).

Resultados. El contenido de fenoles totales de los diferentes extractos se muestra en la Fig. 1, se observa que cuando se utilizó el método E (molido húmedo) se obtuvo la concentración más alta de fenoles totales con un valor 1562 mg de miliequivalentes de ácido gálico (GAE) /100 g de peso seco. Este valor es superior a los 1260 mg / 100 g que se reportaron previamente, pero utilizando solventes orgánicos como disolventes (5), los cuales pueden tener un impacto negativo en el medio ambiente. El análisis de la varianza indicó que hay diferencia significativa entre los métodos de extracción y el contenido de fenoles totales obtenido ($p \leq 0.001$).

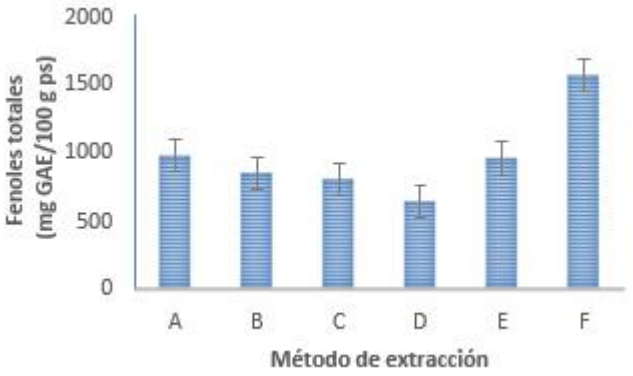


Fig. 1. Contenido de fenoles totales de la cáscara de aguacate obtenidos através de diferentes métodos de extracción.

Los resultados del análisis de polifenoles por HPLC, hasta el momento, indican la presencia de al menos 5 compuestos, entre ellos, se logró identificar al ácido clorogénico y a laepicatequina. Obteniendo de esta última una concentración hasta 0.05 mg / ml de extracto.

Conclusiones. Los resultados indican que el método de extracción tiene un efecto significativo en la concentración de fenoles totales, siendo el molido húmedo el método con el cual se obtuvo la mayor concentración de estos.

Agradecimiento. Se agradece al Departamento de Ingeniería Genética del Cinvestav-Irapuato, el financiamiento otorgado para el desarrollo del presente trabajo y al CONACYT.

Bibliografía.

Calderón-Oliver, M., Escalona-Buendía, H. B., Medina-Campos, O. N., Pedraza-Chaverri, J., Pedroza-Islas, R., Ponce- Alquicira, E. (2016). *LWT-Food Sci Technol*, 65: 46-52.

Araújo, R. G., Rodriguez-Jasso, R. M., Ruiz, H. A., Pintado,

M. M. E., Aguilar, C. N. (2018). *Trends Food Sci Technol,* 80: 51-60.

Nabavi, S. F., Sureda, A., Dehpour, A. R., Shirooie, S., Silva,A. S., Devi, K. P., ... Nabavi, S. M. (2018). *Biotechnol Adv*, 36(6): 1768-1778.

Saavedra, J., Córdova, A., Navarro, R., Díaz-Calderón, P., Fuentealba, C., Astudillo-Castro, C., ... Galvez, L. (2017). *J Food Eng*, 198: 81-90.

Wang, W., Bostic, T. R., Gu, L. (2010). *Food Chem,* 122(4): 1193-1198.

PROTEÍNAS INVOLUCRADAS EN LA BIOSÍNTESIS DE GIBERELINAS EN *Capsicum annuum*

Carolina Acevedo Juárez, Humberto Ramírez Medina; Tecnológico Nacional de México en Celaya, Departamento deIngeniería Bioquímica, Celaya, Guanajuato, 38010 México.
carolina.acevedo@itcelaya.edu.mx.

Palabras clave: Capsicum annuum, giberelinas, estrés hídrico, bioinformática

Introducción. El género Capsicum incluye más de 30 especies, cinco de ellas se han domesticado; en las cuales encontramos el especie *C.annuum,* (Ramchiary y Kole, 2019). El cultivo de *C. annuum* se lleva a cabo principalmente en América, Europa y Asia. Sin embargo, este cultivo sufre pérdidas debido a patógenos y condiciones climáticas como la sequía (Aguirre-Hernández y Muñoz-Ocotero, 2015). La poca disponibilidad de agua en el suelo puede ocasionar que la respiración de la hoja exceda el agua absorbida por las raíces, lo que se conoce como estrés hídrico (Luna *et al*., 2012). Entre los cambios metabólicos que ocurren se encuentran disminución en síntesis de proteínas, respiración y distribución de nutrientes (Covarrubias, 2007). Algunas de estas señales, se regulan por las giberelinas (GA), las cuales tienen un efecto sobre la floración y pueden actuar como promotores e inhibidores. En algunas plantas, inducen la formación de brotes y floración mediante la aplicación de GA. En este trabajo, se abordó la búsqueda mediante Bioinformática de secuencias de genes y proteínas, principalmente los de la biosíntesis de giberelinas (**Figura 1**), involucradas en el desarrollo de plantas de *C. annuum*.

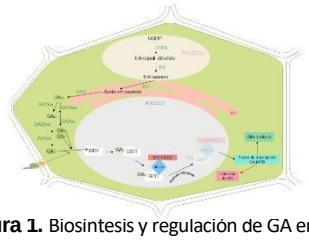


Figura 1. Biosíntesis y regulación de GA en una célula vegetal.

Metodología. La germinación de las semillas de *C. annuum*, se realizó a una temperatura de 20-32 °C y 32-45% de humedad; y con una mezcla de suelo Sunshine. Veinte días después de la germinación, se aplicaron diferentes tratamientos con giberelinas como describe Ouzounidou *et al*. (2010). Para la identificación de proteínas involucradas en la biosíntesis y regulación de giberelinas, se realizó una búsqueda de información en las bases de datos (NCBI, UniProt). *Oryza sativa* fue el organismo con todas las secuencias encontradas y se utilizaron para rastrear (Blast; Altschul, *et al*., 1990) en el genoma de *C. annuum* (Qin C. y col. Proc. Natl Acad Sci, 2014). Finalmente, las secuencias homologas se compararon usando el algoritmo Clustal Omega (Madeira, *et al*., 2019) para determinar su parecido.

Resultados. Las plantas crecidas en condiciones de estrés hídrico y tratadas con giberelinas tuvieron una recuperación más rápida, y esto llevo a un tiempo más corto en la generación de frutos, produjeron mayor follaje, en comparación con la muestra control. Las principales enzimas involucradas en la síntesis de giberelinas son: ent- copalil difosfato sintasa (CPS), ent-kaureno sintasa (KS), giberelina 20 oxidasa, y giberelina 3 oxidasa, a mayoría se identificó en el genoma de *C. annuum* (*Tabla 1*).

Tabla 1. Identificación de proteínas involucradas en la biosíntesis y regulación de giberelinas en plantas de *C. annuuum*

Oryza sativa subsp. Japónica.			*Capsicum annuum*		
Proteína	**ID**	**Autor**	**Proteína**	**ID**	**Autor**
Ent-copalil difosfato sintetasa 2, cloroplástico	Q6Z5I0	Prisic S., *et al*., 2004	Ent-copalil difosfato sintasa, cloroplástico	PHT80457.1	Kim, S., *et al*., 2014
Ent-kaureno 16 sintetasa	Q0JA82	Xu M., *et al*., 2007	Ent-kaureno 16 sintetasa, cloroplástico	PHT77515.1	Kim, S., *et al*., 2014
Ent-kaureno oxidasa 2	Q5Z5R4	Todoroki Y., *et al*., 2012	Ent-kaureno oxidasa, cloroplástico	KAF3677317.1	Kim, M.-S., *et al*., 2019
Ácido ent-kaureno oxidasa	Q5VRM7	Sakamoto T., *et al*., 2004	Ácido ent-kaureno oxidasa	KAF3623532.1	Kim, M.-S., *et al*., 2019
Giberelina 20 oxidasa	Q0JH50	Sasaki A., *et al*., 2002	Giberelina 20 oxidasa	ADZ96940.1	Tsabalia, A., *et al*., 2001
Giberelina 3 oxidasa	Q9FU53	Itoh H., *et al*., 2002	Giberelina 3-beta-dioxigenasa	KAF3632498.1	Kim, M.-S., *et al*., 2019
Giberelina 2 oxidasa	Q8LGZ9	Lo S.F., *et al*., 2008	Giberelina 2-beta-dioxigenasa	KAF3652313.1	Kim, M.-S., *et al*., 2019
GID1	Q6L545	Ueguchi-Tanaka, M., *et al*., 2005	GID1-like	NP_001311973.1	
SLR1	Q7G7J6	Ogawa M., *et al*., 2000	PREDICTED: proteína DELLA GAI-like isoforma X1	XP_016572499.1	

La secuencia de las proteínas encontradas en *C. annuum*, tienen una alta similitud con las proteínas de *O. sativa.* **Conclusiones.** Las giberelinas son necesarias para el crecimiento de la planta y ayudan reducen los efectos del estrés hídrico. El genoma de *C. annuum* lleva los genes que dan lugar a las proteínas para la biosíntesis de giberelinas y su secuencia es muy parecida a las de otras especies, por lo cual se cree que sigue la misma ruta de biosíntesis y de inhibición de algunas rutas involucradas en la marchitación de la planta. Sin embargo, falta realizar el estudio a nivel laboratorio para confirmar la presencia de estas enzimas y su actividad en la planta de *C. annuum.*

Agradecimientos. Los autores agradecen al Laboratorio de Biología molecular del TNM en Celaya por las facilidades para la realización del estudio. C.A.J, estudiante de la Maestría en Ciencias en Ingeniería Bioquímica (958551) y H.R. Medina es profesor-investigador del programa Catedras-Conacyt. Este proyecto fue parcialmente financiado por la secretaria de Ciencia y Educación Superior (SICES).

Bibliografía.

Aguirre-Hernández, E., y Muñoz-Ocotero (2015), *El chile como alimento*. Ciencia. 16-23.

Covarrubias, A.A.R. (2007) *Sobrevivir al estrés: cómo responden las plantas a la falta de agua.* Biotecnología 14:253-262.

Luna-Flores, W., Estrada-Medina, H., Jiménez-Osornio, J.J.M., y Pinzón-López, L.L., (2012). *Efectos del estrés hídrico sobre el crecimiento y eficiencia del uso del agua en plántulas de tres especies abróreas baducifolias.* Terra Latina 30(4): 343-353.

Ramchiary, N., y Kole, C., (2019). *The Capsicum Genome.*

Compendiun of plant Genomes, Springer.

Ouzounidou, G., Ilias, I., Giannakoula, A., y Papadopoulou, P., (2010). *Comparative study on the effects of various plants growth regulators on growth, quality and physiology of Capsicum annuum L.*, Pakistan Journal of Botany, 42:805-814.

BIOENSAYOS DE PATOGENICIDAD EN PLANTAS MUTANTES DE ZARZAMORA (*Rubus fruticosus* Cv. TUPI) RESISTENTES A *Botrytis cinerea* BAJO CONDICIONES DE INVERNADEROY CAMPO

Huerta-Olalde, Ana Maria.[1]*, Hernández-García, Alejandra. [1], López-Gómez, Rodolfo.[1], Zavala-Páramo, María Guadalupe.[2],Salgado-Garciglia, Rafael.[11]Instituto de Investigaciones Químico Biológicas, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), Avenida Francisco J. Múgica S/N Ciudad Universitaria, C.P. 58030, Morelia, Michoacán, México. Phone (+52) (443) 3223500 Ext. 4218; [2]Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UMSNH, C.P. 58194, Morelia, Michoacán, México. amho10@hotmail.com

Palabras clave: Zarzamora, mutantes, resistencia

Introducción. *Botrytis cinerea* es el agente causal de la podredumbre gris, que tiene la capacidad de infectar una gran variedad de cultivos (1) como el de zarzamora (*Rubus fruticosus*), cultivo de importancia económica para Michoacán (2). Como una alternativa para contrarrestar los daños ocasionados por la enfermedad, se seleccionaron tres líneas mutantes (*rfgum5*, *rfgum6* y *rfgum17*) obtenidas por radiación gama *in vitro* que presentan resistencia a la enfermedad en ensayos *in vitro* (3), sin confirmar si ésta se mantiene en las líneas mutantes cultivadas en condiciones de invernadero y campo. El objetivo del presente trabajo fue realizar bioensayos de patogenicidad en las líneas mutantes seleccionadas *in vitro*, cultivadas en invernadero y en campo.

Metodología. Se realizaron bioensayos de patogenicidad para evaluar la resistencia en hojas completas de plantas de las tres líneas mutantes y de una línea control (no irradiada), durante su cultivo en invernadero (90 días) y campo (180 días). Las hojas fueron lavadas y desinfectadas para su cultivo *in vitro* enmedio agar-agua (6 g/L de agar) (n=3), las que fueron inoculadas en el área central del haz con 10 µL de una suspensión de $1X10^3$ esporas/mL de *B. cinerea*, crecidopor 21 días. Se evaluó la severidad de la patogenicidad con la determinación de diferentes niveles de necrosis (niveles 1 – 6, donde 1 es la ausencia de necrosis y 6 necrosis por arriba del 50% de la totalidad del área foliar)e índice de severidad (1, 5, 10, 25, 50 y >50 %) cada 24h, durante 14 días posteriores a la infección (dpi), determinando su efecto en toda la hoja.

Resultados. Se confirmó la resistencia a *B. cinerea* en las líneas mutantes *rfgum5* y *rfgum6*, en los ensayos realizados en invernadero (**Fig. 1a**), ya que no mostraron ningún síntoma de enfermedad a los 14 dpi en comparación con las hojas de las plantas control, que desarrollaron necrosis desde los 2 dpi con un índice de necrosis de 6 y un índice de severidad >50% desde los7 dpi. A los 14 dpi, la resistencia al hongo no se mantuvoen las plantas mutantes *rfgum17* cultivadas en invernadero, ya que presentaron síntomas de enfermedad desde los 7 dpi con un índice de necrosis 3 (30% del área foliar necrosada) y un índice de severidad del 25%. Sinembargo, los bioensayos realizados en hojas de plantas cultivadas en campo, mostraron la resistencia a *B. cinerea* únicamente en la mutante *rfgum6*, sin mostrar síntomas de la enfermedad, no así en las mutantes *rfgum5* y *rfgum17* (**Fig. 1b**).

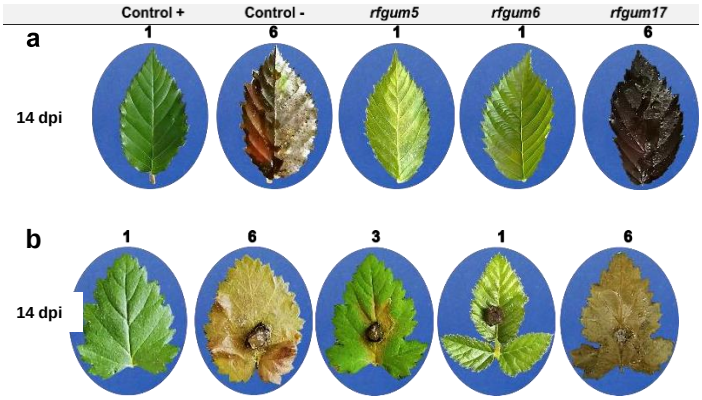


Fig. 1. Bioensayo de patogenicidad para resistencia a *B. cinerea* en hojas completas de plantas de zarzamora mutantes (*rfgum5*, *rfgum6* y *rfgum17*) y control de zarzamora Cv. Tupi, cultivadas en invernadero (**a**) y en campo (**b),** 14 dpi (n=3).

Conclusiones. Con los bioensayos de patogenicidad se confirmó la resistencia a *B. cinerea* en las líneas mutantes *rfgum5* y *rfgum6*, en condiciones de cultivo en invernadero, esta última mantuvo la resistencia en cultivo en campo. Es perspectiva de esta investigación, realizar la caracterización morfoanatómica y genética de estas líneas mutantes.

Agradecimiento. Proyecto Financiado por la CIC/UMSNH 2020-2021, y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Bibliografía.

Dean, R., Van Kan, J.A.L., Pretorius, Z.A., Hammond-Kosack, K.E., Di Pietro, A., Spanu, P.D., Rudd, J.J., Dickman, M., Kahmann, R., Ellis, J. AndFoster, G.D. (2012), The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. *Mol. Plant Path*., 13: 414-430.

Rebollar- Alviter, A. 2011. *Manejo del Mildiú y del Moho gris de la Zarzamora en Michoacán*. Rebollar- Alviter, A. Universidad Autónoma Chapingo. México. May 2011. 34p.

Huerta-Olalde, A. M., *et al. 2nd Biotechnology World Symposium and 11° Encuentro Nacional de Biotecnología del IPN*. San José de Cabo, B.C.S. México. 16- 20 de octubre del 2018.

EFECTO DE ABONO DE *Brosimum alicastrum* SOBRE LA DINÁMICA C Y N EN UN SUELO CULTIVADO CON *Solanum lycopersicum*

Luis Eduardo Altuzar-Pérez; Víctor Manuel Ruíz-Valdiviezo; Juan José Villalobos-Maldonado; Joaquín Adolfo Montes-Molina. Maestría en Ciencias en Ingeniería Bioquímica. Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, Carretera Panamericana, km. 1080. C.P. 29050, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas,México. M13270710@tuxtla.tecnm.mx

Palabras clave: Suelo, abono verde, Brosimum alicastrum

Introducción. Las diversas actividades humanas e industriales, han degradado los suelos agrícolas a nivel mundial. Según la FAO en 2019, más del 45% de la superficie de México está deteriorada por erosión. Debido al problema anterior, se busca técnicas alternativas para mejorar las condiciones de los suelos de los cultivos. Una de estas técnicas es el uso de abonos verdes (AV), la cual consiste en la incorporación de una masa vegetal de plantas cultivadas al suelo con la finalidad de que la incorporación de la materia orgánica (MO) y nitrógeno mejoren la estructura y las características fisicoquímicas del suelo [1]. En este proyecto se utilizaron hojas pulverizadas *de B. alicastrum* perteneciente a la familia Moraceae, ya que se ha reportado que las hojas de esta familia contienen altos niveles de nutrientes y abundante material, que lo hacen una alternativa de gran importancia como AV [2,3]. El objetivo de este proyecto es evaluar el efecto del abono de *B. alicastrum* sobre dinámica C y N, los parámetros morfométricos y el desarrollo del cultivo de *S. lycopersicum.*

Metodología. Se recolectaron 500g de hojas frescas de árboles que se encuentran en el TNM/ITTG. Las hojas se desinfectaron y se dejaron secar en sombra durante 3-4 días a temperatura ambiente. Posteriormente, fueron pulverizadas en molino de martillos, a este AV se le determinó el contenido de MO, K, Mg, P por Digestión ácida asistida por microondas y N (método de Kjeldahl). Acto seguido, se determinó el porcentaje de humedad y de cenizas [4]. También la caracterización fisicoquímica del suelo. Se recolectaron muestras de suelo y se determinó la CRA, textura, CE, pH y nutrientes minerales presentes en el suelo [5]. Para evaluar el efecto de la aplicación del pulverizado de hojas de *B. alicastrum* en cultivo de *S. lycopersicum,* las plántulas de *S. lycopersicum* fueron trasplantadas 20 días después de la emergencia en los semilleros a las unidades experimentales. Se aplico el diseño completamente al azar con tres repeticiones y tres bloques utilizando la prueba de Tukey con un 95 % de probabilidad. Los tratamientos fueron: T0= Blanco, T2= Suelo+1.5 g de N (urea), T3= Suelo+1.5 g de N AV, T4= Suelo+3.0 g de N AV y T5= Suelo+4.5 g de N AV. Y las variables de respuesta fueron los parámetros morfométricos y el desarrollo del cultivo de *S. lycopersicum.*

Resultados. En la figura 1 se muestran los resultados de los parámetros (altura, diámetro de tallo, fenoles y flavonoides) de los diferentes tratamientos correspondientes a los 60 después del trasplante (ddt) de la planta. Se puede observar que la aplicación del AVa diferentes concentraciones no mostró diferenciasignificativa con el tratamiento con fertilizante (urea)sobre los parámetros de diámetro de tallo y altura de la planta.

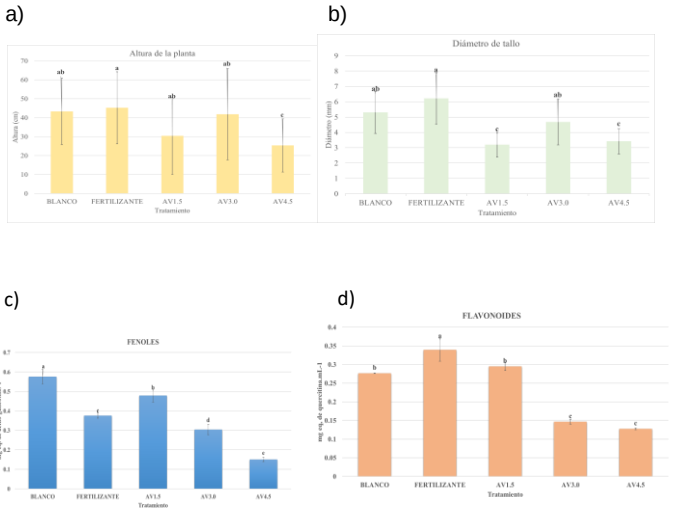


Fig. 1. Variables fenológicas de cultivo de *S. lycopersicum* valoradas60 ddt. a) Altura de la planta; b) Diámetro de tallo; c) Fenoles y d) Flavonoides.

Conclusiones. Los resultados parciales de los 60 ddt obtenidos, permiten concluir que al momento el AV de *B. alicastrum* provoca efectos positivos y significativos en las variables del cultivo de *S. lycopersicum*, por lo que puede ser considerado un importante implemento comoun AV por sus altos nutrimentos solubles que pueden suplir la nutrición de las plantas.

Agradecimiento total al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo y patrocinio para esta investigación.

Bibliografía.

Martín, G. & Rivera, R. (2015). Influencia de la inoculación micorrízica en los abonos verdes. Efecto sobre el cultivo principal. Estudio de caso: el maíz. *Cultivos Tropicales*, 36, 34-50.

Fernández, Y., García, J., Fernández, S., & Muratalla, A. (2020). Deficiencias nutrimentales inducidas en higuera cv. Neza en condiciones hidropónicas. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 11(3), 581-592.

Olguin, E., Larqué, A., Pérez, D., Barahona, L., Alzate, L., Toledano, T., & Tapia, R. (2017). *Brosimum alicastrum* as a novel starch source for bioethanol production. *Energies.* 10(10):1574.

Association of Official Agricultural Chemists (AOAC). (2000). OfficialMethods 930.04: Moisture in plants. 17th Edition. Maryland (USA).

Bottomley, P., Angle, J., & Weaver, R. (2020). Methods of soil analysis, Part 2: Microbiological and biochemical properties. (Vol. 12).

EFECTO DEL H_2O_2 EN LA GERMINACIÓN IN VITRO DE MORINGA OLEIFERA

Gerardo Espinosa-Velazquez1, David Paniagua-Vega1,2*.1 Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Medicina, Departamento de Química Analítica, Nuevo León,México. CP. 64460. 2Cátedras Conacyt-UANL.
david.paniaguav@uanl.edu.mx

Palabras clave: Moringa oleífera, desinfección, H_2O_2, germinación in vitro

Introducción. *Moringa oleifera* es una de las plantas más utilizadas en el mundo, debido a la presencia de fitoquímicos con actividades biológicas, que podrían serla base de fármacos innovadores (Panghal *et al*. 2018). Los flavonoides y los ácidos fenólicos son los principales compuestos fenólicos en la parte aérea de *M. oleífera* (Leone *et al.* 2015). Debido al interés por estos compuestos es importante generar estrategias de cultivo en condiciones controladas que permitan analizar su biosíntesis y establecer condiciones que aumenten la producción de los compuestos de interés. Lagerminación se considera la etapa más crítica del ciclo de vida de la planta debido a su alta vulnerabilidad.

El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de H_2O_2 en el establecimiento de un cultivo de germinados de *M. oleífera*.

Metodología. Las semillas de *M. oleifera* se adquirieron en la Facultad de Agronomía de la UANL, se les retiró la testa y se lavaron con jabón líquido de manos al 1% por 10 min seguido de Extran® al 1% por 10 min, ambos en agitación a 100 rpm. Se evaluaron, por quintuplicado, cuatro tratamientos de desinfección por inmersión consecutiva, con los tiempos y soluciones que se muestran en la tabla 1. Se realizaron tres enjuagues con agua estéril entre cada solución. Se germinó en medio MS al 3% de sacarosa y 1% de fitagel. Bajo fotoperiodo de 16/8 a 4000 lux y 25±3ºC. Se cosechó a los 15 días.

Tabla 1. Tiempos (min) de inmersión en cada solución.

Tratamiento	H_2O_2 al 1%	Etanol al 70%	Hipoclorito de sodio al 1%
A	1	1	**5**
B	3	3	**15**
C	-	1	**5**
D	**-**	**3**	**15**

Resultados. Todos los tratamientos de desinfección presentaron una alta efectividad (A, B y D= 100% y C=80%) evaluados a los 15 días. Se observó un efecto positivo en la germinación de los tratamientos con mayor tiempo de inmersión, donde destaca el tratamiento B (100% de germinación) con la inmersión en peróxido por 3min (Fig. 1). El peróxido de hidrógeno (H_2O_2), un segundo mensajero, juega un papel vital en la germinación de las semillas y el crecimiento y desarrollo de las plantas, así como en la adquisición de tolerancia al estrés. En germinados de *Jatropha curcas* se reportó que el pretratamiento con H_2O_2 puede mejorar el porcentaje de germinación de las semillas al estimular fuertemente el aumento de la actividad de la L-cisteína desulfhidrasa y la acumulación de H_2S (Li *et al*. 2012).

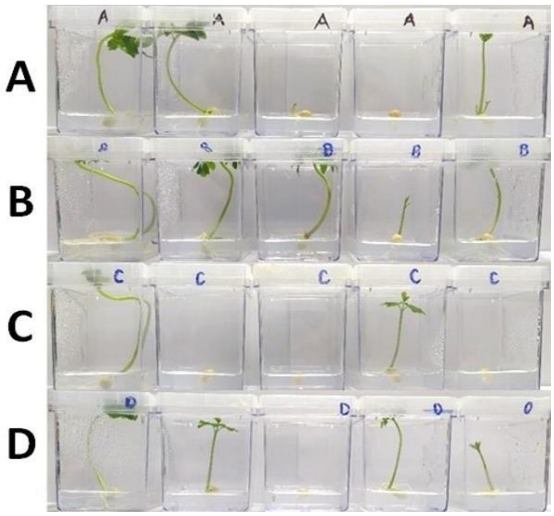


Fig. 1. Tratamientos de desinfección A, B, C y D de germinados de *Moringaoleífera,* a los 15 días de cultivo**.**

Conclusiones. El H_2O_2 al 1% por 3 min como parte del tratamiento de desinfección B de las semillas mostró un posible efecto en la mejora del porcentaje y velocidad de germinaciónde *M. oleífera*.

Agradecimiento. Al proyecto Conacyt-SEP CB/2016-284813. G. Espinosa-Velázquez agradece la beca de Posgrado CONACYT-México 754283.

Bibliografía.

Panghal, A., Yadav, D.N., Khatkar, B.S., Sharma, H., Kumar, V., and Chhikara, N. (2018). Post-harvest Malpractices in Fresh Fruits and Vegetables: Food Safety and Health Issues in India. Nutrition Food Sci., 48(4), 561–578.

Leone, A., Fiorillo, G., Criscuoli, F., Ravasenghi, S., Santagostini, L., Fico, G., Spadafranca, A., Battezzati, A., Schiraldi, A., Pozzi, F., Di Lello, S., Filippini, S., and Bertoli, S. (2015). Nutritional Characterization and Phenolic Profiling of Moringa oleifera Leaves Grown in Chad, Sahrawi Refugee Camps, and Haiti. Int J Mol Sci., 16(8), 18923–18937.

Li, Z.G., Gong, M., Liu, P. (2012). Hydrogen sulfide is a mediator in H_2O_2-induced seed germination in *Jatropha Curcas*. Acta Physiologiae Plantarum, 34(6), 2207-2213.

MICROPROPAGACIÓN DE *KALANCHOE LAETIVIRENS*

Crescencio Bazaldúa, Sandra Luz Escobar-Arellano. Departamento de Biotecnología, Centro de Desarrollo de Productos Bióticos-IPN, Yautepec, Morelos C.P. 62731.
cbazaldua@ipn.mx

Palabras clave: Kalanchoe laetivirens, Citotoxicidad, Selectividad, Micropropagación

Introducción. Utiliza El cáncer es un problema de salud pública por ser la primera causa de muerte en el mundo (1). Aproximadamente 78 % de los medicamentos utilizados contra este padecimiento proviene de fuentes naturales (2). Entre los medicamentos derivados de plantas que actualmente se utilizan con más frecuencia están Podofilotoxina, Camptotecina y Taxol. En la medicina tradicional algunas especies del género *Kalanchoe* (Crassulaceae) se han utilizado en el tratamiento del cáncer (3). Asimismo se ha reportado que los extractos de hojas de *Kalanchoe laetiverens* presentaron actividad citotóxica selectiva contra una línea celular cancerígena resistente a taxol (4). Sin embargo, en la naturaleza la acumulación de los metabolitos con actividad farmacológica es variable durante el año.

El objetivo de este trabajo es establecer el cultivo *in vitro* de *K. laetivirens* para lograr la producción estable y controlada de los compuestos con actividad farmacológica.

Metodología. Las plantas de *Kalanchoe laetivirens* fueron colectadas en el municipio de Tetela del volcán 18°88'48" N, 98°71'99"O. Para la propagación *in vitro* se utilizaron las plántulas originadas de los embriones somáticos desarrollados en el borde las hojas. Para la desinfestación se evaluó el tiempo de exposición (1, 3 y 5 min) en las soluciones desinfestantes (NaClO 1%, etanol 70% y etanol 80%). Después de cada lavado con solución desinfestante, se lavó con agua destilada estéril (por triplicado). Las plántulas desinfestadas se colocaron en medio B5 sin hormonas, suplementado con sacarosa 3% y gellan gum 0.28%. Finalmente se incubaron a 20 µmol m2s-1 con un fotoperiodo de 16 hr y 25 ± 2 ºC.

Resultados. El mayor porcentaje de desinfestación (90%) se logró al colocar las plántulas durante tres minutos en NaClO 1% y posteriormente 3 min en EtOH 80% (tabla 1).

Tabla 1. Porcentajes de desinfestación.

Solución desinfectante	Tiempo exposición (Min)		
	1	3	**5**
NaClO 1% EtOH 70%	0	0	**10**
NaClO 1% EtOH 80%	**10**	**90**	**20**

En la figura 1 se presentan imágenes de cada etapa desde la obtención de las plántulas desarrolladas en el borde de las hojas hasta el desarrollo *in vitro* mostrandonuevas plántulas en el borde de las hojas.

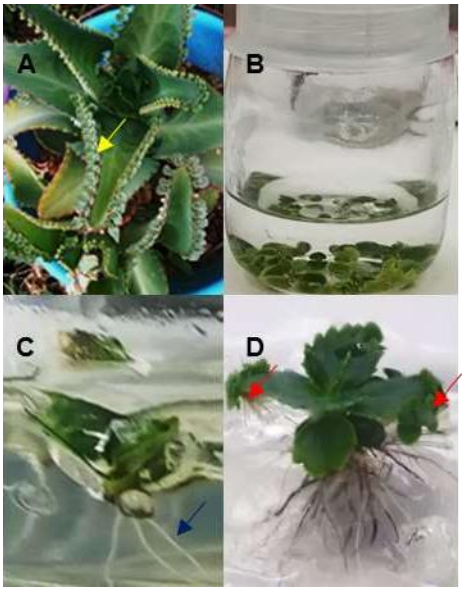


Fig. 1. Propagación *in vitro* de *Kalanchoe laetivirens.* A) Planta propagada *ex vitro,* la flecha muestra las plántulas en el borde de la hoja, B) Plántulas en el proceso de desinfestación, C) Plántula colocada en medio de cultivo semisólido a los 15 días de cultivo *in vitro,*la flecha muestra la raíz, D) Plántula a los 50 días de cultivo *in vitro,* seobserva el desarrollo de nuevas plántulas en borde de la hoja.

Conclusiones. El tiempo de exposición fuedeterminante para lograr mayor porcentaje de desinfestación, pues tiempos mayores ocasionaron daño al tejido.

Agradecimiento. Al Instituto Politécnico Nacional por el financiamiento (SIP 20210733)

Bibliografía.

OPS/OMS https://www.paho.org/es/temas/cancer (Revisado enJunio de 2021).

Newman D and Kragg G. (2016), *J Nat Prod* 79 (3): 629-61.

Akulova (2009). *Cactus and Suculent J* 81 (6): 268- 276.

Kaewpiboon C, Srisuttee R, Malilas W, Moon J, Kaowinn S, Cho I, Johnston RN, Assavalapsakul W and Chung Y (2014). *Oncol Rep* 31: 161-168.

SOBREEXPRESIÓN DE "CYSTEINE-RICH RECEPTOR-LIKE KINASE 12" INDUCE HIPERNODULACIÓN EN *PHASEOLUS*

Antonino M. Lecona[1], Kalpana Nanjareddy[1], Lourdes Blanco[2], Miguel Lara[2], Manoj-Kumar Arthikala[1]. [1]Ciencias Agrogenómicas, Escuela Nacional de Estudios Superiores, Universidad Nacional Autónoma de México(UNAM), León, C.P. 37689, Guanajuato, Mexico. [2]Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, UNAM, C.P. 62210 Cuernavaca, México.
manoj@enes.unam.mx

Palabras clave: Nodulación, CRKs, simbiosis

Introducción. Cysteine-rich receptor-like kinase 12, o CRKs, son una clase de RLK de gran importancia ya que desempeñan funciones vitales en procesos de resistencia a enfermedades y muerte celular en plantas. Previamente, hemos identificado 46 miembros de CRK en Phaseolus (1). Sin embargo, lo que se sabe respecto a su función durante la simbiosis sigue siendo limitado. Según análisis transcriptómicos, se ha demostrado que varios miembros de CRK son inducidos durante la simbiosis micorrícica y con rizobios (1). La caracterización de CRK durante la simbiosis es una necesidad urgente que permitirá llenar los vacíos de conocimiento en la vía de señalización de este proceso. En el presente estudio, nuestro objetivo fue caracterizar la función del nuevo CRK12, el cual fue regulado al alza específicamente durante la simbiosis con rizobios en frijol.

Metodología. Para desarrollar un constructo de sobreexpresión de PvCRK12, se aisló el CDS de ADNc de *P. vulgaris* y el fragmento de 1275 pb y se insertó en el vector binario pH7WG2D.1 bajo control del promotor constitutivo 35S (2). Se utilizó como control el vector vacío pH7WG2D.1. Se generaron raíces pilosas transgénicas usando *Agrobacterium rhizogenes* K599

(3) con el vector clonado. La nodulación fue inducida por *Rhizobium tropici* con GUS. Observaciones histoquímicas determinaron el fenotipo de simbiosis en las raíces de *Phaseolus*.

Resultados. Las raíces transgénicas se generaron usando la cepa K599 que contenía el vector de sobreexpresión de CRK12 (35SCRK12-GFP) y el vector vacío (Control) por separado. Las raíces transgénicas se seleccionaron basándose en la fluorescencia de GFP, y el análisis de RT-qPCR muestra un aumento en la expresión de 4,4 veces en comparación con los controles. Veintiocho días después de la inoculación, la raíz transgénica de 35SCRK12 muestra 620 nódulos/planta en comparación con los 145 nódulos/planta del control (Fig. 1E). Este fenotipo fue consistente en el 85% de las plantas. Los nódulos presentes en el 35SCRK12 eran funcionales como se muestra en la Fig. 1 C-D. Esto indica el fenotipo de hipernodulación fuerte (Fig. 1. A-B).

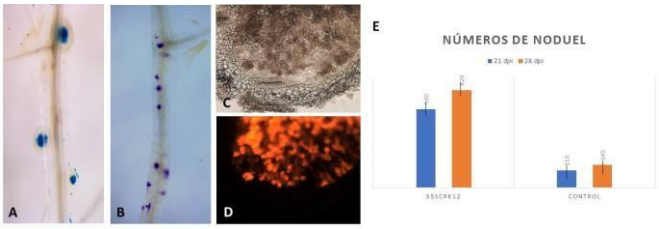


Fig.1. Fenotipo de nodulación en 35SCRK12. A) Control, B) 35SCRK12, C-D) Secciones nodulares, E) Cuantificación del númerode nódulos.

Conclusiones. En las raíces transgénicas de 35SCRK12 la transcripción de CRK12 se sobre expresó

4.5 veces. La biomasa de la planta de sobreexpresión CRK12 fue mayor en comparación con el control. El número de nódulos fue significativamente más alto en las plantas 35SCRK12 en comparación con los controles, dando lugar al fenotipo de hiper nodulación.

Agradecimiento. Los autores agradecen DGAPA/PAPIIT, UNAM por financiar parcialmente esta investigación (Beca no. IN213221 a MKA, IN216321 a KN) y al proyecto CONACyT CF-MI- 2019101713423419 9/316538 a MKA.

Bibliografía.

Quezada EH, García GX, Arthikala MK, Melappa G, Lara M,Nanjareddy K. (2019) Cysteine-Rich Receptor-Like Kinase Gene Family Identification in the Phaseolus Genome and Comparative Analysis of Their Expression Profiles Specific to Mycorrhizal and Rhizobial Symbiosis. *Genes (Basel)*. Ene 17; 10(1):59.

Karimi M, Inz_e D, Depicker A. 2002. Gateway vectors for Agrobacteriummediated plant transformation. *Trends in Plant Science* 7:193–195.

Nanjareddy K, Arthikala MK, Aguirre AL, Gómez BM, Lara M.Plant Promoter Analysis: Identification and Characterization of Root Nodule Specific Promoter in the Common Bean. *J VisExp*. 2017 Dic 23; (130):56140.

SÍNTESIS DE NÁCAR IN VITRO POR PROTEÍNAS DE LA CONCHA DE MOLUSCOS

Crisalejandra Rivera Pérez[1], Raquel Arroyo Loranca[2], Luis Hernández-Adame[2], Ariel Arturo Cruz Villacorta[2], JoséLuis Rodríguez-López[3], Norma Y. Hernández Saavedra[2]. [1]CONACyT-Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste S.C., [2]Centro de Investigaciones Biológicas delNoroeste S.C.2, La Paz Baja California Sur, México, 23090. [3]Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, Camino Presa San José 2055, Lomas 4a Sección, 78216, San Luis Potosí, México.
crivera@cibnor.mx

Palabras clave: Nácar, moluscos, proteínas

Introducción. El nácar es un biomineral que es sintetizado por proteínas de la matriz de la concha de moluscos, mediante un fenómeno llamado biomineralización. Este biomineral, es un polimorfo de carbonato de calcio, que presenta un arreglo estructural que le confiere resistencia a la fractura, la cual es comparable a la del hueso de los humanos. El nácar es formado por proteínas de la concha, mismas que se sintetizan en el manto de moluscos y se liberan al espacio extrapaleal donde se lleva a cabo el proceso de nucleación y formación de cristales de calcita y aragonita, siendo éste último la base del nácar. A pesar de los numerosos estudios realizados en moluscos, el proceso de biomineralización no es claro, por lo que los estudios de las proteínas de la concha y la evaluación in vitro de su función mediante estudios de cristalización son imperativos para entender el proceso.

Por lo anterior, el objetivo de este estudio es la caracterización de proteínas involucradas en la formación de nácar y su evaluación *in vitro* mediante estudios de cristalización, que permita no sólo entender el fenómeno de biomineralización sino también, poder generar nácar *in vitro* que pueda ser usado potencialmente en la industria biomédica.

Metodología. Las proteínas de la concha de *Pteria sterna* fueron extraídas de acuerdo a Arroyo et al. (1). Se aisló la proteína más abundante de la fracción insoluble y se caracterizó bioquímicamente. Su funcionalidad y su capacidad de regulación de la formación de cristales fue evaluada *in vitro* de acuerdo a (2). Para entender la formación de polimorfos durante el proceso de nucleación, se hicieron experimentos de cristalización empleando diferentes sales, las cuales contenían diferentes cofactores (3,4). Los cristales fueron analizados empleando Microscopía Electrónica de Barrido (SEM) y Espectroscopía de RAMAN.

Resultados. Se aisló una glicoproteína con capacidad e unión a calcio y a quitina de la concha de *P. sterna* (Fig. 1A), la cual es capaz de inducir la formación de aragonita y calcita usando diferentes concentraciones de sales en presencia de diferentes cofactores ($MgCl_2$, $CaCl_2$, $MgSO_4$, $CaCl_2/MgCl_2$), siendo el $MgCl_2$ quien promoviera la formación de aragonita (Fig. 1B).

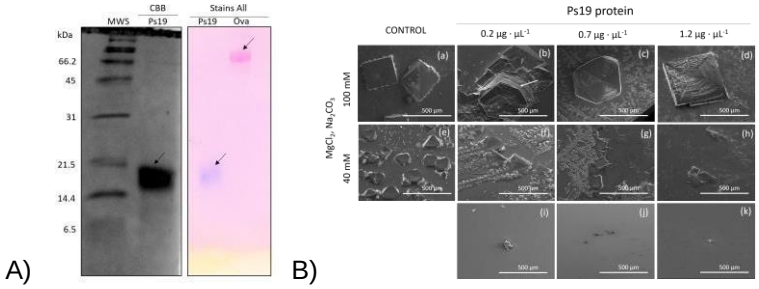


Fig. 1. Ps19 aislada de la concha de *Pteria sterna*. A) Electroforesis de Ps19 mediante SDS-PAGE teñido con Commassie Brilliant Blue (CBB, gris), identificación de carbohidratos asociados a Ps19 en gel de electroforesis mediante tinción de PAS (Periodic Acid Schiff), ovoalbúmina (Ova, control positivo). B) Efecto de la concentración de sal ($MgCl_2$, Na_2CO_3) y proteína (Ps19), en la capacidad de cristalización de Ps19 empleando SEM.

Los resultados de RAMAN confirmaron la presencia de calcita y aragonita, pero también demostraron formación de polimorfos amorfos.

Conclusiones. A diferencia de otras proteínas de la matriz de la concha de moluscos, Ps19 puede inducir la formación de dos tipos de polimorfos de carbonato de calcio, lo que sugiere que no solo puede participar en la formación de nácar, sino también en la formación de la capa prismática en bivalvos como *P. sterna*. Así mismo, los resultados permiten establecer las bases para la formación de nácar *in vitro* la concentración específica de sales y proteína.

Agradecimiento. A DRP por la asistencia técnica, ACV por SEM, a BARE por RAMAN análisis. A CONACyT por la beca otorgada a la estudiante RAL (358437).

Bibliografía.

Arroyo-Loranca, R., Hernandez-Saavedra, N.Y., Rivera-Perez, C. 2020. *PLoS One*. 15: 1-15.

Weiss I.M., Kaufmann S., Mann K., Fritz M. 2000. Biochem. Biophys. Res. Commun. 267: 17-21.

Declet A., Reyes E., Suarez OM. 2016. *Rev. ADv. Mater. Sci*. 44:87-107.

Nielsen M.R., Sand K.K., Rodriguez-Blanco J.D., Bovet N., Generosi J., Dalby K.N. 2016. *Cryst. Growth. Des.* 16: 87-107.

EVALUACIÓN DE TRATAMIENTOS PARA EL CONTROL DE ENFERMEDADES POSTCOSECHA EN FRUTOS DE ZARZAMORA (*Rubus ulmifolius*)

Jesús Simón Cristobal, Juan Angel Ramos Ixta, Yolanda Ruíz Suárez. Departamento de Ingeniería en Innovación Agrícola Sustentable, Instituto Tecnológico Superior de Los Reyes, Los Reyes de Salgado, Michoacán, c.p. 60300.
yolanda.rs@losreyes.tecnm.mx

Palabras clave: Postcosecha, vida de anaquel, enfermedad

Introducción. La producción y exportación de zarzamora es una de las principales actividades económicas en la región de Los Reyes de Salgado, Michoacán, representando el 51.7 por ciento del valor deproducción nacional de esta frutilla (1). La zarzamora esun fruto muy susceptible a la degradación debido a que su piel es delgada y frágil, estas características de la fruta hacen que pierda rápidamente sus propiedades fisicoquímicas y nutricionales después de la cosecha, permitiendo a su vez la proliferación de hongos (2). De ahí la importancia de realizar un buen manejo de la fruta en cosecha y postcosecha.

El objetivo de esta investigación es evaluar tratamientos para el control de enfermedades postcosecha en frutos de zarzamora (*Rubus ulmifolius*).

Metodología. Como material vegetal se utilizaron frutos de zarzamora de la variedad Tupi, cosechadas de un huerto de la región. Se colocaron en charolas plásticas de 6 oz y se sometieron a distintos tratamientos por triplicado para prevenir la aparición de enfermedades. Los tratamientos aplicados se muestran en la tabla 1. La exposición a Luz UV se realizó dentro de una campana de flujo laminar a una distancia de 60 cm de la lámpara UV; mientras que el resto de los productos fueron aplicados por aspersión directamente sobre los frutos. Las charolas con frutos tratados y testigo fueron almacenadas a una temperatura de 25 °C y se monitorearon cada tres días durante dos semanas para detectar la presencia de enfermedades. Los datos recabados fueron sometidos a un análisis de varianza (ANOVA) y a una prueba de comparación de medias deTukey a un nivel de confianza del 95%.

Tabla 1. Tratamientos para la prevención de enfermedades en laetapa postcosecha de la zarzamora.

Tratamiento	Dosis
Testigo	--
Luz UV (UV)	25 min
Producto a base de *Bacillus subtilis* (BS)	10^8 UFC / mL
Producto comercial 1 (PC1)	20 g/L
Producto comercial 2 (PC2)	20 g/L

Resultados. En la figura 1 (Fig. 1) se observa que con el paso de los días, el número de frutos enfermos fue incrementando a partir del día 6 después del inicio del experimento, principalmente en los frutos que no recibieron tratamiento. Los frutos tratados con un producto a base de *Bacillus subtilis* mostraron un mayor control de las enfermedades al contar con un menor número de frutos infectados a lo largo del experimento, seguido de los frutos tratados con el Producto comercial 2 y los expuestos a Luz UV, finalmente el tratamiento que controló menos eficientemente la proliferación de enfermedades fue el del Producto comercial 1.

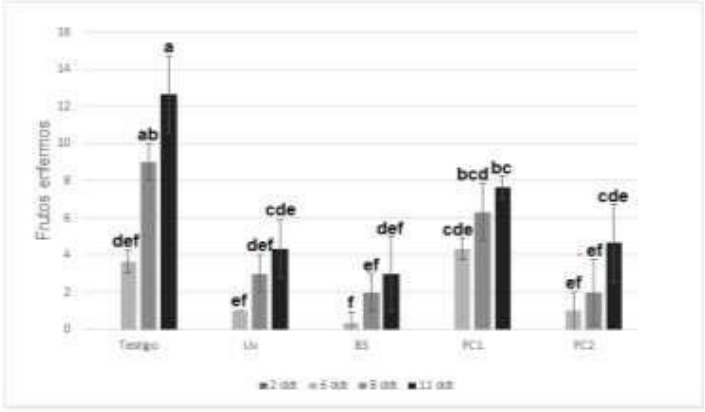


Fig. 1. Gráfica de frutos enfermos por tratamiento a lo largo del experimento (ddt, días después de la aplicación de los tratamientos). Lasbarras que no comparten una letra son significativamente diferentes.

Conclusiones. Los resultados sugieren que los tratamientos utilizados ayudan a controlar o retardar la aparición de enfermedades postcosecha en frutos de zarzamora. Además, el comportamiento de los productos utilizados muestra que un tratamiento físico como la radiación a luz UV y el control biológico como el producto a base de *B. subtillis* pueden ser tan eficientes como los productos químicos comerciales.

Agradecimiento. Al ITSLR por brindar la infraestructuray el financiamiento para la realización de esta investigación.

Bibliografía.

Dirección de Investigación y Evaluación Económica Sectorial, 2016. *FIRA*, pp.https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/200633/Panorama_Agroalimentario_Berries_2016.pdf.

Joo, M., Lewandowski, N., Auras, R., Harte, J., & Almenar, E. (2011). *Food chemistry*, 126(4), 1734-1740.

EFECTO DE LA FERTILIZACIÓN CON DIGESTATO Y UREA EN EL RENDIMIENTO DE BALLICO PERENNE (*Lolium perenne* L.)

José Agustín Pacheco-Ortiz, Rigoberto Castro-Rivera, María Myrna Solís-Oba, Ana Patricia Juárez-Rangel, Angelica Romero-Rodríguez, Job Jonathan Castro-Ramos, Instituto Politécnico Nacional, CIBA Tlaxcala. Ex-Hacienda San Juan Molino, Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km. 1.5, C.P. 90700. Tlaxcala, México.
agustin.pacheco0192@gmail.com

Palabras clave: Cultivo sustentable, fertilizantes orgánicos, pasto forrajero

Introducción. El uso excesivo de fertilizantes químicos o sintéticos han producido perdidas de los nutrientes y materia orgánica de los suelos, estos fertilizantes por loscompuestos que contienen, han generado contaminación ambiental y enfermedades en humanos (1). Sin embargo, los fertilizantes químicos se siguen ocupando debido a que pueden enfrentar la demanda de alimentos ante el incremento de la población. Se han propuesto alternativas para reducir el uso de fertilizantes sintéticos, ejemplo de ello son modelos sustentables, que consienten en el manejo de los recursos naturales, para reducir los daños ocasionados por la fertilización química (2). El uso de fertilizantes orgánicos o con la combinación orgánico-sintético, permite emplear este modelo de sustentabilidad (3).

El objetivo del trabajo fue evaluar el rendimiento del pasto ballico perenne durante un cultivo de un año de aplicando un fertilizante orgánico proveniente de la digestión anaerobia de residuos de ganado (digestato), con la fertilización con urea y combinada orgánica- química.

Metodología. El suelo fue obtenido de una parcela del CIBA. A este se le añadió el 7% de vermicompost comercial. Los experimentos fueron realizados en un invernadero tipo cenital, las unidades experimentales fueron macetas de 3 kg donde se sembraron 15 semillas de Ballico perenne (Lolium perenne L.), se estableció el cultivo en la estación de primavera-verano y se realizó un corte de homogenización 60 días después de la siembra. Los pastos fueron cortados cada 5 semanas y fertilizados cada 30 días (4=, a concentraciones de digestato al 0 y 70%, se hizo fertilización química con urea al 0 y 0.8 g/maceta, la combinación de ambos fertilizantes a sus máximas concentraciones digestato 70% y urea 0.8 g/maceta y como testigo suelo sin fertilizar. Se empleó un diseño en bloques al azar con un arreglo factorial 2 x 2. Se midió la altura, unidades SPAD y el rendimiento del forraje (4). Los datos obtenidos fueron analizados con el software SAS, bajo el procedimiento factorial ANOVA y el análisis de sensibilidad de Tukey (P<0.05).

Resultados. Los resultados muestran en la variable altura que, tanto para fertilización con digestato, química y fertilización combinada hubo una diferencia significativa de 19%, 36%, 45%, respecto al testigo sin fertilizar. Las unidades SPAD registro un aumento del 44% en digestato, 61% con urea y del 66% con la fertilización orgánica-química respecto al testigo, también se encontró una interacción entre los dos fertilizantes. En el rendimiento acumulado de Materia Seca (AMS) 36%, 80% y 85% para digestato, urea y digestato-urea respectivamente contra el testigo. Ver Tabla 1.

Tabla 1. Medición de las variables altura, unidades SPAD y rendimiento acumulado de Ballico perenne en un año aplicando digestato y urea.

Digestato (%)	Urea (g)	Altura (cm)	Unidades SPAD	Acumulado Materia Seca (g)
0	0	13.1 D	6.6 D	3.9 D
70	0	16.1 C	11.9 C	6.1 C
0	0.8	20.6 B	16.9 B	19.7 B
70	0.8	23.8 A	19.2 A	26.3 A
Significancia	Digestato	***	***	**
	Urea	***	***	***
Interacción	Digestato* Urea	NS	**	NS

Medias con literales iguales en columnas no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). Sig.= Significancia, NS= No significativo (P>0.05), *=(P<0.05); **=(P<0.01); ***=(P<0.001).

Conclusiones. Los diferentes esquemas de fertilización digestato, urea y digestato-urea tienen en el pasto Ballicoun efecto en la altura, unidades SPAD y AMS, respecto al testigo. La máxima altura, unidades SPAD y AMS fue registrada en la combinación orgánica-química siendo el mejor tratamiento seguido de la fertilización con urea, aunque la diferencia entre tratamientos es de un 4% a un 10% lo que indica que la fertilización combinada esadecuada y se podría implementar para dar pauta a reducir el uso de los fertilizantes químicos.

Agradecimiento. Al módulo de leche de la granja experimental de Departamento de Zootecnia de la Universidad Autónoma Chapingo por la donación del digestato.

Bibliografía.

Chaney, R. L. (2012). *Advances in Agronomy*, 51-116.

Kenneth O.C, Nwadibe E.C, Kalu A.U, Unah U.V. (2019). Review Article Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR): A Novel Agent for Sustainable Food Production Department of Microbiology, University of Nigeria, Nsukka, 410001, Enugu, Nigeria. 14: 35.54.

Ramos A.D, Terry A.E. (2014). *Cultivos Tropicales*. 35(4): 52-59.

Pacheco-Ortiz J.A, Castro-Rivera R, Solís-Oba M.M, Juárez-RangelA.P, Romero-Rodríguez A, Castro-Ramos J.J. (2020). Efecto de la Fertilización Orgánica e Inorgánica en el Rendimiento de Ballico Perenne (Lolium Perenne L.). *VII Encuentro Internacional sobre Biotecnología en la UATx.* Tlaxcala. 06 de diciembre del 2020. 75.

COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE LÍPIDOS DE BIOMASA MICROALGAL

F.V. Pérez-Barradas[1], L.A. Ortega-Clemente[1*], I.A. Pérez-Legaspi[1], A.A. Huerta-Heredia[2], R. Quintana-Castro[3]. [1] Tecnológico Nacional de México-Instituto Tecnológico de Boca del Río, División de Estudios de Posgradoe Investigación. Carr. Veracruz-Córdoba km. 12, C.P. 4290, Boca del Río, Veracruz, México.

Palabras clave: Microalgas, Lípidos, ácidos grasos, Extracción Soxhlet, Extracción, Ultrasonicación

Introducción. Por su elevado contenido de lípidos, la biomasa microalgal en la producción de biodiesel, es una alternativa viable para la industria de bioenergéticas. Dependiendo de la fase en la que se encuentre el cultivo, las microalgas alterarán de manera importante la concentración lipídica (1). Los métodosde extracción lipídica afectan la estructura celular. La selección del método y la mezcla de disolventes adecuados es esencial para el proceso de extracción al debilitar la estructura de la pared celular, facilitando la extracción de lípidos por rompimiento celular (2). El objetivo del presente estudio fue comparar la eficiencia de extracción de lípidos de biomasa microalgal a partirde, *Chlorella vulgaris, Nannochloris oculata Dunaliella salina y Dunaliella tertiolecta,* por los métodos Soxhlet y Ultrasonicación.

Metodología. Las cepas *C. vulgaris* y *N. oculata* fueron cultivadas en Medio Basal Bold (MBB) y *D. salina y D. tertiolecta* en Medio F/2 Guillard en fotobioreactores cilíndricos de 6 L a 22 °C, con iluminación continua a 110 µmol m^{-2} s^{-1}, aireación constante (2500 cc/min), durante 14 y 10 días, respectivamente.Se tomaron muestras de 800 ml de cultivo en fase exponencial y estacionaria para obtener biomasa de acuerdo a la cinética de crecimiento. Los métodos de extracción de lípidos utilizados fueron Soxhlet (3) y Ultrasonicación (4). El primer método extrae el aceite contenido en la biomasa seca por calentamiento (250 °C), utilizando una mezcla de disolventes orgánicos cloroformo/metanol (1:2 v/v). El segundo método consistió en exponer la biomasa húmeda a ondas acústicas de una determinada frecuencia (20 KHz) vibratoria para el rompimientode su pared celular. La extracción se realiza con una mezcla de hexano-Isopropano (3:2 v/v).

Resultados.

Las fases exponencial y estacionaria en las microalgas se presentaron desde los días 5, 7 y 9, según la especie. La máxima densidad celular observada fue en *C. vulgaris* con 2.02 X 10^7 ± 1.12 X 10^7 cel ml^{-1} (figura 1). La mayor producción y productividad de biomasa se obtuvo en cultivos de *D. salina* con 0.42 ± 0.1564 g L^{-1} y 0.0642 ± 0.005 g L^{-1} d^{-1} en fase estacionariay exponencial, respectivamente.

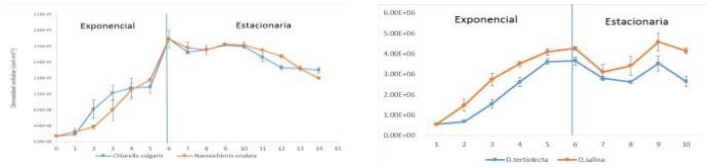


Fig. 1. Crecimiento de microalgas usadas en este estudio.

El mayor contenido de lípidos obtenido fue en *D. tertiolecta* en fase estacionaria con 54.23 ± 0.03 % utilizando el método de extracción Soxhlet. Sin embargo no se observan diferencias significativas entre ambos métodos de extracción (tabla 1).

Tabla 1. Comparación de lípidos en ambos métodos de extracción

MICROALGA	Fase de crecimiento	Lípidos (%) Método Soxhlet	Lípidos (%) Método Ultrasonicación
Chlorella vulgaris	Exp.	22.44 ± 2.21	23.12 ± 1.42
	Est.	19.82 ± 3.98	21.14 ± 1.98
Nannochloris oculata	Exp.	23.37 ± 4.45	25.01 ± 3.22
	Est.	12.91 ± 0.01	15.02 ± 0.07
Dunaliella salina	Exp.	21.95 ± 4.66	23.87 ± 5.34
	Est.	38.93 ± 6.80	40.02 ± 3.24
Dunaliella tertiolecta	Exp.	30.11 ± 7.40	32.12 ± 5.74
	Est.	54.23 ± 0.03	51.43 ± 0.01

Conclusiones. La mayor densidad celular observada fue en *C.vulgaris*. La mayor producción y productividad de biomasa se obtuvo en cultivos de *D.salina* en fase estacionaria. No se observan diferencias significativas entre ambos métodos de extracción. Sin embargo, el método de Ultrasonicación no requiere un proceso previo de secado de biomasa y los disolventes utilizados son menos agresivos con el ser humano y el medio ambiente.

Agradecimiento. A TecNM por el proyecto financiado Clave: 8130.20-P. A CONACYT por la beca de la estudiante No. 859053.

Bibliografía.

Yuhong Y., Lei D., Masashi H., and Kazuo M. (2020).Total Lipids Content, Lipid Class and Fatty Acid Composition of TenSpecies of Microalgae. Journal of Oleo Science Copyright by Japan Oil Chemists' Society. 69, (10) 1181-1189.

Araujo G., Matos L., Fernandes J., Cartaxo S., Gonçalves L.,Fernandes F., Farias F., (2013).Extraction of lipids from microalgae by ultrasound application: Prospection of the optimalextraction method Glacio 95-98. Ultrasound sonoquímica. Volumen 20 (No. 1) 95-98.

Li Y, Horsman M, Wang B, Wu N, Lan CQ.(2008) Effects of nitrogen sources on cell growth and lipid accumulation of green alga Neochloris oleoabundans. Appl Microbiol Biotechnol;81(4):629-36.

Adam F., Albert-Vian M., Peltier G., Chemat F (2012) "Solvent-free" ultrasound-assisted extraction of lipids from fresh microalgae cells: A green, clean and scalable process; 114, pp.457-465.

MICROPROPAGACIÓN DE *Acer negundo* POR EL CULTIVO *in vitro* DE ÁPICES DE RAMAS JÓVENES DE ESTACAS CULTIVADAS EN INVERNADERO

Hernández-García, Alejandra[1*], Barrales-Cureño, Hebert Jair[1], Montoya-Carreto, Lorena[1], Guzmán-Espino, Elizabeth[1],Ambriz-Parra, Enrique[2], Salgado-Garciglia, Rafael[1].[1]Instituto de Investigaciones Químico Biológicas, [2]Facultad de Ingeniería en Tecnología de la Madera.
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), Avenida Francisco J. Múgica S/N Ciudad Universitaria, C.P.58030, Morelia, Michoacán, México. Phone (+52) (443) 322 3500 Ext. 4218.
alejandra.hernandez@umich.mx

Palabras clave: Acer negundo, cultivos in vitro, brotación

Introducción. *Acer negundo* L. (maple mexicano o acezintle) es una especie forestal dioica con potencial maderable (Familia Sapindaceae), muy utilizada como planta ornamental, especialmente en jardinería urbana, con estatus de protección especial (Pr) en México, debido a que presenta bajo éxito en su propagación por semilla, así como por el cultivo *in vitro* directo de yemas apicales o axilares de ramas de árboles adultos (1,2). Como una estrategia para resolver esta problemática, seestablecieron cultivos *in vitro* de ápices de ramas jóvenes obtenidas en estacas cultivadas en condiciones de invernadero. El objetivo de la presente investigación fue establecer las condiciones de cultivo *in vitro* y de micropropagación a partir de ápices de ramas de *A. negundo.*

Metodología. Se establecieron cultivos *in vitro* de ápices de ramas jóvenes obtenidas en estacas de árboles adultos, cultivadas en una mezcla de turba y perlita (1:1) bajo condiciones de invernadero (febrero- abril). ***Establecimiento in vitro*:** Las yemas apicales se obtuviern de ramas jóvenes de dos semanas, las que fueron tratadas con cuatro métodos de asepsia, utilizando detergente neutro (Hyclin®), etanol,hipoclorito de sodio comercial y el fungicida Tiabendazol 60% (Tecto 60®), variando la concentración de éstos y el tiempo de exposición. Después de la asepsia, secultivaron por 14 días en medio de cultivo Murashige y Skoog (MS), en condiciones de 25°C, 16 h de luz, 74 µmol/m2seg. Los porcentajes de contaminación, supervivencia y de explantes con desarrollo de brote inicial, se evaluaron para cada uno de los métodos. ***Etapas de brotación y enraizado:*** Diferentes concentraciones de la combinación debenciladenina/ácido naftalenacético (BA/ANA: 0, 0.05, 0.1, 0.25, 0.5, 1, 1.5, 2 y 2.5 mg/mL) se evaluaron para inducir la formación y multiplicación de brotes en yemas apicales del brote inicial, así como ácido indolbutírico (AIB: 0, 0.1, 0.5 y 1 mg/mL) para la formación de raíces en brotes micropropagados.

Resultados. El tratamiento de asepsia con óptimos resultados, consistió en Hyclin® 15% con 5 g/L Tecto 60® por 15 min, hipoclorito de sodio comercial (1.2% decloro activo) con 5 g/L Tecto 60® por 20 min, para finalmente realzar tres enjuagues con agua estéril, previo a la siembra en área estéril. Con éste se obtuvo un 85% de supervivencia, observando solamente un 15% de contaminación por hongos, sin presentarse oxidación o necrosis. El 75% de los explantes presentaron un brote inicial de 2.5 cm de longitud con desarrollo de un par de hojas (**Fig. 1a**). En el medio MS con la combinación de 0.5 mg/L BA/0.1 mg/L ANA se observó la formación de 2.7 brotes/explante a los 15 días de cultivo (**Fig. 1b)**, llegando a la producción de 5.2 brotes/explante a los 28 días del cultivo (**Fig. 1c**). Los brotes micropropagados de 30 días, fueron cultivados en AIB, mostrando un óptimo enraizado en medio sin auxina, con la formación de 2.8 raíces/brote (**Fig. 1d**).

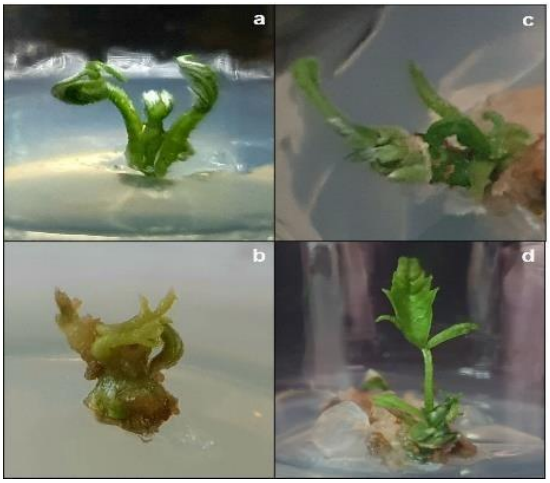


Fig. 1. Brote inicial de ápice de *A. negundo* (**a**); Brotación en yema apical (15 días de cultivo) (**b**); Brotación en yema apical (28 días de cultivo) (**c**); Brote en medio de enraizamiento (d).

Conclusiones. Con esta estrategia de propagación, se logróel establecimiento *in vitro*, la multiplicación y enraizado de brotes, consiguiendo el desarrollo de plántulas de 3.5 cm de longitud con tres pares de hojas, las que están en proceso de endurecimiento para establecer las condiciones de trasplantey aclimatación.

Agradecimiento. Proyecto Financiado por la CIC/UMSNH 2020-2021.

Bibliografía.

CONAFOR. *Acer negundo*. Paquetes Tecnológicos. http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/13/877Acer%20negundo.pdf

Fichas de propagación de árboles clave para la restauración. *Acernegundo.* https://revivemx.org/Recursos/Fichas_propagacion/FichaPropagacion_F4_Acer_negundo_Arce.pdf

MICROPROPAGACIÓN POR ORGANOGÉNESIS DIRECTA A PARTIR DE YEMAS APICALES DE *Ageratina jocotepecana* (ASTERACEAE)

Hernández-García, Alejandra*, Anguiano-Aguilar María Rosario, del Río-Torres Rosa Elva Norma, Salgado-Garciglia, Rafael. Instituto de Investigaciones Químico Biológicas, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (UMSNH), Avenida Francisco J. Múgica S/N Ciudad Universitaria, C.P. 58030, Morelia, Michoacán, México. Phone (+52) (443) 322 3500 Ext.4218.

alejandra.hernandez@umich.mx

Palabras clave: Ageratina, cultivos in vitro, brotación

Introducción. Recientemente, se ha reportado el uso de *Ageratina jocotepecana* B.L. Turner por la composición de los aceites esenciales de las partes aéreas (hojas, tallos y flores) que presentan actividad antimicrobiana, repelente contra las termitas de madera seca y por ser fuente de compuestos para la síntesis de Ambrox® [(–)-13,14,15,16-tetranor-8α,12-labdanodiol], un compuesto con un alto potencial para utilizarse en perfumería (Patente MX/a/2015/014945) (1,2). Debido a estas propiedades y a que sus poblaciones son escasas, así como presentar un porcentaje de germinación bajo, es importante plantear métodos para su propagaciónmasiva y asegurar la fuente de sus compuestos. Como una estrategia a este problema de propagación, el objetivo de la presente investigación fue establecer las condiciones de cultivo *in vitro* y de micropropagación de

A. jocotepecana.

Metodología. Se establecieron cultivos in vitro por la siembra de semillas, obtenidas de una poblaciónsilvestre en Michoacán, mediante un sistema de asepsiaconsistente en etanol 70% por 2 min, detergente neutro (Hyclin®) 10% con 5 g/L de fungicida Tiabendazol 60% (Tecto 60®) durante 5 min y finalmente con hipoclorito de sodio comercial 1.2% (cloro activo) con 5 g/L de Tecto60® por 20 min. Después de la asepsia, se realizaron tres enjuagues con agua estéril y se cultivaroncinco semillas por frasco de cultivo sobre medio MS adicionando 0.05 mg/L de benciladenina (BA), en condiciones de 25°C, 16 h de luz, 74 µmol/m^{2}seg. Para la inducción de la formación y multiplicación directa de brotes, se utilizaron segmentos de ápices de las plántulas germinadas *in vitro*, de 0.5 a 1 cm de longitud (explantes), conteniendo la yema apical, los que se cultivaron en MS con la combinación de BA/ANA, en concentraciones de 0, 0.5 y 1.0 mg/L. Los brotes micropropagados fueron sometidos a enraizado en MS ½ con 0,0.25,0.5,0.75 y 1.0 mg/L de ácido indolbutírico (AIB).

Resultados. Se obtuvo un 70% de germinación, con un8% de contaminación por bacterias, produciendo plántulas de hasta 3 cm de longitud a los 30 días del cultivo (**Fig. 1a**). En el tratamiento de 1 mg/L BA/0.5 mg/L ANA, se logró el mayor número de brotes (12.8 brotes/explante), con la formación de un par de hojas y de 1.7 cm de longitud, a los 30 días del cultivo (**Fig. 1b**). En MS 1/2 con 0.5 mg/L de AIB, se logró el mayor número de raíces por brote (5.2) de 3.6 cm de longitud, a los 14 días del cultivo (**Fig. 1c**). El trasplante y aclimatación se realizó, cultivando las plántulas micropropagadas, desarrolladas en el medio óptimo de enraizado, utilizando un micro-invernadero con malla sombra del 80%, con capacidad para 60 plántulas, con una mezcla de peat-moss comercial (turba) y agrolita en una proporción 1:2. Se obtuvo un 90% de supervivencia, con plantas de 12.7 cm de altura, con hasta 6 pares de hojas (**Fig.1d**). Las plantas se mantienen bajo cultivo en invernadero conun desarrollo óptimo (**Fig. 1e)**.

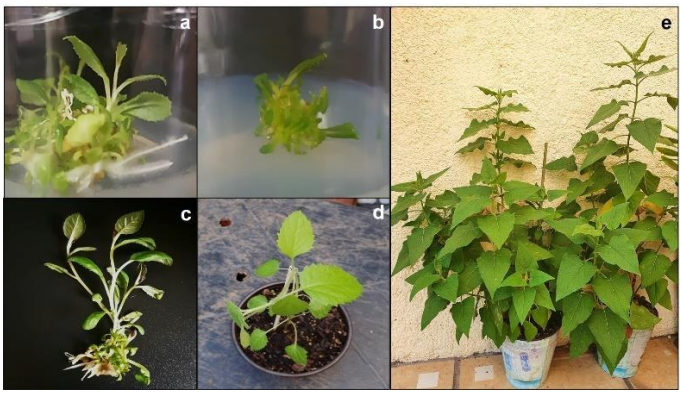


Fig. 1. Plántulas de *A. jocotepecana* fuente de explantes (**a**); Brotes de yemas apicales (30 días de cultivo) (**b**); Plántulas enraizadas (14 días de cultivo) (**c**); Plántulas después de 30 días de trasplante y aclimatación (**d**);Plantas micropropagadas bajo cultivo en invernadero (90 días de cultivo) (**e**).

Conclusiones. Se logró una óptima germinación de semillas de *A. jocotepecana*, cuyas plantas fueron fuente de yemas apicales para el establecimiento de su micropropagación. Se consiguió un óptimo sistema de brotación, enraizado, aclimatación y su cultivo en invernadero.

Agradecimiento. Proyecto Financiado por la CIC/UMSNH 2020-2021.

Bibliografía.

Martínez-Guido, et al. 2014. A Multiobjective optimization approach for thedevelopment of a sustainable supply chain of a new fixative in the perfume industry. ACS Sustainable Chem. Eng., 2(10):2380-2390.

Ramírez-López, et al. 2016. Chemical composition of the essential oil from *Ageratina jocotepecana* and its repellent effect on drywood termite *Incisitermes marginipennis*. Bol. Latin. Caribe Plant. Med. y Aromát., 15(1):53-60.

EFECTO ANTAGÓNICO DE TRES ESPECIES DE TRICHODERMA SOBRE LOS HONGOS FITOPATÓGENOS *Rhizopus* Y *Aspergillus* SEVERAL NATIVE *Trichoderma* AND *Aspergillus* FROM MEXICO

Jesús A. Contreras Iglesias, Isela Quintero Zapata, Fátima L. Gandarilla Pacheco, Myriam Elías-Santos, María E.Alemán Huerta, María S. Flores González.Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas- Instituto de Biotecnología. Pedro de Albas/n, Cd. Universitaria, C.P. 66450, San Nicolás de los Garza, N.L. México.
isela.quinterozp@uanl.edu.mx

Palabras clave: Antagonistas, fitopatógenos, Trichoderma

Introducción. Los hongos fitopatógenos, son causales del 50 al 80% de las enfermedades en plantas, lo cual significa grandes pérdidas en el rendimiento y la producción en la agricultura, deterioro en la vida de anaquel, así como también pueden provocar epidemias masivas al contaminar cultivos aledaños e incluso cruzara regiones y países donde no se presentaba esa problemática (1,2). Una de las alternativas más prometedoras y ecológicas para el manejo de estasenfermedades es el control biológico, este se basa en la utilización de organismos como los hongos que presentan actividad antagonista, como por ejemplo *Clonostachys* spp., *Trichoderma* spp., *Cladosporium* spp., entre otros (3,4).

Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue determinar la capacidad antagónica in vitro de diferentes especies de *Trichoderma* frente a los hongos fitopatógenos *Rhizopus*sp. y *Aspergillus* sp.

Metodología. Se realizaron enfrentamientos duales *in vitro* entre *Rhizopus* sp. y *Aspergillus* sp. con cada uno de los antagonistas (*T. harzianum*, *T. viride*, y *T. asperellum*) en cajas Petri de 90 x 100 mm, incluyendo para cada tratamiento [(1) *T. asperellum* vs *Rhizopus* sp. (2) *T. viridae* vs *Rhizopus* sp. (3) *T. harzianum* vs *Rhizopus* sp. (4) *T. asperellum* vs *Aspergillus* sp. (5) *T. viridae* vs *Aspergillus* sp. (6) *T. harzianum* vs *Aspergillus* sp.] los testigos correspondientes. El porcentaje de inhibición de crecimiento radial (PICR) y la evaluación dela capacidad antagónica de cada una de las cepas se calculó de acuerdo con fórmulas y escalas previamente reportadas (5,6). Los datos obtenidos para cada uno de los ensayos se sometieron a un análisis de varianza (ANOVA) y una prueba de comparación de medias de Tukey (p≤ 0.05).

Resultados. Los resultados mostraron que el enfrentamiento donde se observó un mayor porcentaje de inhibición final fue *T. viridae* vs *Aspergillus sp*., con un 45.53%. Respecto a la capacidad antagónica, esta fue de grado dos sobre *Rhizopus sp*., lo cual significa que se presentó una invasión de un ½ de la superficie delpatógeno al cuarto día de incubación, mientras que para*Aspergillus sp*. el grado fue cero, lo que significa que no existió ninguna invasión de la superficie de la colonia delpatógeno.

Tabla 1. Grados de capacidad antagónica de *T. asperellum*, *T. viridae* y *T. harzianum* obtenidos sobre *Aspergillus sp*. y *Rhizopus sp*.

Tratamiento	Enfrentamientos	Grado
1	*T. asperellum* vs *Rhizopus sp.*	2
2	*T. viridae* vs *Rhizopus sp.*	2
3	*T. harzianum* vs *Rhizopus sp.*	2
4	*T. asperellum* vs *Aspergillus sp.*	0
5	*T. viridae* vs *Aspergillus sp.*	0
6	*T. harzianum* vs *Aspergillus sp.*	0

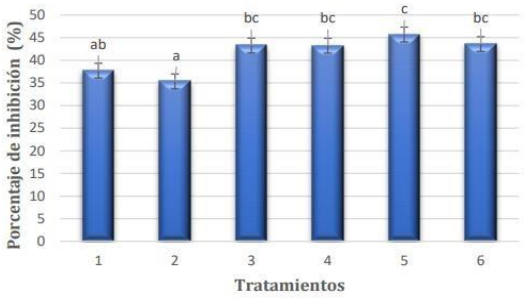


Fig. 1. Porcentajes de inhibición del crecimiento radial al cuartodía de incubación en enfrentamientos duales *in vitro*. Tratamientoscon la misma letra no presentan diferencia significativa según la prueba de Tukey (p≤ 0.05).

Conclusiones. *T. asperellum*, *T. viridae* y *T. harzianum* pueden restringir el crecimiento de Aspergillus sp. y*Rhizopus sp*., *in vitro* bajo condiciones controladas; en el caso de *Rhizopus sp*., las cepas *T. asperellum* y *T. viridae* mostraron capacidad antagónica y micoparasitaria.

Bibliografía.

Shuping DSS, Eloff JN. (2017). *Afr J Tradit, Complement Altern Med.* 14(4): 120-127.

Doehlemann G, Ökmen B, Zhu W, Sharon A (2016). *Microbiol Spectr*.5(1).

Molina-Mercader G, Zaldúa- Flores S, González- Vargas G,Sanfuentes- Von Stowasser E. (2006). *Bosque.* 27(2): 126-134.

Orakçı EG, Yamaç M, Amoroso JM, Cuozzo AS. (2010). *FresenEnviron Bull*. 19(3):417-424.

Ezziyyani M, Sánchez CP, Requena ME, Rubio L, Candela ME.(2004). *Anales de Biología*. 26: 61-68.

Li J, Wu Y, Chen K, Wang Y, Hu J, Wei Y, Yang H. (2018). *Can J Microbiol*.64(12): 1020-1029.

DETECTAR LOS MARCADORES MOLECULARES P6-25 Y P7- 43D LIGADOS A LOS GENESTy-3 E I-3 ASOCIADOS A LA RESISTENCIA DEL TOMATE AL VIRUS TYLCV Y EL HONGO FOL RAZA 3 EN LINEAS AVANZADAS Y VARIEDADES COMERCIALES DE *Solanum lycopersicum* L.

Josefina León Félix, María Claudia Villicaña Torres, Richecarde Lafrance, Centro de Investigación de Alimentación(CIAD), Culiacán C.P 80110.
lafrancerichecarde@yahoo.fr

Palabras clave: Tomate, Fol, TYLCV

Introducción. En el año 2019, México produjo 3,441,639 toneladas de tomate por lo que ocupó el noveno lugar en producción a nivel mundial (1). Sin embargo, esta se ha visto afectado por múltiples patógenos virales y fúngicos tales como: el virus del enrollamiento de la hoja amarilla del tomate (TYLCV) y *Fusarium oxysporum* f. sp. *licopercisi* (Fol) que reducen los rendimientos, la calidad de la fruta, la vida útil y el contenido nutricional. (2;3;4). El tratamiento de las enfermedades causadas por estos patógenos ha sido principalmente químico lo que presenta riesgos para la salud y afectan negativamente al medio ambiente. Una mejor alternativa para reducir el daño ocasionado por estos patógenos es el uso de variedades resistentes. En los últimos años se han descrito diferentes genes de resistencia a TYLCV y a Fol, desde Ty-1 a Ty-5 y I-1 a I-3 respectivamente. Sin embargo, a nivel internacional los genes Ty-3 e I-3, son los más usados.

Por lo que esta investigación tiene como propósito detectar por PCR punto final los marcadores moleculares P6-25 y P7- 43D asociados a los genes Ty-3 e I-3 respectivamente en materiales de tomate comerciales y líneas avanzadas y posteriormente, evaluar la resistencia de estos materiales a cepas de TYLCV y Fol, aisladas de Sinaloa.

Metodología. Se obtuvieron plantas a partir de semillas de líneas avanzadas e híbridos comerciales con presunta resistencia y susceptibilidad a TYLCV y Fol. Para la extracción del ADN, se tomaron aproximadamente 0.3 g de cada material vegetal usando el protocolo CTAB (5). Para la identificación de los genes Ty-3 y I-3 se emplearon 100 ng de ADN genómico, 1 µl de cada uno de los cebadores específicos P6-25F/P6-25R y P7- 43D- F/P7-43D-R, respectivamente en reacciones de PCR de 25 µl, bajo las condiciones estipuladas en la literatura (3;4). Los productos de la PCR se separaron en geles de agarosa al 1% y se observaron en un transiluminador UV (Axygen).

Resultados. De las plantas evaluadas solo tres líneas avanzadas presentaron una banda de un tamaño aproximado de 660 pb (resistencia) con los cebadores P6-25 (**Fig. 1**). En el caso de los cebadores P7- 43D dos híbridos comerciales y cinco líneas avanzadaspresentaron una banda de un tamaño aproximado de 875pb (resistencia) (**Fig. 2**).

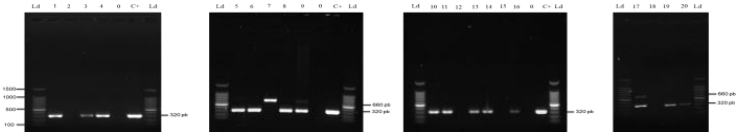


Fig. 1. Electroforesis en gel de agarosa al 1% de las amplificaciones delmarcador P6-25 (Ty-3) en híbridos comerciales y lineas avanzadas. Amplicones de 320 pb susceptible y 660 pb resistentes. Ld:Marcador de peso molecular de 100 pb. Lineas avanzadas: 1,2,3,5,6,7,8,9,10,11, 12,13,17,20. híbridos comerciales: 4,14,15,16,18,19. C+: control positivo de la PCR. 0: blanco de la PCR.

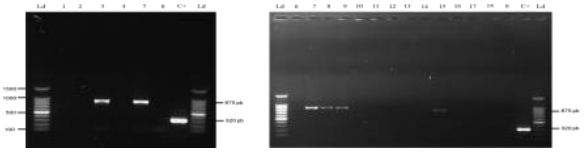


Fig. 2. Electroforesis en gel de agarosa al 1% de las amplificaciones del marcador molecular P7-43D (I-3). amplicones de 875 Pb (resistencia) en híbridos comerciales y líneas avanzadas. Ld: Marcador de peso molecular de 100 pb. Lineas avanzadas: 1,2,4,5,7,8,9,10,11, 12,13,14,15. híbridos comerciales: 3,6,16,17,18 C+: control positivo dela PCR. 0: blanco de la PCR.

Conclusiones. Además de las líneas avanzadas e híbridos comerciales que contienen estos marcadores, serequiere la búsqueda de otros marcadores asociados a laresistencia a TYLCV y Fol para descartar que las líneas avanzadas e híbridos que amplificaron bandas susceptibles o que no amplificaron bandas sean susceptibles a este virus y este hongo.

Agradecimientos. Los autores agradecen a CONACYT, al CIAD A. C. Culiacán El Dr. Juan …. y a Fundación Produce Sinaloa por su apoyo a este proyecto.

Bibliografía.

SIAP. (2020). *Atlas-agroalimentario*. Retrieved from https://nube.siap.gob.mx/gobmx_publicaciones_siap/pag/2018/Atlas-Agroalimentario-2018. Ultima fecha de consulta: 01/04/2021

FAOSTAT. (2020). FAO. Retrieved from http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC/visualize. Ultima fecha de consulta: 01/04/2021

Lugo-Melchor, O. Y., Guzmán-Uriarte, R., García-Estrada, R. S., & Josefina, L. F. (2011). *Revista Mexicana de Fitopatología*, 29(2), 109– 118.

Ascencio-álvarez, A., López-Benítez, A., Borrego-Escalante, F., Rodríguez-Herrera, S., Flores-Olivas, A., Jiménez-Díaz, F., & Gámez- Vázquez, A. (2008). *Revista Mexicana de Fitopatología*, 26(2), 114– 120.

Tamari F & Hinkley C S (2016). *Springer Science+Business*. 17: 245– 263.

EFECTO DE LA SOBREEXPRESION DE miR5300 EN HOJAS TABACO ANTE LA INFECCIONPOR *SCLEROTINIA SLEROTIORUM*

Catarino Eduardo Tellez Valerio, Flor de Fátima Rosas Cárdenas, Instituto Politécnico Nacional - Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Tepetitla de Lardizábal, Tlaxcala CP. 90700.
fatyrosas@hotmail.com

Palabras clave: miR5300, sobreexpresión,S. sclerotiorum

Introducción. El hongo *Sclerotinia sclerotiorum* (*S. sclerotiorum*) es un patógeno agresivo devastador capaz de colonizar a un gran número de plantas [1]. Lasplantas a lo largo de su evolución han desarrolladomecanismo para hacer frente al ataque de patógenos, uno de estos son a nivel molecular como los microRNA (miRNA) [2]. Los miRNAs son RNA pequeños de cadena sencilla que regulan negativamente la expresión génica y están involucrados en diversos procesos de desarrollo y respuesta a estrés de plantas [3]. En tomate el silenciamiento de genes blancos de miR5300 provocaron más susceptibilidad al ataque de hongos [4]. El objetivo de este trabajo es analizar el posible papel de miR5300 mediante sobreexpresión ante la infección por *S. sclerotiorum.*

Metodología. Mediante herramientas bioinformático se analizaron blancos y diseñaron los oligos necesarios para la obtención del precursor de miR5300. A través dePCR se obtuvo el precursor de miR5300 de Tomate, este fue insertado en un vector de clonación y a través de la tecnología Gateway® se generó una construcción de sobreexpresión que fue analizado por PCR, digestión enzimática y secuenciación. La construcción fue insertada en células competentes de *A. tumefaciens* para la mediación en la transformación de hojas. *S.sclerotiorum* fue crecido en medio PDA, a los 5 días, hojas de tabaco con transformación transitoria fueron infectados con el *S. sclerotiorum*. Se realizó el seguimiento de la infección y se colecto el material vegetal para análisis de tejido y moleculares.

Resultados. El análisis bioinformático de miR5300 en tomate mostró que miR5300 tiene una gran cantidad de genes blanco que están relacionados a la resistencia a enfermedades, este análisis también se realizó en tabaco donde también se encontraron genes de resistencia a enfermedades como los genes *NBS-LRR*. Los análisis moleculares de la construcción de sobreexpresión de miR5300 en el vector de expresión pB7WG2D mostraron la correcta amplificación de genesreporteros *BAR*, *GFP* y *ATTB* que poseen 512 pb, 717 pb y 351 pb respectivamente. La transformación transitoria fue realizada mediante agro infiltración enhojas de tabaco que fue confirmada mediante tinción GUS.

Los análisis de hojas de tabaco con expresión transitoria frente a la infección por *S. sclerotiorum* mostraron que a los 5 días post infección las hojas WT no mostraron daño provocado por el hongo, sin embargo, las hojas con transformación transitoria de miR5300 mostraron daño importante en el tejido a causa del crecimiento de la infección de *S. sclerotiorum*.

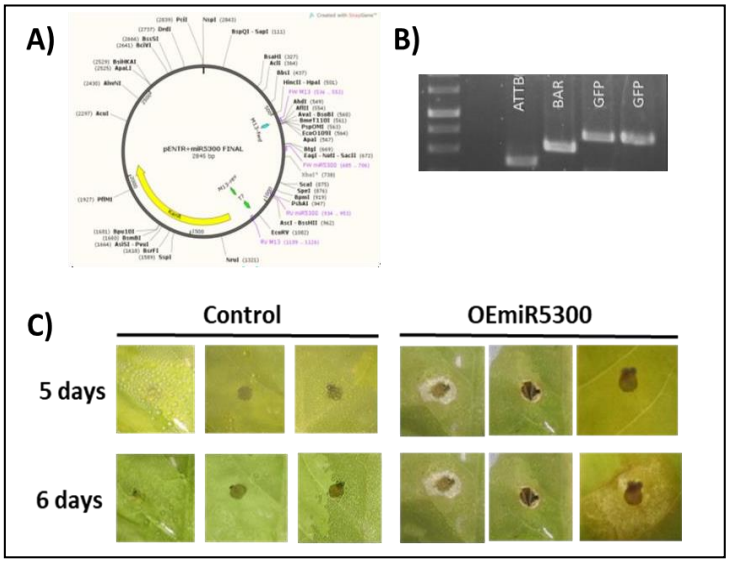


Fig. 1. Análisis de miR5300. A) Construcción de sobreexpresión de miR5300. B) Análisis molecular de pB7WG2D+miR5300. C) Hojas detabaco ante la infección de *S. sclerotiorum*.

Conclusiones. Las hojas de tabaco con expresión transitoria fueron mas susceptibles a la infección por S*. sclerotiorum* y esto puede ser debido a la represión de genes blancos de resistencia a patógenos.

Agradecimiento. Agradecimientos a CONACYT por labeca otorgada y al proyecto SIP 20200599.

Bibliografía.

Liang X. and Rollins J. A., (2018), *Phytopathology,* vol. 108, no. 10, pp.1128–1140,"Mechanisms of broad host range necrotrophic pathogenesis in sclerotinia sclerotiorum,",

Z. Liu *et al.*, (2017), *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 18, no. 8, , "Functional and promoter analysis of ChiIV3, a Chitinase of pepper plant, in response to phytophthora capsici infection,"

X. Song, Y. Li, X. Cao, and Y. Qi, (2019), "*Annu. Rev. Plant Biol.*, vol.70, pp. 489–525, MicroRNAs and Their Regulatory Roles in Plant- Environment Interactions,"

S. Ouyang *et al.*, *PLoS Pathog.*, vol. 10, no. 10, 2014, "MicroRNAs Suppress NB Domain Genes in Tomato That Confer Resistance to Fusarium oxysporum,"

IDENTIFICACIÓN DE MIRNAS EN PLANTAS DE AMARANTO SOMETIDAS A DIFERENTESTIPOS DE ESTRÉS USANDO SECUENCIACIÓN MASIVA Y HERRAMIENTAS BIOINFORMATICAS

Marcelino Martínez Núñez, Magali Ruíz Rivas, Josefat Gregorio Jorge, Silvia Luna Suárez, Stefan de Folter,Ricardo Aarón Chávez Montes, Flor de Fátima Rosas Cárdenas. Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Tlaxcala, México. CP. 90700. frosasc@ipn.mx

Palabras clave: Amaranth, small RNA sequencing, estrés

Introducción. El amaranto se ha propuesto como una alternativa excepcional para la seguridad alimentaria y la mitigación del cambio climático. La información sobre la distribución, abundancia o especificidad de los miRNAs en las especies de amaranto es escasa. El progreso en la investigación genómica de diferentes especies de plantas, junto con los métodos de secuenciación masiva de siguiente generación, ha dado como resultado una gran cantidad de datos de sRNAs, a partir de los cuales se han anotado muchos miRNAs (1). Dada la complejidad de las poblaciones de RNAs de plantas, han surgido paquetes de software como ShortStack para analizar conjuntos de datos de ARN-seq (2). ShortStack permite analizar exhaustivamente los datos de sRNA-seq alineados con la referencia del genoma y para identificar las secuencias de miRNA presentes en el genoma de referencia (3).

En este trabajo, se llevó a cabo la secuenciación masiva de sRNAs en amaranto para identificar miRNAs en el genoma del amaranto y el perfil de expresión de estos miRNAs en diferentes condiciones de estrés.

Metodología. Plántulas control y sometidas a condiciones de estrés por frío, calor y sequía de *Amaranthus hypocondriacus* fueron usadas para extraer los RNAs. Doce librerías fueron generadas y secuenciadas usando la plataforma Ilumina. Las secuencias fueron depuradas y analizadas usando el software ShortStack (4). Los miRNAs fueron validados por qRT-PCR. El perfil de expresión diferencial de los miRNAs fue determinado usando edgeR. De los miRNAs identificados se realizó la predicción de sus genes blanco, los cuales fueron usados para conocer la red de interacción de los miRNAs.

Resultados. Se identificaron cincuenta y tres miRNAs genuinos, treinta y nueve pertenecientes a familias conservadas y catorce miRNAs nuevos (Fig 1a). De los 53 miRNAs, 14 mostraron expresión diferencial en al menos una condición de estrés (Fig1b). La identificación de sus genes blanco sugiere que los miRNAs de amaranto conservados están involucrados en los procesos de crecimiento y desarrollo, así como en las respuestas a estrés.

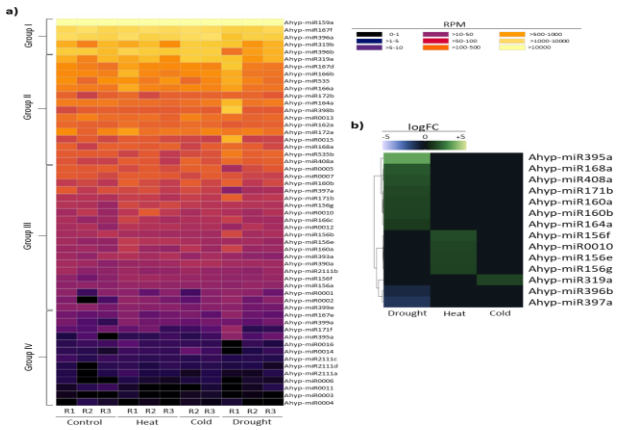


Fig 1. Abundancia de miRNA de amaranto. a) Mapa de calor de abundancias de miRNAs, en lecturas por millón de lecturas, bajo control, tratamientos de calor, frío y sequía. b) miRNAs con perfil de expresión diferencial

Asimismo, la red reguladora de los miRNAs identificados sugiere que miRNAs altamente conservados como miR160 y miR397 están ubicados en centrosimportantes, mientras que otros, como miR0010, podríanestar actuando en vías específicas.

Conclusiones. Nuestros 53 miRNA identificados y sus genes blanco predichos, así como el grupo de miRNAs potencialmente involucrados en el estrés por frío, calor y sequía, serán útiles para desentrañar los mecanismos moleculares subyacentes a la respuesta a las condiciones ambientales y para la mejora genética del amaranto.

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por CONACyT grant CB-2013-221522, y SIP 20195904 and 20200599.

Bibliografía.

Kozomara A, Birgaoanu M, Griffiths-Jones S (2019) miRBase: from microRNA sequences to function. *Nucleic Acids Res* 47(D1): D155- D162.

Johnson NR, Yeoh JM, Coruh C, Axtell MJ (2016) Improved Placement of Multi-mapping Small RNAs. *G3 (Bethesda)* 6(7): 2103- 2111.

Axtell MJ, Meyers BC (2018) Revisiting criteria for plant miRNA annotation in the era of big data. *Plant Cell 30*(2), 272-284.

Axtell MJ (2013) ShortStack: comprehensive annotation and quantification of small RNA genes. *RNA* 19(6): 740-751.

INFLUENCIA DEL REGULADOR GLOBAL OxyR SOBRE LA VIRULENCIA DE *P. savastanoi* pv. phaseolicola NPS3121

Jackeline Lizzeta Arvizu Gómez[1]*, Juan Diego Paredes Tadeo[2], Alejandro Hernández Morales[3], Christian GonzálezReyes[2], Juan Ramiro Pacheco Aguilar[4]. [1]Secretaría de Investigación y Posgrado. Centro Nayarita de Innovación y Transferencia de Tecnología. Universidad Autónoma de Nayarit. [2]Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicoy Farmacéuticas. Universidad Autónoma de Nayarit. [3] Unidad Académica Multidisciplinaria Zona Huasteca. Universidad Autónoma de San Luis Potosí.[4]Universidad Autónoma de Querétaro.
*lizzeta28@gmail.com

Palabras clave: Estrés oxidativo, OxyR, faseolotoxina

Introducción. *P. savastanoi* pv. phaseolicola es el agente causal de la enfermedad en frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) conocida como Tizón de halo; enfermedad cuya ocurrencia y desarrollo se ve favorecido principalmente por temperaturas bajas (16-20 °C) (1). Estudios de transcriptómica, comparando el perfil de expresión génico de *P. savastanoi* pv. phaseolicola NPS3121 crecida a 18 °C y 28 °C (correspondiente a condiciones relacionadas y no, con el desarrollo de la enfermedad respectivamente) mostraron que, a bajas temperaturas (18 °C) el perfil global de expresión obtenido, entre los que se encuentran genes de virulencia y patogenicidad, es congruente con una respuesta a estrés oxidativo (2). Estos resultados sugieren que mecanismos regulatorios de estrés oxidativo están involucrados en la virulencia/patogenicidad de la bacteria a bajas temperaturas. Hasta ahora, el papel del regulador globalde estrés oxidativo OxyR sobre la virulencia de *P. savastanoi* pv. phaseolicola no ha sido evaluado.

Por lo que el objetivo de este trabajo ha sido determinar si los mecanismos de virulencia forman parte del regulón oxyR en *P. savastanoi* pv. phaseolicola NPS3121.

Metodología. La mutación del gen único homólogo a *oxyR* (PSPPH_RS00995), en *P. savastanoi* pv. phaseolicola NPS3121, se llevó a cabo mediante la estrategia mutacional de la inactivación del gen, con base en la metodología descrita (3). La producción de faseolotoxina, principal factor de virulencia de *P. savastanoi* pv. phaseolicola, fue detectada mediante el ensayo de inhibición de crecimiento de la cepa de *E. coli* JM103 (4). La influencia de la proteína OxyR en la expresión de genes de síntesis de faseolotoxina (región Pht) se evaluómediante ensayos RT-PCR de acuerdo a la metodologíadescrita (5).

Resultados. I. Obtención de mutante *oxyR*$^-$ de *P. savastanoi* pv. phaseolicola NPS3121. Mediante ensayos PCR se validó la integración del plásmido suicida en la región de interés.

La cepa mutante *oxyR*$^-$ de *P. savastanoi* pv.phaseolicola NPS3121 mostró reducción de síntesis de sideróforos en comparación con la cepa silvestre (wt).

II. OxyR influye en la síntesis de faseolotoxina, principal factor de virulencia de *P. savastanoi* pv. phaseolicola y regula la expresión de genes relacionados (operón phtM) con la síntesis de este compuesto. Los ensayos de faseolotoxina mostraron que la mutación del gen *oxyR* inhibe la síntesis de este compuesto (Fig.1). Asimismo, los ensayos de RT-PCR mostraron la represión del gen *amtA*(miembro del operón phtM) a 18 °C, en el fondo mutante *oxyR*$^-$ de *P. savastano*i pv. phaseolicola NPS3121 (Fig.1).



Fig 1. Faseolotoxina en cepa mutante *oxyR*$^-$. Panel izquierdo: Ensayos de faseolotoxina. Panel derecho: ensayos RT-PCR de gen *amtA* a 18 °C.

Conclusiones. La proteína regulatoria OxyR influye en la virulencia de *P. savastanoi* pv. phaseolicola NPS3121.

Agradecimiento. El trabajo fue financiado con apoyo otorgado a proyecto FORDECYT-PRONACES/137707/2020 CONACyT a Universidad Autónoma de Nayarit (Arvizu-Gómez Jackeline Lizzeta).

Bibliografía

Agrios GE: Plant pathology. Fourth edition. Academic Pres. 2010. 2.Arvizu-Gómez JL, Hernández-Morales A, Pacheco-Aguilar R,Álvarez-Morales A. (2013) *BMC Microbiol.* 13(81).

Windgassen M, Urban a, Jaeger KE. (2000) *FEMS let*. 193.

Hernández-Guzmán G, Álvarez-Morales A. (2001) *Mol Plant-Microbe Interact*. 14.

Hernández-Morales A, Rojas-Morales JA, Reynoso-López M,Martínez-Rizo AB, Velázquez-Fernández JB, Arvizu-Gómez JL. (2018).

J. Gen Plant Pathol. 84:137-141.

NODULACIÓN EFECTIVA Y FIJACIÓN DE NITRÓGENO DE RIZOBIOS-*INGA VERA* EN CAFETALES DE SOMBRA CON Y SIN HERBICIDAS GLIFOSATADOS

Jorge Alejandro. Velasco-Trejo[1], Enrique Alarcón Gutiérrez[1], José Antonio García Pérez[2], María del Rosario PinedaLópez[1], Mónica Rosenblueth[3]. [1]Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Xalapa de Enríquez, 91090. [2]Facultad deBiología, Universidad Veracruzana, Xalapa de Enríquez, 91090, [3]Centro de Ciencias Genómicas-Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, 62210.
jorgealejandromx@gmail.com

Palabras clave: Leguminosa, Bradyrhizobium, simbiosis

Introducción. El 37% de los cafetales en el centro de Veracruz utilizan árboles de Inga vera como sombra (1), sin embargo, en épocas recientes, estos presentan dificultades para sobrevivir y crecer al trasplante en las fincas. Se plantea que el uso continuo de herbicidas glifosatados (HG) sea el responsable. La simbiosis rizobios - I. vera forma nódulos en las raíces donde se fija N atmosférico (N2) -reduciendo el N2 a NH3-. En estudios con otras leguminosas se ha encontrado que la adición de glifosato, inhibe la producción de flavonoides, reconocidos por rizobios en raíces para iniciar la organogénesis del nódulo (2). Por tanto, el propósito de este estudio fue evaluar en una primera aproximación, mediante un estudio observacional, la nodulación efectiva (NE) y fijación de N2 (FN) en cafetales de sombra (CS) sin (SG) y con (CG) aplicación de HG.

Metodología. El estudio se realizó en San Marcos de León, municipio de Xico, Veracruz, México, en marzo de 2020 y 2021. Se eligieron cinco parcelas SG y seis parcelas CG y en cada una se midió la NE (3) y la FN a razón de dos árboles por parcela (DN > 32cm). La NE se determinó mediante coloración rojiza (4) para lo cual se partieron por mitad el 100 % de nódulos extraídos mientras que para la FN se utilizó la reducción de acetileno (5). Una prueba de Z se utilizó para comparar la proporción de NE entre parcelas con y sin HG mientras que la fijación de nitrógeno fue analizada mediante la prueba de Kruskal-Wallis para k muestras independientes.

Resultados. La proporción promedio de la NE disminuyó significativamente de 11.01 ± 0.03% en parcelas SG (n = 5) a 2.99 ± 0.01% en parcelas CG (n=6) (Z= -4.93, p = 0.0014) como se aprecia en la figura 1. Similarmente, la FN disminuyó de forma significativa en 82.08 molN g nódulo-1 en parcelas CG respecto a las parcelas SG (H0.05,1 y p = 0.034) como se aprecia en la figura 2.

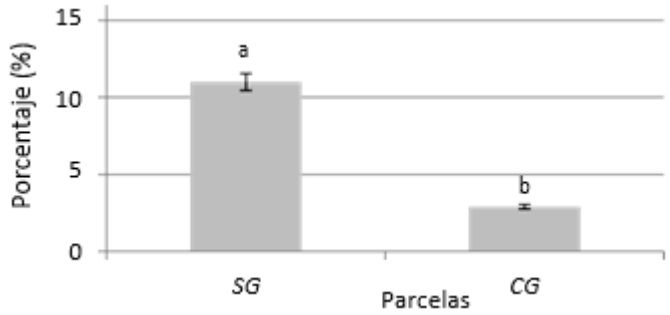


Fig. 1. Comparación en la proporción de nodulación efectiva (*NE*) entre parcelas *sin* y *con* herbicidas glifosatados (*SG* y *CG*). Letras distintas indican diferencias estadísticas significativas.

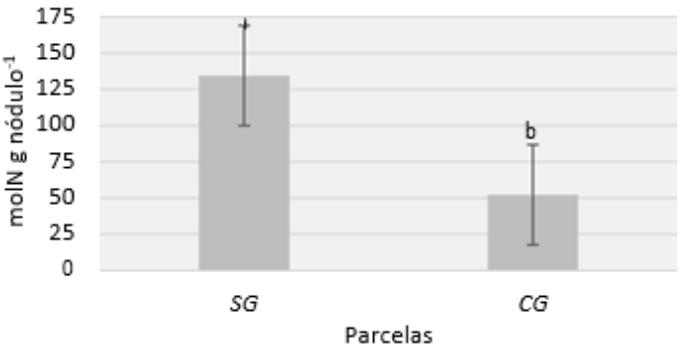


Fig. 2. Comparación de medias en la fijación de moles de N (*FN*) por gramo de nódulo fresco entre parcelas *sin* y *con* herbicidas glifosatados(*SG* y *CG*). Letras distintas indican diferencias estadísticas significativas.

Conclusiones. Tanto la *NE* como la *FN* disminuyeron en parcelas donde se aplica glifosato. Este patrón resultante conduce a nuevos estudios para la verificación experimental del glifosato como el agente causal.

Bibliografía.

López-Gómez, A. M., Williams-Linera, G., y Manson, R. H. (2008). *Agric. Ecosyst. Environ*, *124*(3-4), 160-172.

Guijarro, K. H., Aparicio, V., De Gerónimo, E., Castellote, M., Figuerola, E. L., Costa, J. L., & Erijman, L. (2018). *Sci Total Environ*, *634*, 974-982Forte, I.H. (2017). *Cultrop* 38(1), 39-49.

Vikman, P.A., y Vessey, J. K. (1993). J. Exp. Bot., *44*(3), 563-569.

5.Moreira, F.M.D.S., Silva, M.F.D. y Miana, F.D.S. (1992). *New Phitol*.121(4), 563-570.

GERMINACIÓN DE SEMILLAS DE CANISTEL

Karen M. Granados-Vega[1], Silvia Evangelista-Lozano[1], Mario Rodríguez-Monroy[1], Gabriela Sepúlveda-Jiménez[1],José F. Pérez-Barcena[2]. [1]Departamento de Biotecnología del Centro de Desarrollo de Productos Bióticos del Instituto Politécnico Nacional, Yautepec, Morelos; México. CP 62731; [2]Centro Interdisciplinario Milpa Alta del IPN.
Kgranadosv1801@alumno.ipn.mx; kgranadosv@gmail.com

Palabras clave: Pouteria campechiana, índice de germinación, imbibición de la semilla

Introducción. Canistel (*Pouteria campechiana* (Kunt) Baehni) Sapotaceae, recurso frutícola originario de México, los frutos son fuente de antioxidantes, vitaminas, aminoácidos esenciales y carbohidratos (1). La propagación es primordialmente por semilla, la cual es sembrada para desencadenar el proceso de germinación, con la absorción de agua y termina con el inicio del alargamiento del embrión, la radícula (2). Es escasa la información relacionada con la germinación y emergencia de la plántula.

El objetivo fue analizar la germinación de *P. campechiana* mediante diferentes métodos para obtener plantas.

Metodología. Los frutos de canistel fueron colectados, las semillas fueron escarificadas y sembradas (3). La germinación se consideró, cuando se presentó un cm de la radícula, las semillas permanecieron en condiciones de invernadero a 27 °C y 46 % de HR. La ganancia de peso durante la germinación (embebido de agua), se obtuvo el peso desde semilla hasta el alargamiento de la planta. Método descriptivo (4) capacidad de germinación, dato que se obtuvo por el porcentaje final de semillas germinadas; método analítico mediante el índice de germinación y velocidad de germinación = Σ (n/t), donde n es el número de semillas que germinaron en el tiempo t, y t son los días después de la siembra (dds) (5).

Resultados. La ganancia de peso fue evidente al aparecer la radícula; la emergencia de la planta fue a los 20 días (presencia de la plúmula), y fue mayor el incremento en el peso de la plántula. En la curva obtenida se aprecian 3 fases: fase 1 imbibición, fase 2 lag (actividad metabólica) y la fase 3 (alargamiento de raíz y parte aérea) (Figura 1).

La capacidad de germinación, fue del 95 % en semillas escarificadas manualmente, dato que se obtuvo por el porcentaje final de semillas germinadas (18 días). El índice de germinación al 50 % fue a los 5 dds y 75 % a los 8 dds y 95 % a 10 dds; la velocidad de germinación fue de 2.05 semillas por día; esté índice se comparó con semillas no escarificadas (0.22 semillas germinadas por día), permanecieron bajo las mismas condiciones (Figura 2).

A los 90 días dds, las plantas presentaron 19.7 cm de altura; 0.4 cm de diámetro de tallo y 7 hojas por planta. Tamaño adecuado para ser trasplantadas en campo o en contenedor de mayor tamaño, para evitar la torcedura de la raíz principal y laterales; situación que demerita la calidad de las plantas y dificulta las prácticas agroforestales.

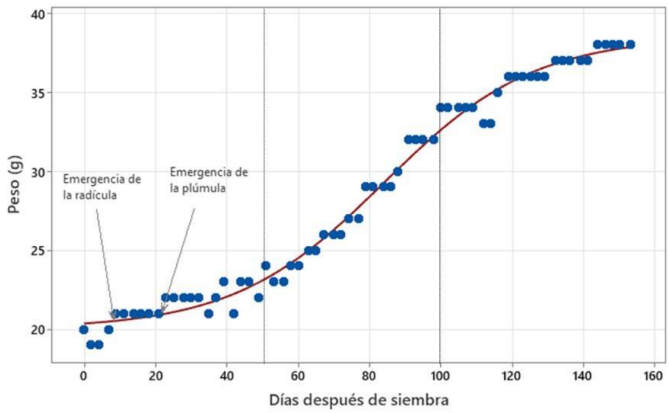


Fig. 1. Curva de crecimiento y desarrollo de *P. campechiana,* dese germinación hasta plantas (peso fresco).

Conclusiones. De acuerdo a diferentes métodos de análisis, la germinación de semillas escarificadas de canistel se presentó en la primera semana después de la siembra y se obtienen plantas completamente desarrollada desde los tres meses después de la siembra.

Agradecimiento. A la Secretaría de Investigación y Posgrado del IPN (proyecto SIP20200635) y al CONACYT.

Bibliografía.

Aseervatham G.S.B., Sivasudha T., Sasikumar J.M., Christabel P.H., Jeyadevi R., Ananth D.A. (2014). J Physiol Biochem 70(1): 1-14. https://doi.org/10.1007/s13105-013-0274-3

Bradford K.J., Nonogaki H. (2007). Seed development, dormancy and germination. Annu Plant Rev. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, p. 389.

Pérez-Barcena J.F., Cruz-Castillo J.G., De Jesús-Sánchez A., Jiménez- Aparicio A.R., Evangelista-Lozano S. (2021). Bot Sci, 99(2): 377-387. https://doi.org/10.17129/botsci.2796

González-Zertuche L., Orozco-Segovia A. (1996). Bot Soc, 58: 15-30. https://doi.org/10.17129/botsci.1484

Maguire, J.D. (1962). Crop Sci, 2(1):176–177. https://doi.org/10.2135/cropsci1962.0011183X000200020033x.

TRATAMIENTO POSTCOSECHA EN FRESA (*Fragaria ananassa*) PARA LA INHIBICIÓN DE *Rhizopus* sp

Marina Guevara Valencia[1], Oscar Sánchez Aguirre[2], Ma. del Rocío Bulás Mendoza[1], Javier Emmanuel BulbarelaMarini[1], Miriam C. Pastelin Solano[1], y Odón Castaneda Castro[1]. [1]Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Veracruzana, Orizaba, Veracruz, México. [2]Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad Veracruzana, Xalapa de Enríquez, Veracruz, México.
mguevara@uv.mx

Palabras clave: Productos naturales, Brugmansia aurea, fitopatógenos

Introducción. México es el tercer proveedor de fresa fresca al mercado internacional, es un producto delicado en su manipulación, transporte y almacenamiento adecuado; parámetros que no se cumplen totalmente, por lo que el producto queda expuesto entre otros microorganismos a *Rhizopus* sp., uno de los principales hongos causantes de gran parte de la perdida de fruta, causando daño hasta un tercio de la producción, ante esta situación se buscan nuevos métodos de cuidado para el manejo de la fruta recolectada.

Aplicar la eficiencia de extractos etanólicos de *Brugmansia aurea* para la inhibición de *Rhizopus* sp., en post cosecha de fresa (*Fragaria ananassa*).

Metodología. Empleando flores de *Brugmansia aurea*, se realizó por maceración y con protección de la luz un extracto etanólico con una concentración de 0.9858 mgmL^{-1}. El hongo *Rhizopus* sp., se aisló de un fruto de jitomate, su cultivándose en agar papa dextrosa. Se establecieron tratamientos por inmersión para la inhibición de *Rhizopus* sp., inoculado en el hipocótilo y en la epidermis. Se ensayaron seis tratamientos, diferenciado el tiempo de inmersión (0, 3, 5 min) con 10 réplicas cada uno.

Resultados. Se observó que los mejores resultados obtenidos para la inhibición del fitopatógeno fue la inmersión durante 3 min, en la fruta inoculada sobre la epidermis (Figura 1).

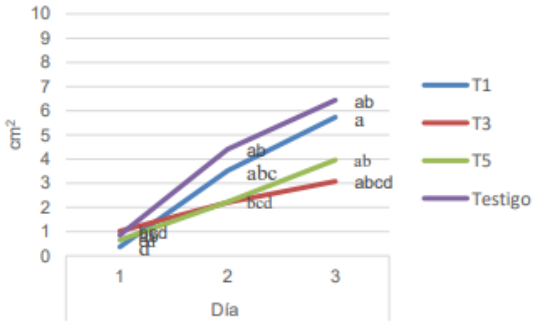


Fig. 1. Comparación de tratamientos en la epidermis de la fresa con el extracto etanólico de *B. aurea* para la inhibición de Rhizopus sp.

El hipocótilo es una zona donde se conserva mayor humedad en la fruta y esto favorece el desarrollo del hongo, por lo que el tratamiento de inhibición fue menor. Hernández (2019) demostró que al elevar la concentración del extracto de *H. suaveolens* (L.) Poit aplicado en fresa conseguía mejor efecto inhibitorio sobre *Rhizopus.* Se puede señalar que la concentración del extracto y el método de aplicación sobre el fruto son factores que inciden en los resultados obtenidos. Núñez (2012) menciona que las limitaciones con la fresa son que, al ser un fruto no climatérico, que a pesar de las excelentes características organolépticas es muy perecedero, por presentar una alta tasa de respiración y limitada vida postcosecha. Al poseer una epidermis delgada es susceptibles al deterioro microbiológico y la pérdida de componentes nutrimentales.

Conclusiones. El extracto de *Brugmansia aurea* consigue retardar el desarrollo de Rhizopus sp., en fresa en los tratamientos propuestos, en comparación al testigo, la epidermis es el sitio de inoculación donde se consigue mayor inhibición, la morfología de la fresa no es adecuada a un periodo de exposición prolongada

Bibliografía.

Hernández Chimalhua B., (2019). Aplicación de Extractos de *Hyptis Suaveolens* (L.) Poit como tratamiento postcosecha en Fresa (*Fragaria ananassa*) para la inhibición de *Rhizopus* sp. Tesis de Químico Farmacéutico Biólogo. Universidad Veracruzana.

Núñez, Castellano, Ramírez, Sindoni y Marín. (2012). Efecto del cloruro de calcio y una cubierta plástica sobre la conservación de las propiedades organolépticas de la fresa (Fragaria& X Ananassa DUCH). *Revista Iberoamericana de Tecnología Postcosecha.* Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas.

Martinnav. (2016). Buenas Prácticas Agrícolas de Manejo Precosecha y Post Cosecha en Fresa. Aloe eco park.

Guerra, Sandoval y Garcia. (2019). Actividad antifúngica del agua electrolizada ácida contra mohos postcosecha de fresa (Fragaria x ananassa Duch cv. Camarosa) *Acta Agronomica*. vol.68 no.2. Scielo.

Bautista, Hernández y Barrera. (2000). Antifungal screening of plants of the State of Morelos, México against four fungal postharvest pathogens of fruits and vegetables. *Revista Mexicana de Fitopatología* 18:36–41.

PREVENCIÓN DE ANTRACNOSIS MEDIANTE LA APLICACIÓN DE *Bacillus* sp. HOB008-290 EN INFLORESCENCIAS Y FRUTOS DE AGUACATE (*Persea americana* MILL.)

Cristina Calle[1], María Palacios[1,2], Lorena López[1], Lina Arbeláez[1], Sara Ramírez[2], Sinar Granada[1]. [1]Unidad de Fitosanidad y Control Biológico, Corporación para Investigaciones Biológicas- CIB, Medellín Colombia. [2]Facultad de Ciencias de la Salud. Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia.
ccalle@cib.org.co

Palabras clave: Antracnosis, prevención, control biológico

Introducción. La calidad del aguacate Hass colombianoes afectada por desórdenes fisiológicos y enfermedadesque limitan su comercialización, debido a que causan daños a nivel cosmético y afectan el fruto sensorial y nutricionalmente. La principal enfermedad poscosecha en Colombia es la antracnosis, causada por el hongo *Colletotrichum gloeosporioides*, cuyos síntomas se manifiestan en el fruto maduro, pero la infección se establece desde la etapa de cultivo (1).

En este trabajo se propuso evaluar el efecto de la aplicación, en etapa de cultivo, de un prototipo de formulado a base del aislamiento nativo *Bacillus* sp. HOB008-290 sobre la incidencia de antracnosis en aguacate Hass en poscosecha, con el fin de establecer una estrategia biológica preventiva.

Metodología. Se evaluó la eficacia de *Bacillus* sp. HOB008-290 y de un prototipo de formulación en el control in vivo de *C. gloeosporioides* en flores y frutos inmaduros de aguacate, bajo condiciones de laboratorio(2), además se determinó la capacidad de la bacteria de sobrevivir en flores de aguacate (2). Finalmente, se evaluó la capacidad de *Bacillus* sp. HOB008-290 y del prototipo de formulación para reducir la incidencia de antracnosis en frutos de aguacate Hass durante la poscosecha (3).

Resultados. El prototipo de formulación a base de *Bacillus* sp. HOB008-29, protegió las flores de aguacate de la infección por *C. gloeosporioides* en un 62%, similaral control químico (Prochloraz), con un porcentaje de protección del 60.6% (fig. 1). Además, la bacteria fue recuperada de flores de aguacate hasta nueve díasdespués de la inoculación en condiciones de laboratorio.Sin embargo, se encontró que las flores sin inóculo, también presentaron bacterias con capacidad antagonista, cuya población disminuía en flores maduras, esto indica que estas bacterias son habitantes naturales en diferentes estados fenológicos del cultivo yque una estrategia biológica preventiva debe estar enfocada en las etapas en las que la población bacteriana esté más reducida y el riesgo de infección por *C. gloeosporioides* es más alto (fig. 2). Por otro lado, las pruebas en campo indicaron que *Bacillus* sp. HOB008- 290 redujo la aparición de antracnosis en poscosecha alpresentar una afectación del 13%, frente al 30% de infección en frutos tratados con oxicloruro de cobre y el 35% en tratados con Rhapsody (fig. 3).



Fig. 1. A) Flores tratadas con BaciloCIB y B) Flores tratadas con Agua. Dia 0 (izquierda) y día 7 (derecha).

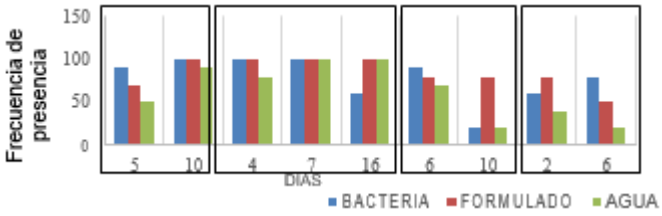


Fig. 2. Supervivencia de *Bacillus* sp. HOB008-290 en inflorescencias de aguacate. Donde A. Ensayo #1 (febrero 5-15), B. Ensayo #2 (febrero 18 - marzo 3), C. Ensayo #3 (marzo 19-29) y D. Ensayo #4 (abril 20-26).

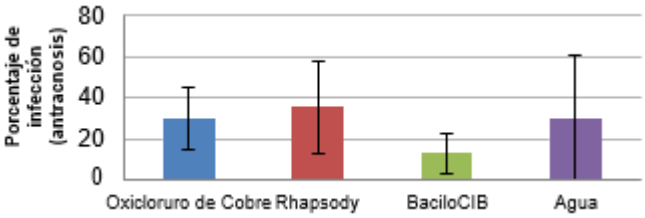


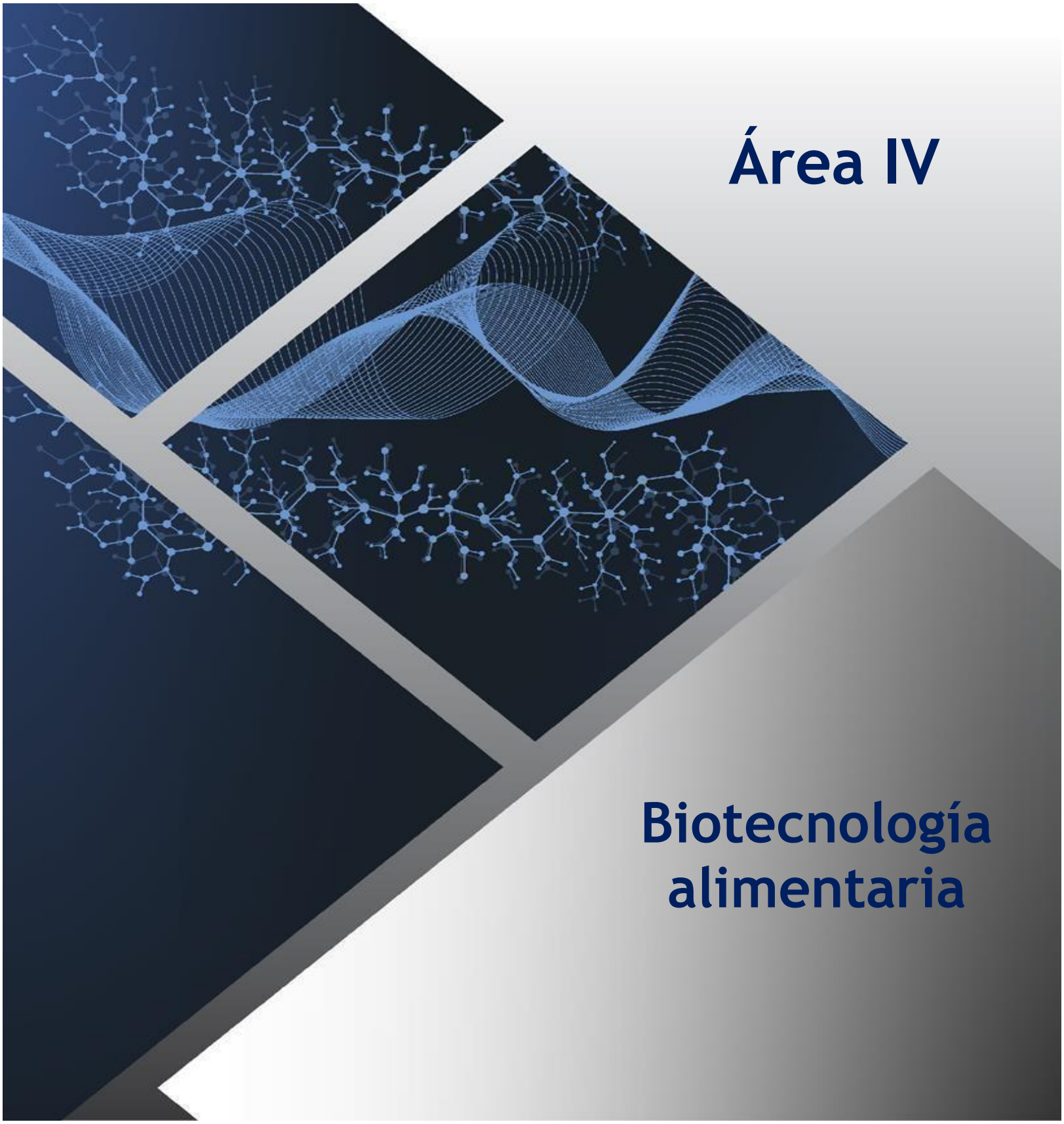
Fig. 3. Antracnosis en frutos de aguacate en poscosecha provenientes de árboles tratados con diferentes productos

Conclusiones. Estos resultados demuestran el potencial del prototipo de formulado a base de *Bacillus* sp. HOB008-290 como estrategia biológica preventiva de antracnosis en frutos de aguacate Hass en la poscosecha.

Agradecimiento. A las instituciones financiadoras: MINCIENCIAS y la Gobernación de Antioquia (Colombia). Aliados: CIB, IUCMA, Inversiones Jardines Sierra, Green WestSAS y ASPROAGRICOL

Bibliografía.

Ramírez J. *et al.* Heliyon, 7(1), e05905.
Mahadtanapuk S. *et al.* (2007). *Am J Agric Biol Sci.*;2(2):54-61.
Madani, B. *et al.* (2014). *Crop Prot.*, 55:55–60.



Área IV

Biotecnología alimentaria

Contenido

PRODUCCIÓN DE GLUCOSA EN GARBANZO EXTRUDIDO POR ACCIÓN DEAMILOGLUCOSIDASA
Mireya Mariscal Orduño, Johanan del Pino Espinosa Ramírez, Esther Pérez Carrillo, Enrique Cervantes Astorga, Sergio Román Othón Serna Saldívar 134

FRACCIONES PEPTÍDICAS ANTIBACTERIANAS DE SEMILLAS DE CHÍA (*Salvia hispanica* L.) Y SU ESTABILIDAD A CONDICIONES DE PROCESAMIENTO DE LOS ALIMENTOS
León Madrazo, A., Fuentes Ortíz, A.B., Morales Mendoza, L.F., Segura Campos, M.R 135

IDENTIFICACIÓN DE PROTEÍNAS ALERGENAS DE HUEVO EN MATRICESALIMENTARIAS
Reyes-Farfán S., Santellan-Ollea M. R., Orduña-Díaz A., Luna-Suárez S. 136

ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE *Lactobacillus plantarum* Y *Lactococcus lactis* AISLADAS DEL ATOLE AGRIO DE VILLAHERMOSA, TABASCO
Yoatzi Aguilera Martínez, María del Carmen Wacher Rodarte, Gloria Díaz Ruiz 137

IMPACTO DEL CULTIVO Y PROCESAMIENTO POSTCOSECHA DE *Coffea arabica* EN LA MICROBIOTA ASOCIADA CON EL CONTENIDO DE OCRATOXINA A MEDIANTESECUENCIACIÓN MASIVA DE NUEVA GENERACIÓN(NGS)
María Eugenia Aguilar-Alvarez,Eduardo Zúñiga-León,Gerardo Saucedo-Castañeda,NoëlDurand,Alejandra Serrato-Diaz, Isabel Perraud-Gaime,Francisco Fernández-Perrino,
Gabriela M. Rodríguez-Serrano 138

APROVECHAMIENTO DE FRIJOL ROJO (*Phaseolus vulgaris*) NATIVO DE CHIAPAS PARA LA OBTENCIÓN DE UN EXTRACTO PROTEICO
Sergio Valdivia-Rivera, Ana Luisa Ramos-Díaz, Teresa Ayora-Talavera, Manuel Alejandro Lizardi- Jiménez, Ulises García-Cruz, Juan Carlos Cuevas-Bernardino, Neith Pacheco 139

BIOCONSERVACIÓN DE QUESO FRESCO MEDIANTE *Lactococcus lactis* UQ2 Y UNRECUBRIMIENTO ACTIVO
Mayra Maya-Plaza, Próspero Di-Pierro, Silvia Lorena Amaya-Llano, Monserrat Escamilla García, Blanca Estela García-Almendárez, Carlos Regalado-González 140

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS LÁCTICAS AISLADAS DE UNA MUESTRA DE KÉFIR DEL ESTADO DE HIDALGO
PaulinaCalvario, Lizbeth Anaya, Liliana López,Gloria Díaz-Ruiz,Carmen Wacher 141

EFECTO DEL β-GLUCANO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE PÉPTIDOS POR *L. rhamnosus* GG
María Isabel Chávez de la Vega, Alma Elizabeth Cruz Guerrero, Luis Guillermo González Olivares, Lorena Gómez Ruiz, Mariano García Garibaya, Sergio Alatorre Santamaría, Francisco Javier Guzmán Rodríguez, Gabriela Rodríguez Serrano 142

CAMBIOS EN LA ACUMULACIÓN DE METABOLITOS Y EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS CON LA TOLERANCIA AL DAÑO POR FRÍO EN FRUTOS DE MANGO TRATADOS HIDROTÉRMICAMENTE
Adán Vega-Álvarez, Karen V.Pineda-Hidalgo, Milton Vega-Álvarez, Jeanett Chávez Ontiveros, Nancy Y.Salazar-Salas, José A.López-Valenzuela 143

COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN/CONCENTRACIÓN PARA LA DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE COMPUESTOS MINORITARIOSEN EL MEZCAL
Erick Daniel Acosta García, Jesús Bernardo Páez Lerma, María Adriana Martínez Prado, Nicolás Oscar Soto Cruz 144

ELABORACIÓN DE YOGURT LIOFILIZADO TIPO “SIMBIÓTICO” CON BASE EN PROBIÓTICOS Y PREBIÓTICOS PARA PACIENTES CON DISLIPIDEMIA
Luis Antonio Hernández Hernández, Alaíde Jiménez Serna, María Soledad Córdova Aguilar 145

DISEÑO DE UNA PELÍCULA COMESTIBLE A BASE DE UN CONCENTRADO DE PROTEÍNA DEAMARANTO Y QUITOSANO REFORZADACON NANOPARTÍCULAS DE SÍLICE MESOPOROSACON ACEITE ESENCIAL DE ORÉGANO (*Lippia graveolens Kunth*)
Alexis Matadamas-Ortiz, Elvia Hernández-Hernández, Eduardo Castaño-Tostado, Aldo Amaro-Reyes, Blanca E. García-Almendárez, Carlos Regalado González 146

DESARROLLO DE LA APLICACIÓN DE CROMATOGRAFÍA DE GASES PARA LACUANTIFICACIÓN DE VOLÁTILES EVALUADOS POR LA NOM-070-SCFI-2016
Armando Holguin L., Erick Marín B., Oscar Soto C., Javier López M., Jesús Páez L. 147

EFECTO DE LAS CONDICIONES DE EXTRUSIÓN SOBRE LAS PROPIEDADES FÍSICAS Y QUÍMICAS DE UN EXTRUIDO ENRIQUECIDO CON SUBPRODUCTOS DE MANGO (*Mangifera indica*)
Esther Alicia Medina Rendon, Guadalupe María Guatemala Morales, Rosa Isela Corona González, Eduardo Padilla Camberos, Pedro Martín Mondragón Cortez, Alma Hortensia Martínez Preciado, Enrique Arriola Guevara 148

INCREMENTO DE LA ACTIVIDAD PROTEASA DE LA CEPA NATIVA *Leuconostoc mesenteroides* DE CARPA (*Cyprinus Carpio*) PROCEDENTE DEL LAGO DE CHAPALAMaria Luisa Sahagun Aguilar, Socorro Josefina Villanueva Rodríguez, Eugenia del Carmen
Lugo Cervantes,Maria Dolores García Parra 149

COMPOSICIÓN NUTRIMENTAL DE LA MACROALGA *Cladophora Sp*. PRESENTE ENEL ESTADO DE NUEVO LEÓN
Fabiola García-Martínez, Daniel Guajardo-Flores, Saúl Martínez, Aída Rodríguez-García 150

ESTUDIO DE BIOACTIVIDAD DE EXTRACTO DE *Sphenarium purpurascens*
Martha Selene Marín Morales, Celeste C. Ibarra-Herrera 151

CARACTERIZACIÓN DE COMPUESTOS FUNCIONALES DE EXTRACTOS DE CAFÉ (*Coffea arabica*) OBTENIDOS POR DOS MÉTODOS
Minerva Rosas Morales, Ludwig Ian Cervantes Ortiz García, Ada María Ríos Cortés, María Guadalupe García Meza 152

EXTRACCIÓN ASISTIDA POR ULTRASONIDO DE PENCAS DE *Agave americana* (L.)PARA LA OBTENCIÓN DE POLIFENOLES
Tania González-Flores, María Guadalupe Abarca-Figueroa, Ariel Vázquez Elorza, Ángeles Sánchez-Contreras 153

ELABORACIÓN DE UNA BEBIDA A BASE DE AGUAMIEL (*Agave atrovirens*) Y TOMATE DE ÁRBOL (*Solanum betaceum Cav*.)
Eduardo Flores Ambrosio, Luisa Fernanda Duque Buitrago, Arely Flores Morales, Rosalva Mora Escobedo 154

EXTRACCION DE MONOSACÁRIDOS POR HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA A PARTIRDE SUBPRODUCTOS DE MANGO (CÁSCARA Y HUESO)
Jesús Contreras Mendoza, Guadalupe Guatemala Morales, Rosa Isela Corona González,EnriqueArriola Guevara, Eduardo Padilla Camberos, José Roberto Ramos Ibarra,
Esther Alicia Medina Rendon 155

EVALUACIÓN DEL EFECTO DE PÉPTIDOS BIOACTIVOS DE *Carya illinoinensisen* LAEXPRESIÓN GÉNICA DE LA LÍNEA CELULAR HeLa
Me jía-Salazar Fátima Monserrat, Moreno Trujillo Frida Cecilia, León-Galván Ma. Fabiola 156

DESARROLLO DE UNA GRANJA DE CHAPULINES (*Sphenarium purpurascens*) Y CAMBIOS EN SU COMPOSICIÓN DE ACUERDO A DOS DIETAS
Alicia Reyes-Herrera, Esther Pérez-Carrillo y Celeste C. Ibarra-Herrera 157

EVALUACIÓN FISICOQUÍMICA DE SALCHICHAS ELABORADAS CON HARINA DE HONGO SETA (*Pleurotus ostreatus*) Y HABA (*Vicia faba*) COMO LIGADORES
María G. Márquez-Castillo, Ángel E. Márquez-Ortega, Salvador O. Cruz-López, Yenize y M. Álvarez-Cisneros 158

EVALUACIÓN SENSORIAL DE SALCHICHAS ELABORADAS CON HARINA DE HONGO SETA (*Pleurotus ostreatus*) Y HABA (*Vicia faba*)
María G. Márquez-Castillo, Ángel E. Márquez-Ortega, Salvador O. Cruz-López, Héctor B. Escalona- Buendía, Yenize y M. Álvarez-Cisneros
15
9

DESARROLLO Y EVALUACIÓN DE PRODUCTOS FERMENTADOS A BASE DE LECHECABRA CON CARACTERÍSTICAS PROBIÓTICAS
José Hugo Castorena García, Ma. Leticia García Escalante, Víctor Santiago Santiago, Maribel Cano Hernández 160

MONOÉSTER DE LACTULOSA COMO INHIBIDOR EN LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS
Luis Felipe Chávez-Flores, Gloria Díaz-Ruiz, José Fausto Rivero-Cruz, Carmen Wacher, Dolores Reyes-Duarte 161

ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE LOS MONOÉSTERES DELACTULOSA MEDIANTE EL EMPLEO DE CURVAS DE LETALIDAD CONTRA MICROORGANISMOS PRESENTES EN LA CAVIDAD ORAL Y EN ALIMENTOS
Luis Felipe Chávez-Flores, Gloria Díaz-Ruiz, José Fausto Rivero-Cruz, Carmen Wacher, Dolores Reyes-Duarte 162

ESTUDIO DEL EFECTO ANTIOXIDANTE Y ANTIMICROBIANO DEL EXTRACTO DE CHAPULÍN (*Sphenarium purpurascens*) EN SALCHICHAS
Berenice Cuaxospa-Xolalpa, Héctor B. Escalona-Buendía,Yenizey Merit Álvarez-Cisneros 163

EVALUACIÓN DE LA ACEPTABILIDAD SENSORIAL DE SALCHICHAS ELABORADAS CON EXTRACTO DE CHAPULÍN (*Sphenarium purpurascens*) COMO ANTIOXIDANTE
Berenice Cuaxospa-Xolalpa, Héctor B. Escalona-Buendía, Yenizey Merit Álvarez-Cisneros 164

MÉTODO MICROBIOLÓGICO EN PLACA PETRI PARA EL CRIBADO DE ANTIBIÓTICOS QUE SE PRESENTAN RESIDUALMENTE EN LA LECHE
Ivonne Barrera Jiménez, Rodolfo Alberto Perea Cantero, Rosa Bertha Perea Rodríguez 165

CARACTERIZACIÓN DEL GÉNERO *Enterococcus* EN MUESTRA DE QUESO DURO ARTESANAL DE MICHOACÁN PARA JUNTAMENTE CON BACTERIAS ÁCIDO-LÁCTICAS SEAN PARTE DE UN CULTIVO INICIADOR
Ivonne Barrera Jiménez, Rodolfo Alberto Perea Cantero, Rosa Bertha Perea Rodríguez 166

FIJACIÓN BIOLÓGICA DE NITRÓGENO EN UN ALIMENTO A BASE DE MAÍZ
Jocelin Rizo, Daniel Guillén, Carmen Wacher-Rodarte, Sergio Encarnación-Guevara, Romina Rodríguez-Sanoja 167

POTENCIAL PROBIÓTICODE BACTERIAS ÁCIDO-LÁCTICAS AISLADAS DE GRÁNULOS DE KÉFIR DESARROLLADOS DE FORMA CASERA
Abigail Carrillo, José Adelfo Escalante, Martha Giles-Gómez 168

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO Y SENSORIAL DE UNA POSIBLE BEBIDA FERMENTADA FUNCIONAL LÁCTEA CON PROPIEDADES PROBIÓTICAS OBTENIDA CON MICROOGRANISMOS AISLADOS DEL PULQUE
Gerardo Arturo Márquez Estévez, José Adelfo Escalante Lozada, Patricia Severiano Pérez, Martha Giles-Gómez 169

PRODUCCIÓN DE GLUCOSA EN GARBANZO EXTRUDIDO POR ACCIÓN DEAMILOGLUCOSIDASA

Mireya Mariscal Orduño, Johanan del Pino Espinosa Ramírez, Esther Pérez Carrillo, Enrique Cervantes Astorga, Sergio Román Othón Serna Saldívar, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey (Escuela de ingeniería y ciencias), Monterrey, C.P. 64849.
sserna@tec.mx

Palabras clave: Amiloglucosidasa, garbanzo extrudido y glucosa

Introducción. La harina de garbanzo extrudido presenta ciertas ventajas con respecto a la harina de garbanzoconvencional, siendo el incremento en la digestibilidad de proteínas y almidón la principal. En el caso del almidón, susgránulos son parcialmente degradados debido a la acción tanto térmica como mecánica ejercida por la extrusión, facilitando su solubilización y la adsorción enzimática (1). Dicha susceptibilidad enzimática puede ser aplicada para el desarrollo de productos sacarificados, partiendo de los carbohidratos presentes en el garbanzo extrudido. Generalmente, la producción enzimática de glucosa a partir de almidón emplea dos enzimas clave, α-amilasa y amiloglucosidasa (AMG), la primera hidroliza el almidón endextrinas y la segunda lleva las dextrinas a glucosa (2).

El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficacia de AMG para producir glucosa a partir del almidón presente en harina de garbanzo extrudido, con y sin acción de α-amilasa.

Metodología. Se emplearon dos tipos de harina de garbanzo, cruda y extrudida, y dos combinaciones de enzimas, solo AMG y α-amilasa previo a AMG. En total se prepararon cuatro suspensiones al 12 % p/v por triplicado. Todas las muestras fueron tratadas con alcalasa 2.4 unidades Anson/mL por 30 min a 60 °C, al igual que con AMG de *Aspergillus niger* >260 Unidades/mL, por 240 min a 60 °C y bajo agitación constante. Los tratamientos que incluyeron α-amilasa, emplearon una α-amilasa termoresistente 340 000 unidades modificadas Wohlgemuth/mL por 20 min. Concluido el tiempo, las muestras fueron inactivadas pordescenso de pH y acción térmica, para luego ser centrifugadas y cuantificar la concentración de glucosa por el método enzimáticoGOPOD.

Resultados. En ambos tratamientos, la harina extrudidade garbanzo presentó un rendimiento de glucosacercano al 40 % después de los 120 min (Fig. 1-A). Por otra parte, solo tres tratamientos convierten el 90 % del almidón presente en glucosa al final del análisis (Fig. 1- B), donde la harina extrudida con AMG presenta mejor desempeño dentro de los primeros 90 min de hidrólisis yla harina cruda tratado con α-amilasa y AMG a partir de los 120 min. Los datos fueron analizados por ANOVA y ajustados a una ecuación exponencial negativa, la cual se empleó para estimar la velocidad de conversión del almidón k (min^{-1}), y la concentración máxima para cada tratamiento C_∞ (mg/mL) (Tabla 1). Consecuentemente, seobtuvo que el tratamiento de harina extrudida con AMG presenta la mayor tasa de conversión de almidón, mientras que la harina extrudida conα-amilasa y AMG lamás baja.

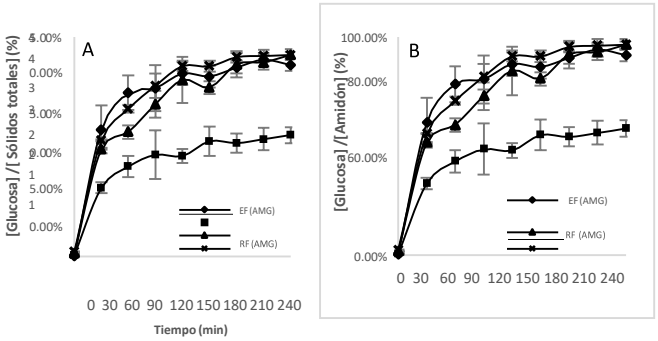


Fig. 1. Rendimiento deglucosa con respecto al contenido de solidostotales (A) y rendimiento de glucosa con respecto al almidón total (B).

Tabla 1. Parámetros obtenidos en la hidrólisis enzimática deharina de garbanzo con amiloglucosidasa.

Tratamiento	Rendimiento [g Glucosa][g Almidón]$^{-1}$	Rendimiento [g Glucosa][g Sólidos totales]$^{-1}$	C_∞ [g] [mL]$^{-1}$	K [min]$^{-1}$
Garbanzo crudo				
Con AMG	0.44± 0.10 ^{B}	0.21± 0.05 ^{B}	0.032	0.023
Con α-amilasa yAMG	0.85 ± 0.14 ^{A}	0.36± 0.06 ^{A}	0.055	0.025
Garbanzo extrudido				
Con AMG	0.84± 0.20 ^{A}	0.36± 0.09 ^{A}	0.051	0.035
Con α-amilasa yAMG	0.79± 0.16 ^{A}	0.34± 0.07 ^{A}	0.053	0.020

Conclusiones. Solo emplear AMG es suficiente para llevar a cabo una sacarificación exitosa en harina extrudida de garbanzo. Además, esta combinación posee la tasa de conversión de glucosa más alta, lo cualnos permite reducir tiempos de hidrólisis.

Agradecimiento. A CONACyT por la beca de manutención y al Tec de Monterrey por la beca de maestría, además de los recursos y equipos facilitados.

Bibliografía.

Silvestre-De-León, R. Espinosa-Ramírez, J., Heredia-Olea, E. Pérez-Carrillo, E. y Serna-Saldívar S. (2020). *Food and Bioprocess Tech.*Vol.(13): 1703-1716.

Bately, I. (1982). *Starch.Vol.*(34):125-128.

FRACCIONES PEPTÍDICAS ANTIBACTERIANAS DE SEMILLAS DE CHÍA (*Salvia hispánica* L.) Y SU ESTABILIDAD A CONDICIONES DE PROCESAMIENTO DE LOS ALIMENTOS

León Madrazo, A.[1], Fuentes Ortíz, A.B.[2], Morales Mendoza, L.F.[1], Segura Campos, M.R.[1]. [1]Facultad de Ingeniería Química, Universidad Autónoma de Yucatán. Periférico Norte Km. 33.5, Tablaje Catastral, 13615, Col. Chuburná de Hidalgo Inn, 97203, Mérida, Yucatán, México. [2]Facultad de Química, Universidad Autónoma de Yucatán. Calle 43, 613, Col. Inalámbrica, 97069, Mérida, Yucatán, México. maira.segura@correo.uady.mx

Palabras clave: Péptidos, Inhibición, Patógenos

Introducción. Los alimentos contaminados con bacterias patógenas representan una amenaza para la salud tanto enpaíses desarrollados, como en vías de desarrollo. Existe unamplio número de conservadores alimentarios con acción antimicrobiana. Sin embargo, su uso se ha asociado a efectos adversos en la salud [1]. En este sentido, la conservación de los alimentos aplicando péptidos antimicrobianos (PAM), resulta una alternativa de gran interés. Los PAM pueden ser generados mediante la hidrólisis de proteínas vegetales. Semillas con alto contenido de proteína como *S. hispanica* (25%), permiten la obtención de péptidos con actividad biológica [2]. No obstante, existen pocos estudios sobre la actividad antibacteriana de derivados proteínicos de chía.

Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue, evaluar el potencial antibacteriano de las fracciones peptídicas de chía (FPC) obtenidas por hidrólisis enzimática, contra bacterias asociadas a Enfermedades de transmisiónalimentaria (ETA).

Metodología. Se utilizó una hidrólisis secuencial pepsina-pancreatina (PP) con ultrafiltración (UF) para obtener el hidrolizado de chía (HPC) y 3 FPC (F<1, F 1- 3 y F 3-5 kDa).El perfil electroforético se determinó con Tricine-SDS-PAGE [3]. Se evaluó la actividad antibacteriana (AB) contra *Listeria monocytogenes* ATCC51414, *Bacillus subtilis* ATCC465, *Shigella flexneri* ATCC9748, *Staphylococcus aureus* ATCC25923, *Salmonella* Typhimurium ATCC51821, *Salmonella* Typhi, *Salmonella* Paratyphi ATCC9150, *Salmonella* Enteritidis ATCC13076 y *Escherichia coli*O157:H7 mediante difusión en disco y dilución en microplaca [4]. Para evaluar la potencial aplicación de las FPC en sistemas alimentarios, se determinó su estabilidad a la temperatura, pH y proteasas. Mediante la Técnica de Orden de Preferencia por Similitud a la Solución Ideal (TOPSIS) [5], se analizaron las secuencias contenidas en la FPC más activa para hallar el péptido con mayor potencial antibacteriano.

Resultados. El contenido de proteína del HPC y las FPC se muestran en la Tabla 1. Los resultados indicaron que, elgrado de hidrólisis (GH) obtenido con PP (33.79%±2.14) generó péptidos de cadena corta. La UF produjo tres FPC que revelaron bandas de menos de 1.06 kDa en F <1; 1.6, 2 y 2.4 kDa en F 1-3; y 2.1, 2.5, 3.2 y 4.7 kDa en F 3-5 kDamediante Tricine-SDS-PAGE. El valor de Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) más bajo, se registró en F <1, con 635.47 ± 3.6532 µg/mL para *L. monocytogenes*. Debido a que F <1 presentó la mayor AB contra esta bacteria, se destaca su potencial aplicación en productos lácteos o cárnicos.

Tabla 1. Contenido de proteína del HPC y FPC

HPC/FPC	Contenido de proteína mg/mL
HPC	0.507 ± 0.02a
F < 1 kDa	0.074 ± 0.02b
F 1-3 kDa	0.069 ± 0.01b
F 3-5 kDa	0.059 ± 0.02c

Datos expresados en medias ± DE (n=3). [a-c]Letras diferentes representan diferencia estadística significativa entre las fracciones peptídicas con un ANOVA de una vía y prueba post-hoc de Tukey (p <0.05).

F<1 conservó su AB en un rango de temperatura de 4-80°C y fue resistente a la exposición a pH 5-8. La AM se perdió trasla incubación con tripsina y pepsina. El análisis TOPSIS reveló que, la secuencia peptídica con mayor potencial antibacteriano es KLKKNL, a la cual podría atribuirse elefecto inhibitorio observado en F<1.

Conclusiones. De acuerdo con lo obtenido, un sistema enzimático PP de 90 min, es útil para la liberación de péptidos de cadena corta. F <1 reportó la CMI más baja contra *L. monocytogenes*, lo cual indica su potencial como agente antibacteriano en productos con alta incidencia de esta bacteria, como los productos lácteos y cárnicos. Las pruebasde estabilidad indican que, F <1 podría resistir tratamientos térmicos con temperaturas <80°C y ser más activo en alimentos con un pH cercano a la neutralidad que en alimentos ácidos. Se requieren más investigaciones para determinar la actividad antibacteriana de los péptidos de cadena corta presentes en F<1, como KLKKNL.

Agradecimiento. CYTED (proyecto 119RT0567).

Bibliografía.

Silva, M. M., Cebola Lidon, F. (2016). *Emir. J. Food Agric*. 28(6):366– 73.

Grancieri, M., Stampini, H., Duarte, M., Gonzalez De Mejia, E. (2019).

Compr. Rev. Food Sci. Food Saf. 18: 480-499. Schägger, H. (2006). *Nat Protoc.* 1(1):16–23.

Clinical and Laboratory Standards Institute. (2009). Performance Standards for Antimicrobial Disk Susceptibility Tests; Approved Standard. *Tenth Edition*. Vol. 29.

Yoon, K. P., Won, K. K. (2017). *Expert Syst. Appl.* 89:266–72.

IDENTIFICACIÓN DE PROTEÍNAS ALERGENAS DE HUEVO EN MATRICES ALIMENTARIAS

Reyes-Farfán S.[1], Santellan-Ollea M. R.[2], Orduña-Díaz A. [1], Luna-Suárez S. [1]*. [1]Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Tlaxcala, México. Carretera Estatal Tecuexcomac- Tepetitla Km 1.5 Tepetitla, Tlaxcala. C.P. 90700, México, Centro. 90700 Tlax.
[2]Benemerita Universidad Autónoma de Puebla. Cd Universitaria, 72592 Puebla, Pue.
silvials2004@yahoo.com.mx

Palabras clave: Alergia, huevo, anticuerpo

Introducción. La hipersensibilidad es una reacción exacerbada del sistema inmunológico ante un agente que en condiciones generales es inocuo, la hipersensibilidad tipo I; mediada por IgE resulta ser la más importante, debido a las patologías que genera (1). El huevo resalta como alimento de interés para el desarrollo del estudio, debido a su consumo, el ovomuciuode, la ovoalbunima, la ovotransferrina y la lisozima son las principales proteínas que causan alergia del huevo y se encuentranprincipalmente en la clara, con base a su estructura

podemos evaluar la presencia de estas proteínas en diferentes matrices alimentarias que hayan tenido o no un tratamiento térmico (2).

El objetivo del presente es la producción y caracterización de anticuerpos policlonales para su uso en la detección deproteínas alérgenas de huevo en diferentes matrices alimentarias. Y detectar éstas proteínas alérgenas.

Metodología. Se produjeron anticuerpos policlonales usando como huésped conejos raza New Zeland, se cuantificaron por el método de Bradford, se hizo la separación electroforética SDS-PAGE, se determinó la selectividad y la sensibilidad de los anticuerpos mediante Western blot y ELISA respectivamente. Posteriormente se hizo la detección de proteínas alérgenas en diferentes alimentos mediante Western blot (WB) y ELISA.

Resultados. Una vez concluido el esquema deinmunización se obtuvo el inmunosuero con 2.72 mg/mL de
proteínas, se determinó que la concentración de acrilamida necesaria para observar las bandas correspondientes a las inmunoglobulinas es de 10%, se extrajeron proteínas de las diferentes matrices alimentarias: clara de huevo crudo clara de huevo frito, flan, mayonesa, pastel y rompope. Se determinó la selectividad de los anticuerpos policlonales mediante WB (Fig. 2), se pudo observar que la ovoalbuminaestuvo presente en la clara de huevo crudo, clara de huevofrito y pastel (línea azul), mientras que la ovomucoide estuvo presente en el huevo frito, pastel y flan (línea roja), la ovotransferrina solo se observó en la clara de huevo crudo (línea amarilla). En cuanto a la sensibilidad, la técnicaELISA (Fig 3) demostró que las matrices alimentarias del huevo crudo, huevo frito y pastel resultaron en la generación de una señal significativamente diferente al blanco.

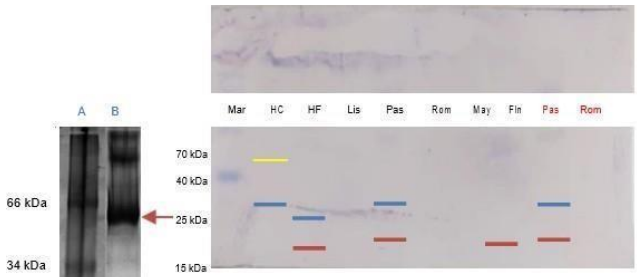
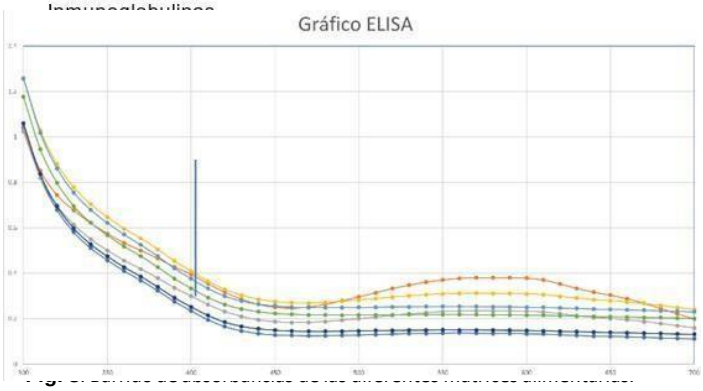


Fig. 1. SDS-PAGE. A) Marcador B) Inmunoglobulinas

Fig. 2. Análisis Western blot de matrices alimentarias. HC: Huevo crudo, HF: Huevo frito, Lis: Lisozima, Pas: Pastel, Rom: Rompope, May: Mayonesa, Fln: Flan.



Conclusiones. Los anticuerpos policlonales generados en *Oryctolagus cuniculus*, anti-ovoalbumina, anti- ovomucoide y anti-ovotranferrina, presentaron una mayor afinidad por su antígeno en las muestras de huevo crudo,huevo frito y pastel.

Agradecimiento. A la SIP-IPN por el financiamiento parala realización de esta investigación. Y al bioterio "Claude Bernard" por las facilidades.

Bibliografía.

Wu LC, Zarrin AA. (2014) The production and regulation of IgE by the immune system. Nat Rev Immunol. 14(4):247-259.

Lin Y Te, Wu C Te, Huang JL, Cheng JH, Yeh KW. (2014) Correlation of ovalbumin of egg white components with allergic diseases in children. J Microbiol Immunol Infect. 2016;49(1):112- 118.

ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE *LACTOBACILLUS PLANTARUM* Y *LACTOCOCCUS LACTIS* AISLADAS DEL ATOLE AGRIO DE VILLAHERMOSA, TABASCO

Yoatzi Aguilera Martínez, María del Carmen Wacher Rodarte, Gloria Díaz Ruiz Departamento de Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química, UNAM, Ciudad de México, CP 04510.
yoa.2409@gmail.com

Palabras clave: Bacterias ácido lácticas, actividad antimicrobiana, atole agrío

Introducción. El atole agrio es una bebida fermentada tradicional no alcohólica, elaborada con maíz de dobla cono sin nixtamalización, en el sureste de México. En la fermentación intervienen microorganismos que están presentes en las materias primas o en los utensilios empleados en su preparación. Se ha determinado la presencia de una microbiota compleja, siendo las bacterias ácido lácticas (BAL) el grupo mayoritario, dentro de éstas se han identificado miembros de los géneros *Lactobacillus, Lactococcus, Weissella, Pediococcus* y *Leuconostoc* (1). Este grupo, favorece la conservación del producto, debido a que producen metabolitos con actividad antimicrobiana (2). Siendo de gran interés en términos de inocuidad alimentaria.

El objetivo del proyecto es estudiar el efectoantimicrobiano de *Lactobacillus plantarum (*cepa 17*)* y de*Lactococcus lactis* (cepa X), aisladas del atole agrio de Villahermosa, Tabasco, frente a bacterias patógenas de interés en alimentos.

Metodología. Las BAL evaluadas fueron *Lactobacillus plantarum (*cepa 17*)* y *Lactococcus lactis* (cepa X), mientras que las bacterias patógenas utilizadas fueron *Salmonella* Typhimurium ATCC 14028 y *L. monocytogenes* CFQ-103. La sobrevivencia de las bacterias patógenas frente a las BAL se determinó en el caldo MRS, cuantificando mediante cuenta en placa el número de bacterias sobrevivientes durante 24h de incubación. Se determinó el efecto antimicrobiano de los sobrenadantes (SN) liofilizados de cultivos de BAL sin ajuste de pH (4.0), con ajuste a 5.5 y 7.0; con y sin tratamiento térmico (90°C/10min). Dichos sobrenadantes se evaluaron con la técnica de difusión en agar, frente a las bacterias patógenas descritas.

Resultados. *L. plantarum* (17) tuvo un efecto bacteriostático frente a *S.* Typhimurium y *L. monocytogenes*, durante las primeras 12h, a partir de las24h no hubo crecimiento (figura 1a). Lo mismo sucedió para *L. lactis* (X) (figura 1b), mientras que en los cultivos control de las bacterias patógenas, el crecimiento fue continuo durante 24h. En la tabla 1 se muestra el efecto antimicrobiano en los SN de ambas BAL sin tratamiento térmico, frente a los dos microorganismos patógenos, siendo ligeramente mayor en el medio no tamponado, loshalos fueron similares al del control positivo.

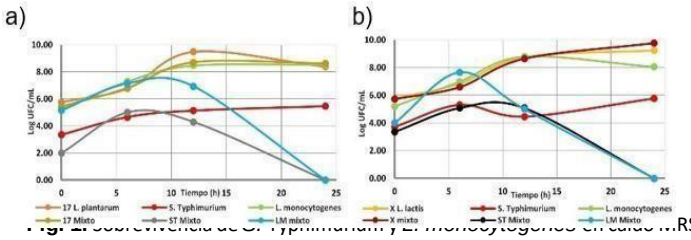


Fig. 1. Sobrevivencia de *S. Typhimurium* y *L. monocytogenes* en caldo MRS frente a: a) *L. plantarum* (17) y b) *L. lactis* (X) a 37°C, pH inicial del medio 7.5.

Después del tratamiento térmico de los SN, la actividad antimicrobiana se mantuvo, tabla 2. Sin embargo, para *L. lactis*X, se observó una disminución del halo en medio no tamponado frente a *L. monocytogenes.*

Tabla 1. Efecto antimicrobiano de los sobrenadantes liofilizados de cultivosde cepas BAL en cm, sin tratamiento térmico, sin ajuste de pH 4.0.

Cepa	*Salmonella* Typhimurium		*Listeria monocytogenes*	
	BHI tamponado	BHI no tamponado	BHI tamponado	BHI no tamponado
17	1.6 ± 0.05	1.8 ± 0.0	1.6 ± 0.1	2.3 ± 0.1
X	1.5 ± 0.0	1.7 ± 0.05	1.5 ± 0.05	2.4 ± 0.05
(+) *	1.8 ± 0.0	1.7 ± 0.1	2.6 ± 0.0	2.3 ± 0.0

Tabla 2. Efecto antimicrobiano de los sobrenadantes liofilizados de cultivos de cepas BAL en cm, con tratamiento térmico, sin ajuste de pH 4.0.

Cepa	*Salmonella* Typhimurium		*Listeria monocytogenes*	
	BHI tamponado	BHI no tamponado	BHI tamponado	BHI no tamponado
17	1.4 ± 0.1	2.0 ± 0.0	1.5 ± 0.0	2.2 ± 0.15
X	1.2 ± 0.6	1.8 ± 0.15	1.5 ± 0.05	1.8 ± 0.2
(+)*	1.9 ± 0.1	1.8 ± 0.05	2.4 ± 0.0	2.2 ± 0.1

*Control positivo, clorhexidina 0.2%.

Para los SN de ambas BAL, con ajuste de pH 5.5 y 7, con y sin tratamiento térmico, no se observó actividad antimicrobiana.

Conclusiones. Las BAL, *L. plantarum* 17 y *L. lactis* X, tuvieron un efecto antimicrobiano frente a *S.* Typhimurium y *L. monocytogene*s, así como sus SN liofilizados, sin ajustar el pH,con y sin tratamiento térmico.

Agradecimiento. Al proyecto PAIP 5000-9099.

Bibliografía.

Pérez-Cataluña et al. (2018). *A. Van Leeuwenhoek, 111*(3): 385-399.

O´Bryan, et al. (2015). *Handbook of Natural Antimicrobials for Food Safety and Quality*, 2015, 117-136.

IMPACTO DEL CULTIVO Y PROCESAMIENTO POSTCOSECHA DE *Coffea arabica* EN LA MICROBIOTA ASOCIADA CON EL CONTENIDO DE OCRATOXINA A MEDIANTE SECUENCIACIÓN MASIVA DE NUEVA GENERACIÓN (NGS)

María Eugenia Aguilar-Alvarez[1], Eduardo Zúñiga-León[2], Gerardo Saucedo-Castañeda[1], Noël Durand[3], Alejandra Serrato-Diaz[1], Isabel Perraud-Gaime [4], Francisco Fernández Perrino [1], Gabriela M. Rodríguez-Serrano [1].
[1]Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, Departamento de Biotecnología, C.P. 09340, México.
[2]Universidad Autónoma Metropolitana Xochimilco, Departamento de Sistemas Biológicos, C.P. 04960, México.
[3]CIRAD, UMR,Qualisud, Montpellier, France. [4]UMR-IMBE, Aix Marseille U., IRD, Faculté de St Jérome, Marseille, Fr.
meaa66@hotmail.com, gmrs@xanum.uam.mx

Palabras clave: Coffea arabica, NGS, Ocratoxina A

Introducción. La Ocratoxina A (OTA) es una micotoxina producida por hongos filamentosos que puede estar en el café, llegando a comprometer la salud. Su presencia depende del procesamiento postcosecha, factores ambientales, microbiota, entre otros (1). México ocupa el onceavo lugar en la producción de *Coffea arabica*; Chiapas es el principal productor de esta variedad. Hasta el momentono hay estudios de la microbiota y OTA del café mexicano. El objetivo del presente trabajo fue analizar la microbiota asociada con la concentración de OTA presente en *Coffea arabica* cultivada orgánica y convencionalmente y procesada por los métodos húmedo y seco, bajo diferentes tiempos desecado, mediante NGS.

Metodología. En la cosecha 2018-2019, se colectaron muestras de café arábica, cultivadas orgánica yconvencionalmente (bajo diferentes tiempos de procesamiento húmedo y seco) en tres localidades productoras de café (**Fig. 1A, B**). De los granos de café seextrajo OTA (1) y ADN genómico. Se amplificaron las regiones variables V3-V4 del gen ribosomal 16S e ITS2. Los amplicones fueron secuenciados usando una plataforma Illumina MiSeq™. Los datos se preprocesaron y agruparonen variantes de secuencia de amplicón (ASVs). Se calcularonlos índices de Chao1 y diversidad filogenética (DF) para todas las muestras. La anotación taxonómica se obtuvo a partir de las bases de datos 16S e ITS (NCBI, SILVA, RDP y UNITE) entrenadas con el clasificador bayesiano de RDP. La OTA se determinó por HPLC.

Resultados. El análisis NGS para 16S arrojó un total de 4307 ASVs, 279 géneros y 983 especies, representadas principalmente por los fila Firmicutes y Proteobacteria. Y para ITS, 1576 ASVs, 130 géneros y 314 especies, representados por el filo Ascomycota.

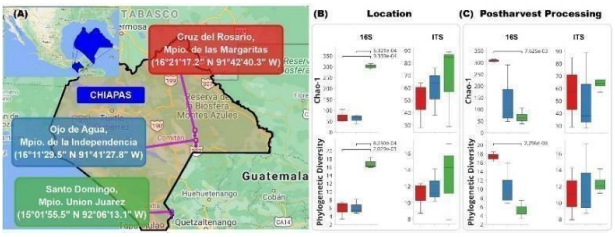


Fig. 1. (A) Localización de muestreo. **(B y C)** Medidas de diversidad alfa paradatos 16S e ITS. **(B)**: agrupación con base a localidades; **(C)**: agrupación conbase a procesamiento (**1**: seco, **2**: cereza fresca, **3**: húmedo).

El café procesado por la vía seca presentó diferencias en DFe índice de Chao-1 ($P<0.01$) respecto la vía húmeda y cerezafresca, tanto para los datos 16S e ITS (**Fig. 1C**).

La muestra 07 presentó la concentración de OTA más alta (15.83 µg/kg, durante 15 días de secado) (**Fig. 2A, B**) y la únicaque rebasa los límites de la regulación europea (2), en esa muestra también se observó que los géneros *Aspergillus* y *Penicillium* presentaron mayor abundancia (**Fig.2B**), en loscuales se ubican las especies que producen OTA (3).

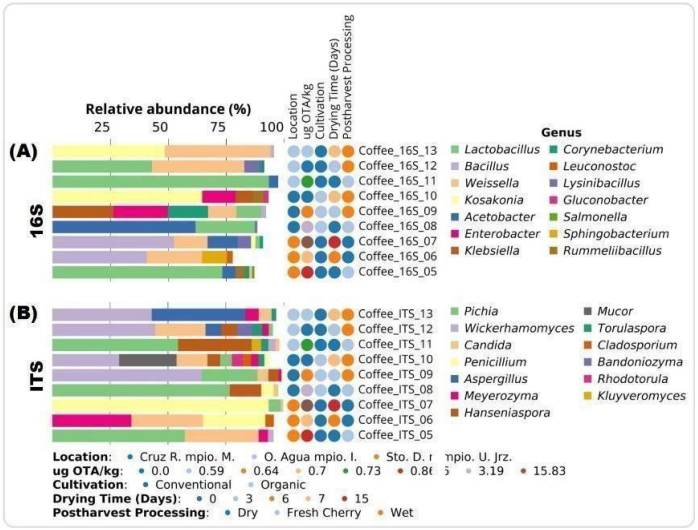


Fig. 2. Abundancias relativas de los 15 géneros de bacterias y hongos más importantes identificados en los análisis 16S **(A)** e ITS **(B)**.

Conclusiones. En el café arábica procesado por el método seco se encontró mayor diversidad microbiana. No se encontraron diferencias entre las muestras cultivadas orgánica y convencionalmente. A pesar de encontrar OTA, el 94% de las muestras se encontraron dentro de la regulación europea.

Agradecimiento. Al CONACYT por su financiamiento (FONCICYT ANR- CONACYT 259874) y a la SEP /SEMS/DGETAyCM por la beca de Aguilar- Alvarez, M.E.

Bibliografía.

Aguilar-Alvarez, M.E., *et al.* (2021). *Food Control*. 108088, vol (126).

European-Commission. (2006). Reglamento CE N 1881/2006, *Official Journalof theEuropean Union.*

Malir F., Ostry V. Pfohl-Leszkowicz A., Malir J. Toman J. (2016). *Toxins*. Vol (8).

APROVECHAMIENTO DE FRIJOL ROJO (*Phaseolus vulgaris*) NATIVO DE CHIAPAS PARA LA OBTENCIÓN DE UN EXTRACTO PROTEICO

Sergio Valdivia-Rivera[1], Ana Luisa Ramos-Díaz[1], Teresa Ayora-Talavera[1], Manuel Alejandro Lizardi-Jiménez[2], Ulises García-Cruz[3], Juan Carlos Cuevas-Bernardino[4], Neith Pacheco[1]. [1]Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Subsede Sureste, Mérida, Yuc. C.P. 97302; [2]CONACYT-Universidad Autónoma de San Luis Potosi, San Luis Potosi, S.L.P., C.P. 78210; [3]Consorcio de investigación del Golfo de México (CIGoM), Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV) Unidad Mérida, Mérida, Yuc. C.P. 97310; [4]CONACYT- Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Subsede Sureste, Mérida, Yuc. C.P. 97302.
npacheco@ciatej.mx

Palabras clave: Phaseolus vulgaris, extracto proteico, cultivo nativo

Introducción. El frijol rojo (*Phaseolus vulgaris*) nativo de Chiapas, al igual que otros cultivos nativos de México, no suele ser aprovechado como alimento para consumo humano (1), a pesar de que los frijoles son consideradosuna fuente importante de alimentación a nivel mundial por su contenido nutrimental (2).

El objetivo del trabajo fue la obtención y caracterización deun extracto proteico a partir del frijol rojo de Chiapas,como parte de su proceso de valorización para usoindustrial.

Metodología. Se recolectó frijol rojo (*Phaseolus vulgaris*) nativo de Chenalhó, Chiapas. Se lavó, trituró y almacenó en forma de harina en congelación hasta suuso.De la harina se obtuvo un extracto proteicosiguiendo unproceso de precipitación por ajuste de pH reportadopreviamente (1,3). Se calculo el rendimiento. El extractoproteico se analizó bromatológicamente siguiendo lasmetodologías descritas en la 18ª ediciónde la Associationof Official Analytical Chemists (AOAC).Además, se realizóun análisis FT-IR (4) de acuerdo con reportes previos.Finalmente, se empleó la metodología SDS-PAGE deacuerdo con instrucciones del fabricante (Bio-Rad, USA)para determinar pesos moleculares porelectroforesis en gel, usando un marcador de ampliopeso molecular S8445(Sigma-Aldrich, USA).

Resultados. El rendimiento del extracto proteico con respecto a la harina de frijol fue de 19.21 ± 1.21 %. La composición bromatológica del extracto proteico fue:
70.35 ± 0.67 % proteína, 19.18 ± 0.47 % carbohidratos totales, 5.22 ± 0.18 % cenizas, 2.32 ± 0.26 % humedad,
2.12 ± 0.06 % lípidos y 0.80 ± 0.06 % fibra. En la figura 1se observan señales características de las proteínas, e.g. las bandas a los 1550 y 1640 cm^{-1} se correspondencon señales características de grupos amida de las proteínas, además, la señal intensa en la región de los 3000 a 3600 cm^{-1} podría corresponder a vibraciones del estiramiento degrupos OH ligados a NH_2 (5). En la figura2 se observa la presencia de al menos 5 grupos proteicos de distinto peso molecular que van desde 20 kDa hasta los 200 kDa, encontrándose una mayor concentración deproteínas en elrango de los 45 a 66 kDa.

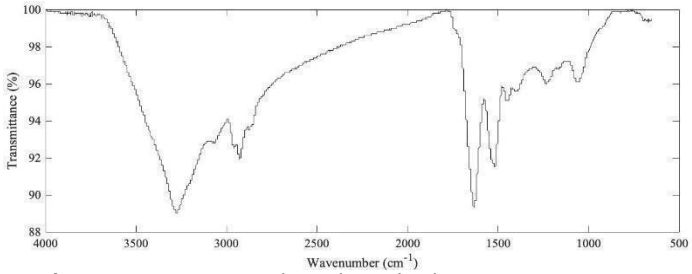


Fig. 1. Espectro FT-IR de *Phaseolus vulgaris* nativo de Chiapas.

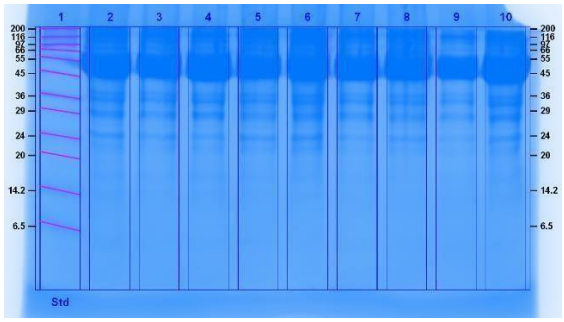


Fig. 2. Gel de electroforesis (marcador, 4, 5, 6, 4, 5, 6, 4, 5 y 6 µg/µL).

Conclusiones. Se confirma el potencial del frijol rojo nativo de Chiapas como fuente de proteínas. Sin embargo, se requieren mayores análisis para determinar sus posibles aplicaciones industriales.

Agradecimiento. Al CONACYT por la beca # 715423.

Bibliografía.

Martínez-Velasco, A., Lobato-Calleros, C., Hernández-Rodríguez, B.E., Román-Guerrero, A., Alvarez-Ramirez, J., Vernon-Carter, E.J. (2018). *Ultrason. Sonochem. 44*, 97–105.

Zapata-Luna, R.L., Ayora-Talavera, T., Pacheco, N., García- Márquez, E., Espinosa-Andrews, H., Ku-González, Á., Ruiz-Ruiz, J., Cuevas-Bernardino, J.C. (2021) *J. Food Meas. Charact. 15*, 1410– 1421.

Rahmati, N.F., Koocheki, A., Varidi, M., Kadkhodaee, R. (2018). *FoodHydrocoll. 79*, 498–508.

Reyna-Urrutia, V.A., Mata-Haro, V., Cauich-Rodriguez, J. V., Herrera-Kao, W.A., Cervantes-Uc, J.M. (2019) *Eur. Polym. J. 117*, 424–433.

Laity, P.R., Gilks, S.E., Holland, C. (2015) *Polymer (Guildf). 67*, 28– 39.

BIOCONSERVACIÓN DE QUESO FRESCO MEDIANTE *Lactococcus lactis* UQ2 Y UNRECUBRIMIENTO ACTIVO

Mayra Maya-Plaza, Próspero Di-Pierro, Silvia Lorena Amaya-Llano, Monserrat Escamilla-García, Blanca EstelaGarcía-Almendárez, Carlos Regalado-González, Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro, Centro Universitario, Cerro de las Campanas, s/n, Querétaro, Qro., 76010, regcarlos@gmail.com

Palabras clave: Bioconservación, queso fresco, recubrimiento activo comestible

Introducción. El queso fresco es el queso más popular y consumido en México y América Latina, así como el de estilo hispano más popular en los Estados Unidos. Es rico en nutrientes, pero debido a su alta humedad, es muy susceptible al deterioro fisicoquímico y microbiológico, teniendo una vida útil corta incluso en refrigeración. El objetivo de este trabajo fue microencapsular la cepa productora de nisina *Lactococcus lactis* UQ2, incorporar las microcápsulas (MC) a la matriz de queso fresco y utilizar un recubrimiento comestible activo (RAC) para aumentar su vida útil, manteniendo su calidad e inocuidad.

Metodología. *L. lactis* UQ2 se microencapsuló mediante secado por aspersión. El RAC se basó en quitosano y caseinato de sodio (8:1, p/p), respectivamente; suplementado con arginato láurico (400 mg/L) y natamicina (80 mg/L)[1]. Se evaluó el RAC contra *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* Typhimurium y *Penicillium expansum*[2]. Se realizó un diseño factorial 2^2, siendo los factores el RAC y *L. lactis* microencapsulado, en dos niveles (presencia y ausencia). Las variables respuesta fueron población de *L. lactis*, producción de nisina y población de *L. monocytogenes*[3].

Resultados. En la tabla 1 se muestran los rendimientos de viabilidad y polvo microencapsulado de *L. lactis;*

Tabla 1. Viabilidad, eficiencia y rendimiento de encapsulación de *L. lactis* UQ2.

Células viables (Log UFC)		Reducción (Log UFC)	Eficiencia de encapsulación (EE%)	Rendimiento de encapsulación (R%)
Antes del secado	Después del secado			
12.65 ± 0.02	12.60 ± 0.04	0.05 ± 0.04[a]	90.2 ± 8.75	69.9 ± 14.5[c]

El efecto antimicrobiano de los recubrimientos se muestra enla tabla 2. El quitosano fue capaz de inhibir S. Typhimurium. El recubrimiento de caseinato:quitosano también presenta actividad contra S. Typhimurium aunque en menor proporciónque el RAC, el cual fue el único tratamiento que produjo inhibición de mohos y L. monocytogenes. La Fig. 1 muestra un efecto bacteriostático sobre L. monocytogenes en queso recubierto (QRAC), así como efecto bactericida tanto para quesos con microcápsulas de L. lactis en la pasta (QM), comopara quesos con QM más recubrimiento activo (QMRAC), mostrando diferencia significativa (α <0.05) a los 4 y 8 días dealmacenamiento a 4 °C, comparado con el queso control (QC), L. monocytogenes fue inoculada en el queso para poder observar el efecto de bioconservación. El crecimiento de L. lactis y la consecuente producción de nisina, solo se observan en los QM. (Se muestran resultados parciales a 8 de 30 días de vida de anaquel).

Tabla 2. Actividad antimicrobiana de los recubrimientos (diámetros de inhibición en cm).

Recubrimiento	Microorganismo		
	Listeria monocytogenes	*Salmonella* Typhimurium	*Penicillium expansum*
Quitosano (QT)	0[a]	4.90 ± 0.36[a]	0[a]
Caseinato de sodio (CS)	0[a]	0[d]	0[a]
CS:QT	0[a]	2.77 ± 0.08[c]	0[a]
RAC	3.09 ± 0.05[b]	3.27 ± 0.17[b]	4.89 ± 0.14[b]

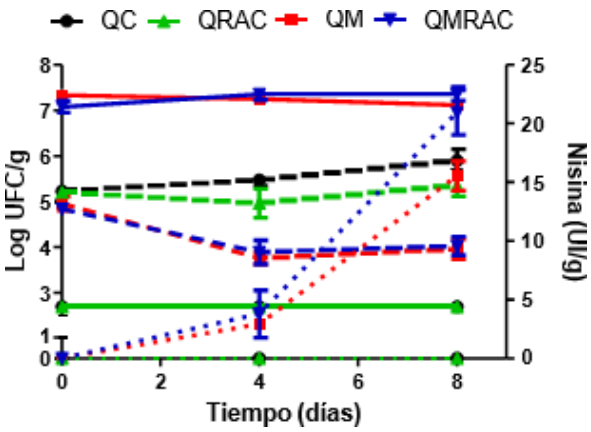


Fig. 1. Bioconservación de queso fresco. Poblaciones: *L. lactis* (-), *L. monocytogenes* (- -). Producción de nisina *in-situ* (..).

Conclusiones. La eficiencia y rendimiento de encapsulación de *L. lactis* fue alta. El RAC diseñado presentó un amplio espectro de inhibición contra bacterias Gram (+) y Gram (–), así como contra un hongo. El uso de barreras múltiples aplicadas en queso fresco permitirá mantener su inocuidad y calidad.

Agradecimiento. A CONACyT por beca otorgada MMP y a la UAQ por proyecto FOPES “FQST2020”.

Bibliografía.

Ríos, L.F. (2020). *Tesis de maestría*. UAQ.

Hernández-Hernández, E., Regalado-González, C., Vázquez-Landaverde, P., Guerrero-Legarreta, I., García-Almendárez, B.E. (2014). *Coatings*. 7:224-239.

Henderson, L.O., Cabrera-Villamizar, L. A., Skeens, J., Kent, D., Murphy, S.,

Wiedmann, M., & Guariglia-Oropeza, V. (2019). *J. Dairy Sci.* 102:9674–9688.

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS LÁCTICAS AISLADAS DE UNA MUESTRA DE KÉFIRDEL ESTADO DE HIDALGO

Paulina Calvario, Lizbeth Anaya, Liliana López, Gloria Díaz-Ruiz, Carmen Wacher. Departamento de Alimentos yBiotecnología, Facultad de Química, UNAM, Ciudad de México, CP 04510.
gloriadr@unam.mx

Palabras clave: Bacterias ácido lácticas, actividad antimicrobiana, kéfir

Introducción. El kéfir es un producto lácteo fermentado que tiene su origen en el Cáucaso y que se obtiene a través de un proceso de fermentación de la leche por bacteria ácido lácticas (BAL) en simbiosis con levaduras,dentro de un complejo de proteínas y exopolisácaridos, llamado gránulo de kéfir (1). En los gránulos de kéfir y en la leche fermentada se pueden encontrar BAL como *Lactobacillus*, *Leuconostoc* y *Lactococcus* y otras bacterias como *Acetobacter.* Se hanaislado levaduras que viven en simbiosis con las bacterias tanto en los gránulos de kéfir como en la leche fermentada, estas son *Saccharomyces*, *Kluyveromyces* y *Candida* (1). Es una bebida ácida y viscosa, ligeramente carbonatada y con concentraciones bajas de alcohol. En los últimos años, el consumo de esta bebida se ha incrementado por sus efectos nutricionalesy terapéuticos. El objetivo del trabajoes caracterizar cepas de bacterias ácido-lácticas aisladasde una muestra de kéfir casero proveniente del estado deHidalgo.

Metodología. Las diez cepas BAL evaluadas se aislaron de una muestra casera del estado de Hidalgo, se conservaron en medio MRS+glicerol a -70ºC y se identificaron mediante la comparación de secuencias del gen rRNA 16S (2). Se determinó el efecto antimicrobianode los sobrenadantes (SN) liofilizados de cultivos de BAL, mediante la técnica de difusión en agar, frente a bacterias patógenas presentes en alimentos y en lacavidad oral. Lasobrevivencia de las bacterias patógenas frente a las BALseleccionadas por el mayor efecto antimicrobiano, se determinó en los SN tratados (pH 7 y 90°C/10 min) cuantificando mediante cuenta en placa en el medio BHA el número de bacteriassobrevivientes después de 48h de incubación.

Resultados. Se identificaron 4 especies de *Lactobacillus*entre las cepas aisladas (tabla 1). En la tabla 2 se muestran los resultados del efecto antimicrobiano de las cepas BAL sobre *S. oralis, S. mutans* y *S. aureus* en medio tamponado. Las cepas E2A y E2B inhibieron a las tres bacterias descritas. La mayoría de las cepas BAL inhibieron a *Bacillus cereus* ATCC 11778 en el medio no tamponado. No se observó inhibición de las bacterias *Listeria monocytogenes* CFQ-103, *L. innocua* cepa CFQ-2, *Escherichia coli* 108412, *Samonella* Typhimurium ATCC 14028, *Enterococcus faecalis* 29212. En la figura 1(a), se observa que *S. oralis* disminuyó su crecimiento en el SN tratado de la cepa E2-A.

Tabla 1. Identificación de bacterias lácticas del kéfir. Comparaciónde secuencias del gen rRNA 16S.

Clave cepa	Especie identificada	% de identidad	Clave cepa	Especie identificada	% de identidad
E1-C	*Lactobacillus otakiensis*	99	E2-O	*Lactobacillus otakiensis*	99
E1-D	*Lactobacillus. parabuchneri*	99	E3-F	*Lactobacillus kefiri*	99
E2-A	*Lactobacillus sunkii*	99	E3-M	*Lactobacillus sunkii*	99
E2-B	*Lactobacillus kefiri*	99	E3-N	*Lactobacillus. parabuchneri*	99
E2-C	*Lactobacillus kefiri*	99	E3-P	*Lactobacillus sunkii*	99

Tabla 2. Actividad antimicrobiana de cepas BAL aisladas del kéfir. Pruebas de difusión en agar en medios tamponados**.**

Microorganismo a inhibir / Sobrenadante a probar	*Streptococcus oralis*	*Streptococcus mutans*	*Staphylococcus aureus*
	Promedio del diámetro de halos de inhibición (mm)		
E1-C	19.0	15.5	-
E1-D	19.5	17.5	-
E2-A	16.0	16.0	12.5
E2-B	18.5	15.5	10.5
E2-C	17.0	-	-
E2-O	18.0	16.0	-
E3-F	19.5	-	-
E3-M	18.0	-	-
E3-N	16.5	16.5	10.0
E3-P	19.5	-	-

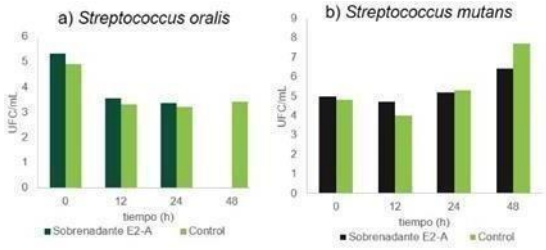


Fig. 1. Ensayo de sobrevivencia de bacterias de la cavidad oral en elSN tratado de la cepa E2-A.

Conclusiones. Se identificaron 4 especies de *Lactobacillus* enla muestra de kéfir casero del estado de Hidalgo. En la evaluación de la actividad antimicrobiana, se observó inhibición de bacterias de la cavidad oral, así como de *S. aureus* y de *Bacillus cereus*.

Agradecimiento. Al proyecto PAIP 5000-9099.

Bibliografía.

Bourrie B., Willing B., y Cotter P. (2016). *Frontiers inMicrobiology,7,* 647.

Lawson PA, Falsen E, Truberg-Jensen K, CollinsMD (2001). *Internat J System Evol Microbiol* 51:475-479.

EFECTO DEL β-GLUCANO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE PÉPTIDOS POR *L. rhamnosus* GG

María Isabel Chávez de la Vega[1], Alma Elizabeth Cruz Guerrero[1], Luis Guillermo González Olivares[2], LorenaGómez Ruiz[1], Mariano García Garibay[1,3], Sergio Alatorre Santamaría[1], Francisco Javier Guzmán Rodríguez[1], Gabriela Rodríguez Serrano[1]. [1]Universidad Autónoma Metropolitana–Iztapalapa. Departamento de Biotecnología. Ciudad de México CP 09340.[2]Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca, Hidalgo. Departamento de Biotecnología Alimentaria. [3]Universidad Autónoma Metropolitana–Lerma. Departamento de Ciencias de la Alimentación. Lerma, Estado de México. chavezdlvega@gmail.com

Palabras clave: β-glucano, péptidos, optimización

Introducción. Los β-glucanos son polisacáridos compuestos por monómeros de D-glucosa con enlaces β-glicosídicos que se han relacionado con beneficios a la salud de las personas que los consumen, según estudios científicos[1]. Aquellos provenientes de cereales, principalmente de cebada y avena, han sido considerados como prebióticos[2]. Su importancia principal es que logran incentivar tanto el crecimiento de probióticos al mismotiempo que estimulan el sistema proteolítico[3]. El objetivo delpresente trabajo fue optimizar la proteólisis de las proteínas de leche por *L. rhamnosus* GG (probiótico) en función de laconcentración de β-glucano de avena y de inóculo.

Metodología.

Se aplicó un diseño central compuesto con puntos estrella[4]para optimizar el grado de proteólisis (grupos aminos libres)en función de distintas concentraciones de β-glucano (g/L)e inóculo (% v/v). Para el procesamiento de datos se utilizóel programa Statgraphics 18X24. La tabla 1 muestra los niveles y los valores reales de cada factor.

El diseño experimental arrojó 12 experimentos que fueron realizados en Skim milk al 10% (p/v) con *L. rhamnosus* GGpor 24 horas a 37°C.

El grado de proteólisis se determinó al inicio y al final de cada fermentación por la técnica del ácido trinitrobencensulfónico (TNBS)[5].

Tabla 1. Variación de factores en el diseño experimental.

	Niveles				
Factores	-1.41	-1	0	1	1.41
β-glucano (g/L)	5.85	10	20	30	34.41
Inóculo (%)	2.58	3	4	5	5.41

Resultados.Los puntos centrales del diseño (experimentos5, 6, 8 y 11) de la figura 1, fue donde se observó una mayorcantidad de grupos amino libres (10 mg/mL). En los experimentos 1 y 12, con la menor concentración de inóculo y el 7 con la menor concentración de β-glucano, se obtuvo la menor producción de grupos amino libres (1.23 mg/mL).

Derivado de diseño central compuesto se obtuvo la superficie de respuesta (figura 2).

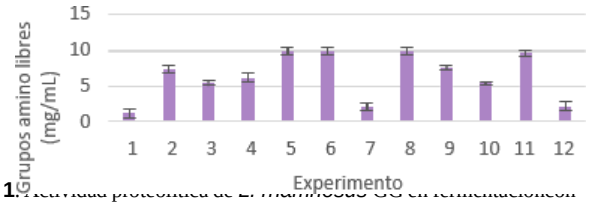


Fig. 1. Actividad proteolítica de *L. rhamnosus* GG en fermentacióncon β-glucano.

El análisis estadístico permitió saber que el valor óptimo de producción de péptidos para las condiciones evaluadas fue de10.1571 mg/mL con una concentración inicial de 22.71 g/L de β-glucano en el medio de cultivo y 4.18% de inóculo.

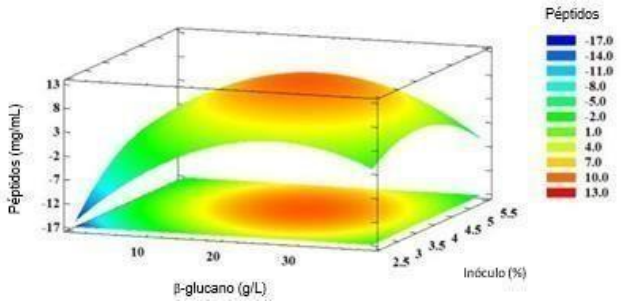


Fig. 2. Superficie de respuesta para producción de péptidos en funciónde la concentración de β-glucano y de inóculo.

Conclusiones. Se demostró que la presencia del β-glucano estimuló el sistema proteolítico de *L. rhamnosus* GG al aumentar la producción de grupos amino libres.

Agradecimiento. Por el apoyo de la beca otorgada por CONACYT (número de apoyo 729460) para la realización del presente trabajo a María Isabel Chávez de la Vega.

Bibliografía.

Aparicio-Vizuete, A., & Ortega-Anta, R. M. (2016). *Revista Españolade Nutrición Humana y Dietética*, 20(2), 127-139.

Dong, J. L., Yu, X., Dong, L. E., & Shen, R. L. (2017). *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 97(12).

Russo, P., de Chiara, M. L. V., Capozzi, V., Arena, M. P., Amodio, M. L., Rascón, A., Dueñas, M. T., López, P. & Spano, G. (2016). *LWT*. 68,288-294.

Jiménez Careaga, M. G. (2015). *Revista Varianza*, 11, 31-36.

Adler-Nissen, J. (1979). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 27 (6): 1256-1262.

CAMBIOS EN LA ACUMULACIÓN DE METABOLITOS Y EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS CON LA TOLERANCIA AL DAÑO POR FRÍO EN FRUTOS DE MANGO TRATADOS HIDROTÉRMICAMENTE

Adán Vega-Álvarez, Karen V. Pineda-Hidalgo, Milton Vega-Álvarez, Jeanett Chávez-Ontiveros, Nancy Y. Salazar-Salas, José A. López-Valenzuela. Universidad Autónoma de Sinaloa, Facultad de Ciencias Químicas Biológicas, Maestría en Ciencia y Tecnología de Alimentos. Culiacán, Sin., México, 80010.
est.adanva@uas.edu.mx

Palabras clave: Mango, Daño por frío, Metabolómica

Introducción. El mango (*Mangifera indica* L.) es susceptibleal daño por frío (DF), un desorden cuyos síntomasdisminuyen cuando el fruto es sometido a tratamiento hidrotérmico (TH) cuarentenario. En cáscara de mango cv. Keitt, la tolerancia al DF se ha asociado con mayor acumulación de proteínas de choque térmico, sistema antioxidante y metabolitos (compuestos fenólicos) (1), pero se desconoce si dicha asociación también existe en la pulpa.El objetivo de esta investigación fue determinarlos cambios en la acumulación de metabolitos y expresión de genesrelacionados con tolerancia al DF en pulpa de frutos de mango cv. Keitt tratados hidrotérmicamente.

Metodología. Se utilizó pulpa de frutos de mango cv. Keitt con y sin TH (46.1 °C/90-110 min) almacenados por 20 díasa 5 °C y madurados por 7 días a 21 °C. Se evaluaron fenólicostotales (1), flavonoides totales (1) y actividad antioxidante (AA) por ABTS (1), DPPH (1) y FRAP (2). Se cuantificación metabolitos por HPLC-MS y se analizó expresión génica porRT-qPCR. Se utilizó un ANOVA bifactorial y prueba de Fisher(LSD) con un α= 0.05.

Resultados. Los frutos con TH mostraron una menor severidadde DF después de la maduración, así como mayor contenido de FT, flavonoides totales y AA (Tabla 1). Estos frutos también mostraron una mayor acumulación de galoil glucosa despuésdel estrés por frío y maduración (Tabla 1); este metabolito fue elmás abundante y presentó una correlación positiva con FT (0.6,p<0.01) y AA [ABTS (0.55, p<0.05) y DPPH (0.62, p<0.01)],
sugiriendo que está involucrado en la tolerancia al DF. Otros metabolitos cuya acumulación fue mayor en los frutos con TH maduros fueron galotaninos y ácido dihidrofaseico (ADF) (Tabla1). De acuerdo con estos resultados, la expresión de un genpara una glucosil transferasa (GTF) involucrada en la síntesis de galoil glucosa y galotaninos fue mayor en los frutos con TH (Figura 1). La AA de galoil glucosa y galotaninos, junto con laactividad antifúngica (3, 4, 5) de estos últimos, podrían ser claveen la adquisición de tolerancia al DF al disminuir el estrés oxidativo y desarrollo de *Colletotrichum gloeosporioides*, microorganismo relacionado con el síntoma de áreas necróticas.

Conclusiones. La tolerancia al DF generada por el TH cuarentenario está asociada con una mayor AA y acumulación de compuestosfenólicos, principalmente galoil glucosa y galotaninos así como con mayor expresión de glucosil transferasa.

Agradecimiento. Adán Vega agradece al CONACyT labeca otorgada para estudios de Maestría.

Tabla 1. Fitoquímicos y actividad antioxidante en pulpa de mango 'Keitt' con ysin TH después del almacenamiento en frio y maduración.

Fitoquímicos y actividad antioxidante	Tratamiento	Condiciones de almacenamiento		
		0 d a 5 °C	20 d a 5 °C	20 d a 5 °C + 7 d a 21 °C
Fenólicos totales (mg EAG / 100 g bh)	Control	30.6 ± 1.0 ^{Aa}	20.1 ± 3.5 ^{Ba}	20.6 ± 3.9 ^{Bb}
	TH	26.6 ± 2.3 ^{Ba}	23.3 ± 1.7 ^{Ba}	33.4 ± 2.3 ^{Aa}
Flavonoides totales (mg EQ / 100 g bh)	Control	3.2 ± 0.15 ^{Aa}	2.4 ± 0.5 ^{Ba}	1.5 ± 0.2 ^{Cb}
	TH	2.3 ± 0.08 ^{Bb}	2.1 ± 0.1 ^{Ba}	2.9 ± 0.1 ^{Aa}
ABTS (µmol ET / 100 g bh)	Control	112.1 ± 1.2 ^{Aa}	66.6 ± 10.0 ^{Ba}	86.8 ± 10.9 ^{Bb}
	TH	88.6 ± 11.2 ^{ABb}	77.6 ± 4.7 ^{Ba}	106.6 ± 8.8 ^{Aa}
DPPH (µmol ET / 100 g bh)	Control	127.4 ± 4.2 ^{Aa}	86.6 ± 6.3 ^{Ba}	94.4 ± 2.1 ^{Bb}
	TH	107.2 ± 11.5 ^{ABb}	88.5 ± 5.5 ^{Ba}	130.5 ± 1.7 ^{Aa}
FRAP (µmol ET / 100 g bh)	Control	66.7 ± 0.3 ^{Aa}	39.8 ± 1.6 ^{Ba}	44.4 ± 5.1 ^{Bb}
	TH	54.8 ± 7.4 ^{Ab}	48.2 ± 1.1 ^{Aa}	55.1 ± 4.7 ^{Aa}
		mg EAG / kg bh		
Galoil glucosa	Control	139.0 ± 5.6 ^{Aa}	75.3 ± 9.3 ^{Bb}	147.3 ± 14.9 ^{Ab}
	TH	109.5 ± 4.9 ^{Cb}	135.7 ± 1.5 ^{Ba}	180.1 ± 0.9 ^{Aa}
O-metil-di-*O*-galoil glucosa	Control	1.9 ± 0.1 ^{Cb}	3.7 ± 0.4 ^{Aa}	2.5 ± 0.3 ^{Bb}
	TH	2.9 ± 0.0 ^{Aa}	3.2 ± 0.2 ^{Aa}	3.4 ± 0.4 ^{Aa}
Tetra-*O*-galoil glucosa	Control	0.9 ± 0.2 ^{Ba}	1.3 ± 0.0 ^{Aa}	1.2 ± 0.4 ^{Bb}
	TH	1.0 ± 0.1 ^{Ba}	1.0 ± 0.1 ^{Bb}	2.1 ± 0.1 ^{Aa}
Penta-*O*-galoil glucosa	Control	2.5 ± 0.2 ^{Bb}	6.1 ± 0.6 ^{Aa}	5.5 ± 0.4 ^{Ab}
	TH	5.0 ± 0.3 ^{Ba}	4.0 ± 0.5 ^{Cb}	6.7 ± 0.2 ^{Aa}
Hexa-*O*-galoil glucosa	Control	1.6 ± 0.2 ^{Bb}	3.8 ± 0.1 ^{Aa}	4.0 ± 0.4 ^{Ab}
	TH	3.9 ± 0.6 ^{Ba}	2.7 ± 0.2 ^{Cb}	5.1 ± 0.6 ^{Aa}
Ácido *O*-metil *O*-galoil cafeico	Control	0.7 ± 0.0 ^{Aa}	0.8 ± 0.1 ^{Aa}	0.9 ± 0.2 ^{Aa}
	TH	0.5 ± 0.0 ^{Ba}	0.8 ± 0.1 ^{Aa}	0.7 ± 0.0 ^{Ba}
		mg EAH / kg bh		
Hexósido de ácido hidroxibenzoico	Control	3.2 ± 0.4 ^{Aa}	2.6 ± 0.2 ^{Bb}	2.9 ± 0.1 ^{ABa}
	TH	2.3 ± 0.1 ^{Bb}	3.4 ± 0.4 ^{Aa}	3.3 ± 0.2 ^{Aa}
		mg EAA / kg bh		
Ácido dihidrofaseico	Control	2.0 ± 0.0 ^{Aa}	2.2 ± 0.2 ^{Aa}	1.7 ± 0.1 ^{Bb}
	TH	1.7 ± 0.0 ^{Bb}	2.0 ± 0.1 ^{Aa}	2.2 ± 0.0 ^{Aa}
		mg EQ / kg bh		
Derivados de quercetina	Control	0.21 ± 0.0 ^{Ba}	0.37 ± 0.0 ^{Ba}	0.7 ± 0.0 ^{Aa}
	TH	0.21 ± 0.2 ^{Ca}	0.45 ± 0.0 ^{Ba}	0.9 ± 0.0 ^{Aa}
Miricetina	Control	0.1 ± 0.0 ^{Ba}	0.1 ± 0.0 ^{Ba}	0.2 ± 0.0 ^{Aa}
	TH	0.07 ± 0.0 ^{Cb}	0.1 ± 0.0 ^{Ba}	0.2 ± 0.0 ^{Aa}

TH, Tratamiento hidrotérmico; EAG, equivalentes de ácido gálico; EQ, equivalentes de quercetina; ET, equivalentesde trolox; EAH, equivalentes de ácido hidroxibenzoico; EAA, equivalentes de ácido abscísico. Los valores son la media ± desviación estándar de tres réplicas. Letras diferentes en la misma fila (A, B, C) o columna (a, b) indican diferencias significativas (LSD, α=0.05) entre condiciones de almacenamiento y tratamientos, respectivamente.

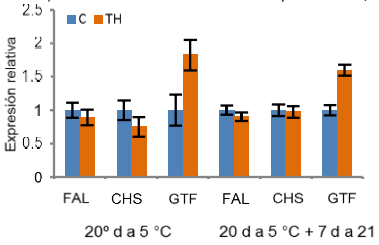


Fig. 1. Expresión relativa de genes en pulpa de mango cv. Keitt con TH y control (C), almacenado en frío y madurado. Las barras indicanLSD (α=0.05); las medias son diferentes cuando las barras no se traslapan. FAL, fenilalanina amonioliasa; CHS, chalcona sintasa; GTF,glucosil transferasa.

Bibliografía.

López-López, ME, López-Valenzuela, JA, Delgado-Vargas, F, López-Angulo G, Carrillo-López, A, Ayón-Reyna, LE, Vega-García, MO. 2018. *Hortsci.* 6:441- 451.

Benzie, IF, Strain, JJ. 1996. *Anal. Biochem.* 239:70–76.

Vega-Álvarez, M, Salazar-Salas, NY, López-Angulo, G, Pineda-Hidalgo, KV, López-López, ME, Vega-García, MO, Delgado-Vargas, F, López-Valenzuela JA. 2020. *Postharvest Biol. Technol*. 169: 1-10.

Karunanayake, LC, Adikaram, N, Kumarihamy, BMM, Bandara, BMR, Abayasekara, C. 2011. *J. Phytopathol.*159:657–664.

Bhouri, W, Derbel, S, Skandrani, I, Boubaker, J, Bouhlel, I, Ben Sghaier, M, Kilani, S, Mariotte, A, Dijoux-Franca, MG, Chekir-Ghedira, L. 2009. *Toxicol.* 24:509–515.

COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS DE EXTRACCIÓN/CONCENTRACIÓN PARA LA DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE COMPUESTOS MINORITARIOS EN EL MEZCAL

Erick Daniel Acosta García, Jesús Bernardo Páez Lerma, María Adriana Martínez Prado, Nicolás Oscar Soto Cruz.Departamento de Ingenierías Química y Bioquímica, Instituto Tecnológico de Durango, Felipe Pescador 1830 Ote, 34080 Durango, Dgo., México.
20040540@itdurango.edu.mx

Palabras clave: Mezcal, volátiles, Extracción/Concentración

Introducción. El aroma y el sabor de los mezcales está determinado por la presencia de los compuestos volátiles yno volátiles.(1) Esto guarda relación directa con la especie de agave utilizada, los microorganismos que participan en la fermentación, el origen geográfico y la estación del año en el que son producidos.(2)

El objetivo de este proyecto fue comparar dos métodos de extracción/concentración de compuestos minoritariospresentes en el mezcal.

Metodología. Se utilizo una solución estándar de composición conocida similar al mezcal, usando como basela composición que especifica la NOM-070-SCIF- 2016. Se
compararon las técnicas de microextracción en fase sólida,HS-SPME (3)(4), contra la extracción líquido- líquido (ELL) con concentración en un sistema Kuderna- Danish (2)(5). Las muestras fueron analizadas en cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas, bajo condicionesdescritas en la literatura (3)(4).

Resultados. Algunos compuestos de menor peso molecular fueron recuperados en mayor medida al usar la técnica de ELL en comparación con HS-SPME, mientras que esta última técnica mostro mejor recuperación de compuestos de peso molecular mas altos. Se compararon también dos diferentes fibras de SPME (Tabla 1) y se observo que la fibra de PA obtuvo mejor rendimiento, sin embargo, no logro recuperar el ácido propanóico.

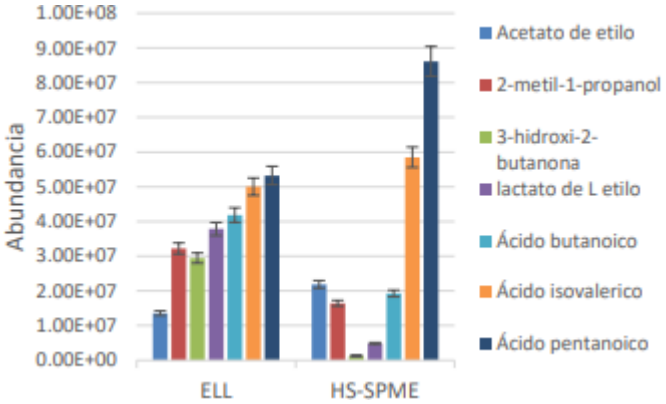


Fig. 1. Comparación de la abundancia obtenida para diversos analitos entre las técnicas ELL y HS-SMPE (fibra: DVB/CAR/PDMS 70/30µm).

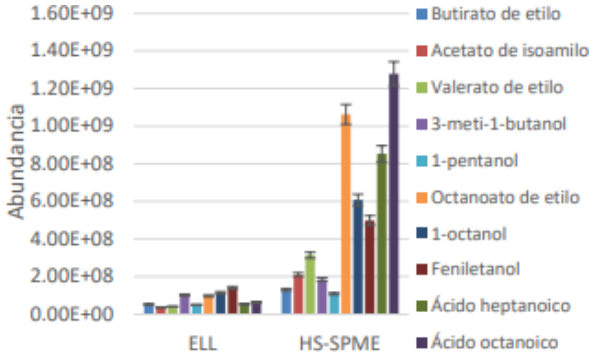


Fig. 2. Comparación de la abundancia obtenida para diversos analitos entre las técnicas ELL y HS-SMPE (continuación).

Tabla 1. Comparación de dos tipos de fibras de SPME

	DVB/CAR/PDMS 70/30µm	PA
Acetato de etilo	2.19E+07 ± 3.28E+06	1.84E+08 ± 5.71E+07
Butirato de etilo	1.30E+08 ± 3.66E+06	2.37E+09 ± 2.18E+08
3-metil-1-butanol	1.85E+08 ± 4.69E+06	3.91E+09 ± 6.82E+07
Octanoato de etilo	1.06E+09 ± 1.41E+08	7.67E+09 ± 2.31E+08
Ácido propanoico	**7.55E+06 ± 2.59E+06**	**-**
Feniletanol	5.00E+08 ± 8.16E+07	2.86E+09 ± 2.61E+08
Ácido pentanoico	8.62E+07 ± 2.04E+07	**2.29E+07 ± 1.57E+06**

Conclusiones. Las dos técnicas son complementarias y en conjunto pueden generar una caracterización más completa de las muestras de mezcal.

Agradecimiento. A CONACYT por la beca otorgada al CVU:1037837 con clave de solicitud: 2020-000013- 01NACF-0766.

Bibliografía.

Vallejo-Cordoba B, González-Córdova AF, Estrada-Montoya MDC. (2004). *J Agric Food Chem*. 52(18):5567–71.

Vera-Guzmán AM, Guzmán-Gerónimo R, López M, Chávez- Servia J.(2018). *Beverages*. 4(1):9.

De Los Rios-Deras GC, Rutiaga-Quiñones OM, López-Miranda J, Páez-Lerma JB, López M, Soto-Cruz NO. (2015). *Rev Mex Ing Química*. 14(2):363–71.

Nuñez-Guerrero ME, Páez-Lerma JB, Rutiaga-Quiñones OM, González-Herrera SM, Soto-Cruz NO. (2016). *Food Microbiol*. 54:91–7.

Martín-Del-Campo ST, Gómez-Hernández HE, Gutiérrez H, Escalona H, Estarrón M, Cosío-Ramírez R. (2011). *CYTA - J Food*. 9(2):152–9.

ELABORACIÓN DE YOGURT LIOFILIZADO TIPO "SIMBIÓTICO" CON BASE EN PROBIÓTICOS Y PREBIÓTICOS PARA PACIENTES CON DISLIPIDEMIA

Luis Antonio Hernández Hernández[1], Alaíde Jiménez Serna[1], María Soledad Córdova Aguilar[2].
[1]Centro de Investigación y Capacitación en Gastronomía – Universidad del Claustro de Sor Juana UCSJ, CentroHistórico de la CDMX, 06080; [2]Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología – UNAM.
ajimenezs@d.elclaustro.edu.mx

Palabras clave: Yogurt, probióticos, prebióticos, liofilización

Introducción. Las dislipidemias son un conjunto de enfermedades asintomáticas y silenciosas, causadas por concentraciones anormales de lípidos en sangre. Son unode los principales factores de riesgo ocasionando enfermedades cardiovasculares y ser una de las principales causas de muerte.(1) Dentro de las recomendaciones (2) para prevenir y tratar estas enfermedades se encuentra la inclusión de prebióticos y probióticos (3) además de fibra soluble y la disminución del consumo de grasas saturadas y carbohidratos simples.

El objetivo de esta investigación fue elaborar un yogurt tipo "simbiótico" (mezcla de prebióticos y probióticos) liofilizado, con base en inulina, mucílago de nopal deshidratado y kéfir, como alternativa de consumo por pacientes con dislipidemia

Metodología. Elaboración de leche kefirada, utilizando leche entera ultrapasteurizada y gránulos de kéfir y pruebas de sustitución de la leche entera en la formulación ordinaria. Incorporación de inulina de agavey mucílago de nopal deshidratado para elaboración del yogurt tipo "simbiótico". Liofilización y reconstitución del producto. Caracterización fisicoquímica del producto(pH, viscosidad, color, ausencia de sinéresis, aroma). Pruebassensoriales.

Resultados. La elaboración de leche kefirada requirió deun tiempo de fermentación de 2 horas, tiempo suficiente para que el pH llegue a 5, el cual es el límite para elaboraryogurt de leche kefirada. No es posible elaborar yogurt 100% de leche kefirada, debido a que el pH desciende pordebajo de 4, lo que ocasiona que el producto no cumpla con las características de un yogurt, por lo tanto,se utilizóuna mezcla de leche entera y leche kefirada en proporciones iguales (50% / 50%), permitiendo elevar el pH de la leche y poder obtener un yogurt con características similares a las del producto ordinario.

La incorporación de inulina y mucílago incrementa la cremosidad y viscosidad del producto. El proceso de fermentación del yogurt "simbiótico" fue de 5 horas, el pHdel producto final fue menor a 5, el sabor del yogurt "simbiótico", fue ligeramente amargo, por lo que se adicionó una mezcla de taro y coco en polvo para mejorarel sabor final. El proceso de liofilización fue de 46 horas. Se logró potenciar los sabores.

La reconstitución fue exitosa y permanecieron los cultivos viables.



Fig. 1. leche kefirada.



Fig. 2. yogurt "simbiótico" líquido y liofilizado.

Conclusiones. Se logró elaborar un yogurt tipo "simbiótico" liofilizado, a partir de la mezcla de leche entera y leche kefirada como probióticos, con inulina y mucílago de nopal deshidratado como prebióticos. Se obtuvo un producto aceptado por consumidor.

Agradecimiento. La obtención del mucílago en polvo fue financiada proyecto SECITI/097/2017. Se agradece al Ing. César Rodríguez, por el apoyo con el proceso de liofilizacióndel yogurt en el Centro de Desarrollo y Soporte INNOTEC SAS de CV y a la Dra. Deni Nava Arenas por el soporte técnico sensorial del proyecto.

Bibliografía.

Meza J., Menchaca J. (2020). *International Journal of Good Conscience*. 15(2):1-16.

Socarrás M, Bolet M. (2010). *Revista Cubana de Investigaciones Biomédicas*. 29(3):353-363.

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. (2006). Definición y medición de los beneficios de los prebióticos para la salud. En: *Probióticos en los alimentos. Propiedades saludables y nutricionales y directrices*. FAO y OMS, Roma. 5-12.

DISEÑO DE UNA PELÍCULA COMESTIBLE A BASE DE UN CONCENTRADO DE PROTEÍNADE AMARANTO Y QUITOSANO REFORZADA CON NANOPARTÍCULAS DE SÍLICE MESOPOROSA CON ACEITE ESENCIAL DE ORÉGANO (*Lippia graveolens* Kunth)

Alexis Matadamas-Ortiz, Elvia Hernández-Hernández, Eduardo Castaño-Tostado, AldoAmaro-Reyes, Blanca E.García-Almendárez, Carlos Regalado-González. Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro, Querétaro 76010, Querétaro.
regcarlos@gmail.com

Palabras clave: Películas activas comestibles, nanopartículas de sílice mesoporosa, aceite esencial de orégano

Introducción. Las películas comestibles son capas delgadas de materiales comestibles para el empaque primario de alimentos con funciones de barrera al flujo másico (O_2, H_2O, solutos) e interés creciente debido a la necesidad de productos seguros, de origen natural y con menor impacto ambiental[1]. Se forman con biopolímeros quepuede reforzarse con nanomateriales capaces de contenercompuestos activos, como aceites esenciales[2],que pueden actuar como conservadores alimentarios naturales[3]. El objetivo de este trabajo fue diseñar una película activa comestible (PAC) a base de concentrado de proteína de amaranto (PA) y quitosano (Q), reforzada con nanopartículas de sílice mesoporosa (NSM) cargadas con aceite esencial de orégano mexicano (AEO) para conservardiferentes alimentos en fresco.

Metodología. Se diseñó una PAC usando una mezcla de PA y Q en proporciones 4:1 y 9:1 (PA:Q; p/p), al cual se incorporaron NSM cargadas con AEO[2]. Secaracterizaron las películas comestibles midiendo sus propiedades mecánicas[2], permeabilidad al vapor de agua, el potencial ζde la solución filmogénica, actividad antimicrobiana[3] y el tamaño de partícula mediante microscopía. Interacciones entre ingredientes de la PACse evaluaron mediante FT-IR.

Resultados. La mezcla 4:1 (PA:Q) produjo las mejores PAC, el potencial ζ de la solución filmogénica indicó alta estabilidad (44.0±0.5 mV). En cuanto a propiedades mecánicas, las películas mostraron baja elongación (4.7±1.5 %), pero altos valores de resistencia a la tensión (36.9±1.4 MPa) y módulo de Young (1,354.8±64.6 MPa), además de exhibir baja permeabilidad al vapor de agua [$3.3x10^{-5}$±$0.2x10^{-5}$ g/(día*m*Pa)]. Por otro lado, las PAC mostraron actividad antimicrobiana *in vitro* contra *Escherichia coli* O157:H7, la cual se vio incrementada a concentracionescrecientes de NSM con AEO (Fig. 1). El diámetro de las nanopartículas fue de 100-150 nm; en la Fig. 2 se observa una disminución de los picos correspondientes a la amida I y la amida II en los tratamientos con NSM indicando interacciones entre sus cargas superficiales y la PA.

Conclusiones. La película comestible a base de PA y Q mostró adecuadas propiedades mecánicas y de barrera al vapor de agua. Por otro lado, la adición de AEOnanoencapsulado otorgó al material capacidad

antimicrobiana contra uno de los microorganismos patógenos más importantesen la industria de alimentos.

En conjunto, los resultados sugieren la posible aplicación de la película diseñada como empaque primario de alimentos enfresco.

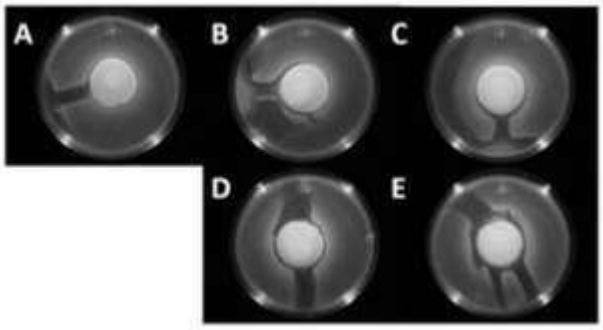


Fig. 1. Áreas de inhibición de PC 4:1 (PA:Q) adicionadas con diferentes concentraciones (% p/p) de NSM cargadas con AEO (A:control; B: 3%; C: 6%; D: 9%; E: 1 %) contra *E.coli* O157:H7.

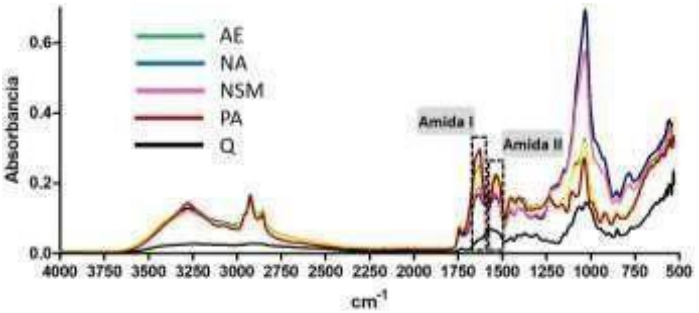


Fig. 2. Espectro FT-IR de las PAC. AE: AEO emulsificado; NA: AEO nanoencapsulado; NSM: nanopartículas vacías.

Agradecimiento. Al CONACyT por beca a AMO y a la UAQpor apoyo financiero (FOPES 2020).

Bibliografía.

Hassan, B., Shahid Chatha, S., Hussain, A., Mahmood Zia, K., &Akhtar,N. (2018). *Int. J. Biol. Macromol.* Vol (109): 1095-1107.

Fernandez-Bats, I., Di Pierro, P., Villalonga-Santana, R., García-Almendárez, B., & Porta, R. (2018). *Food Hydrocoll.* Vol (82): 106-115.

Hernández-Hernández, E., Regalado-González, C., Vázquez-Landaverde, P., Guerrero-Legarreta, I., & García-Almendárez, B. (2014). *Sci. World J*. vol (2014): 1-12.

DESARROLLO DE LA APLICACIÓN DE CROMATOGRAFÍA DE GASES PARA LA CUANTIFICACIÓN DE VOLÁTILES EVALUADOS POR LA NOM-070-SCFI-2016

Armando Holguin L., Erick Marín B., Oscar Soto C., Javier López M., Jesús Páez L. * Instituto Tecnológico de Durango, Unidad de Posgrado, Investigación y Desarrollo Tecnológico, Durango, 34080, * jpaez@itdurango.edu.mx

Palabras clave: Mezcal, norma, metanol

Introducción. En años recientes, ha tenido un repunte la industrialización del mezcal en Durango, estableciendo en sus metas la producción de mezcal que cumplan con las especificaciones tanto nacionales como internacionales (1). En 2019 el estado de Durango alcanzó la tercera posición en producción nacional y para el envasado en el mercado de exportación (2). La calidad del mezcal es una mezcla compleja de características, no solo contiene etanol si no otros volátiles como el metanol, alcoholes superiores, ésteres, ácidos, furanos, terpenos, cetonas, entre otros, que contribuyen a las características sensoriales (3,4). Los factores que afectan la calidad de las bebidas alcohólicas es su contenido de aldehídos, ésteres, alcoholes superioresy metanol, siendo su cuantificación necesaria para mantener la calidad de dichos productos (5). Siendo necesario el esfuerzo en técnicas de respuesta rápida y reproducible que brinde apoyo a las plantas mezcaleras para cumplir con las especificaciones de las Normas Nacionales.

El presente trabajo pretende contribuir con brindar a las plantas mezcaleras del estado de Durango un análisis de respuesta rápida y confiable.

Metodología. Se utilizaron las metodologías propuestas por la NMX-V-005-NORMEX-2013, NMX-V-004- NORMEX-2013 y NMX-V-013-NORMEX-2013, para la determinaciónde los compuestos volátiles (metanol, alcoholes superiores,ésteres, aldehídos, furfural y etanol). La validación del método se llevó a cabo siguiendo los parámetros de linealidad, reproducibilidad y repetibilidad para vía húmeday fueron comparados con el método cromatográficopropuesto siguiendo el procedimiento de De León R. *et al.*,(2006). Se emplearon regresiones lineales para ver los ajustes de áreas bajo la curva contra concentraciones, así como estadísticos de Tukey para ver variaciones entregrupos a través del software estadístico Minitab.

Resultados. Los resultados de correlación lineal máxima para curvas de etanol y metanol fueron de un R^2=0.9892 y R^2= 0.9994, respectivamente.

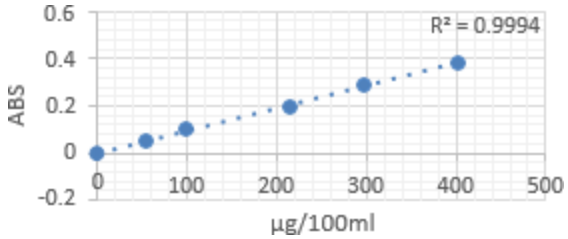


Fig. 1. Curva de calibración para metanol, cumpliendo con el límite de linealidad de la NMX-V-005-NORMEX-2013

Los resultados obtenidos para reproducibilidad y repetibilidad en 5 mediciones y 3 estándares fueron; concentración de 400 mg/100 ml de alcohol anhidro (AA), 1.6, 7.81, 1.95, 2.35 y 2.46 % de coeficiente de variación (CV) para repetibilidad y 3.53% de CV para reproducibilidad, concentración de 200 mg/100 ml de AA, 6.69, 2.72, 1.72, 9.08 y 11.72 % de CV y reproducibilidad 12.72 % de CV y concentración 100 mg/100 ml de AA, 6.15,12.76, 13.86, 10.13, 14.66 % de CV, y mostrando un CV de 41.95 %. La comparación de medias mostro un agrupamiento en un solo grupo y no mostraron diferencias significativas para las concentraciones 400 y 100 mg/100 ml AA, y un comportamiento de agrupación en 2 grupos para 200 mg/100ml AA.

Conclusiones. A partir de los resultados obtenidos se tieneuna técnica colorimétrica que puede validar los estándares utilizados para la cuantificación de volátiles por cromatografía de gases en muestras de mezcal.

Agradecimiento. Se agradece a CONACYT la becaotorgada para el estudio CVU 1039384 y el apoyo del COCYTED al proyecto en la convocatoria para el Impulso a la Vinculación mediante Proyectos Academia

- Empresa - Sociedad. Convocatoria 2019-01.

Bibliografía.

Ávila, J. (2010) . Instituto Politecnico Nacional. pp 5-15.

Consejo Regulador de Mezcal (2020) Informe estadístico 2020.

López M., (1999) Tequila Aroma. In: Flavor Chemistry of Ethnic Foods. F Shahidi, Ch Ho (eds). Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York. pp:211-217.

Vallejo, B., González, A., Estrada, M. (2004). JAFC, 52 (18), pp 5567- 5571.

NORMA oficial mexicana NOM-070-SCFI-2016,bebidas alcohólicas-Mezcal-Especificaciones. DOF pp 1-17.

EFECTO DE LAS CONDICIONES DE EXTRUSIÓN SOBRE LAS PROPIEDADES FÍSICAS Y QUÍMICAS DE UN EXTRUIDO ENRIQUECIDO CON SUBPRODUCTOS DE MANGO (*Mangifera indica*)

Esther Alicia Medina Rendon[1], Guadalupe María Guatemala Morales[1], Rosa Isela Corona González[2], Eduardo Padilla Camberos[1], Pedro Martín Mondragón Cortez[1], Alma Hortensia Martínez Preciado[2], Enrique Arriola Guevara[2]. [1]Unidad de Tecnología Alimentaria, Biotecnología Médica y Farmacéutica, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C, Av. Normalistas #800, Guadalajara, Jalisco, 44270, México. [2]Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Universidad de Guadalajara, Blvd. Marcelino García Barragán #1421, Guadalajara, Jalisco, 44430.
México.esmedina@ciatej.edu.mx

Palabras clave: Extrusión, Subproductos de mango, propiedades físicas y químicas

Introducción. La extrusión es una tecnología muy utilizada en el área de alimentos, permite utilizar un amplio portafolio de materias primas para la creación denuevos productos. Los subproductos de la industria alimentaria pueden ser una fuente de compuestos bioactivos potencialmente valiosos. Estos se puedenincorporar en botanas y cereales para desayuno para mejorar el valor nutricional de los productos extruidos.

El objetivo de este estudio fue investigar los efectos de las condiciones de extrusión sobre las propiedades físicas y químicas de un extruido enriquecido con subproductos demango (*Mangifera indica*). Utilizando la metodología de superficie de respuesta obtener el extruido con las mejores características, para de esta manera encontrar las condiciones óptimas para generarun nuevo producto alimenticio, utilizando los subproductos del mango.

Metodología. Se utilizó como materia prima Harina de Maíz Blanco, Harina de Cáscara de Mango y Harina de Almendra de Mango. El equipo utilizado fue un extrusor monohusillo marca Brabender Intelli-Torque; 20:1 L/D; tornillo con relación de compresión 3:1 y un dado circularde 3 mm. Las condiciones de extrusión se establecieron con un diseño central compuesto 2^{2+2} estrella con 3 puntos centrales (Tabla 1). Las variables de respuesta fueron laspropiedades físicas: Índice de Expansión (IE), dureza, Índice de Absorción en Agua (IAA) e Índice deSolubilidaden Agua (ISA) (1). Así como las propiedades químicas: Contenido total de Polifenoles (2) y actividad antioxidante medida por DPPH (3) y ABTS (4) de los extruidos. Los datos se analizaron con el software Statgraphics Centurion, utilizando el análisis de varianza(ANOVA). Se consideró significativo un valor de $p<0.05$.

Tabla 1. Condiciones de extrusión

	Nivel bajo	Nivel alto
Contenido de humedad (%)	17	21
Temperatura del husillo (°C)	100	130
Velocidad del husillo (rpm)	80	120

Resultados. La temperatura del husillo fue estadísticamente significativa para el IE (p=0.0328), dureza (p=0.0000), IAA (p=0.0001), ISA (p=0.0000).Mientras que el contenido de humedad fue significativo para la actividadantioxidante medido por ABTS (p=0.0107), el IAA (p=0.0092) e ISA (p=0.0479). La temperatura del husillo y el contenido de humedad tuvieron unefecto de interacción estadísticamentesignificativo en el IAA y en el ISA. La velocidad del husillo no fue estadísticamente significativa, solo tuvo una interacción con el contenido de humedad y la velocidad del husillo (p=0.0404). Se generaron superficies de respuesta para IE, dureza, IAA, ISA y ABTS conlos parámetros significativos (Fig. 1). Estos gráficos muestran la tendencia de estas variables al incrementar o disminuir la temperatura del husillo y el contenido de humedad. La optimización numérica se realizó maximizando EI, IAA, ABTS y minimizando dureza e ISA del extruido. La máxima deseabilidad se alcanzó a una temperatura de 130°C, 17% dehumedad y 120 rpm.

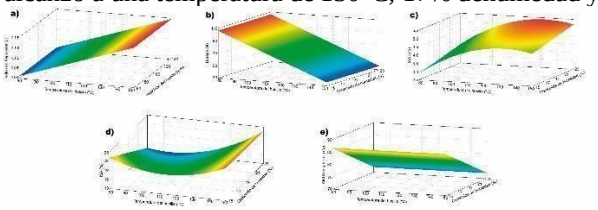


Fig. 1. Superficie de respuesta, a)Índice de Expansión, b)Dureza, c)Índice de Absorción en Agua, d)Índice de Solubilidad en Agua, e)ABTS

Conclusiones. Al optimizar las variables de respuestasignificativos se demostró que tiene un buen ajuste, porque seencontró que los datos experimentalesincluyeron los valores óptimos del proceso de extrusión.

Agradecimiento. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) y al Centro de Investigación y Asistencia enTecnología y Diseño del Estado de Jalisco(CIATEJ).

Bibliografía.

Anderson, R. A., Conway, H. F., Peplinski, A. J. (1970). *Starch*. 22(4):130–135.
Singleton, V. L., Rossi, J. A. (1965). *Am J Enol Vitic*. 16(3): 144–158.
Brand-Williams, W., Cuvelier, M. E., Berset, C. (1995*). LWT - FoodSci Technol.* 28(1): 25–30.
Nenadis, N., Wang, L. F., Tsimidou, M., Zhang, H. Y. (2004). *J Agric Food Chem.* 52(15), 4669–4674.

INCREMENTO DE LA ACTIVIDAD PROTEASA DE LA CEPA NATIVA *Leuconostoc mesenteroides* DE CARPA (*Cyprinus Carpio*) PROCEDENTE DEL LAGO DE CHAPALA

Maria Luisa Sahagun Aguilar, Socorro Josefina Villanueva Rodríguez, Eugenia del Carmen Lugo Cervantes, Maria Dolores García Parra. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A. C (Tecnología alimentaria), Zapopan C.P. 45019.
dgarcia@ciatej.mx

Palabras clave: Proteólisis, estrés, Leuconostoc mesenteriodes

Introducción. Algunas bacterias acido lácticas (BAL) tienen actividad proteasa con la que se puede obtener productos de interés para la industria de alimentos y biotecnológica como la generación de péptidos funcionales (1). Algunas de las BAL utilizadas para la generación de estos péptidos han sido: *Lactabicillus sakei*, *Lactococcus lactis*, así como *Leuconostoc mesenteroides* que es una, típicamente heterofermentativa comúnmente presente en peces, se ha utilizado en diversos procesos de
fermentación de proteínas las cuales son hidrolizadas para la obtención de péptidos bioactivos mediante su actividad proteasa (2). Una forma de incrementar la actividad proteasa es mediante estrés por sustrato (la bacteria se desarrolla en un medio de cultivo donde el nutriente mayoritario esla proteína) (3), como el musculo de pescado. Por lo que el objetivo de esta investigación fue incrementar

la actividad proteasa de la cepa nativa *L. mesenteroides* de carpa (*Cyprinus carpio*) mediante estrés por sustrato utilizando un medio de cultivo rico enharina de musculo de carpa.

Metodología. *Leuconostoc mesenteroides* proteolítica nativa de intestinos de carpa, se inoculo en caldo compuesto de harina de musculo de carpa (30g/L) y agua, siendo este el medio de estrés. La concentración de BAL semidió mediante conteo en agar MRS, y la actividad proteasa
por método colorimétrico (método de Hull con el reactivo Folin Ciocalteu que detecta los residuos de tirosina y triptófano), grado de hidrolisis (TNBS), proteína soluble (Lowry) en biomasa y sobrenadante cada 48h durante 21 días.

Resultados. El crecimiento de *L. mesenteroides* se mostró estable (≈ 8log) durante el estrés, lo cual sugiere una adaptación adecuada a esta fuente de energía y porende hay una sobreexpresión de su sistema enzimático proteolítico (4).

La actividad proteasa muestra que el sobrenadante obtuvomayor actividad proteasa comparada con biomasa lo cual puede deberse a que esta BAL excreta enzimas proteolíticas al medio. El día 7 de estrés fue el que mostrómayor actividad proteasa en ambos casos (sobrenadante y biomasa), además enbiomasa se observa un incremento evidente entre el día 5 y 7 de estrés, lo cual sugiere que para el desarrollo de proteinasa de membrana esrequerido mas tiempo de contacto de la BAL con la proteínapresente (5).

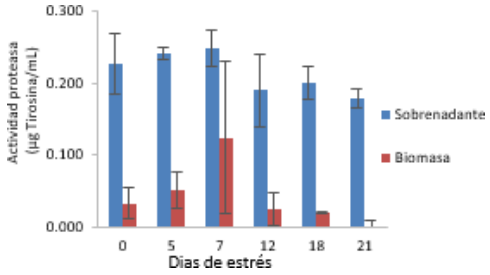


Fig. 1. Actividad proteasa en sobrenadante y biomasa, durante el .estrés.

La proteína soluble y el porcentaje del grado de hidrolisis también mostro cambios, sin embargo, se mostró mayor después del día en que se muestra mayor actividad proteasa, locual se puede deber a que se requiere mayor tiempo para evidenciar la hidrolisis y la proteína soluble.

Tabla 1. Grado de hidrolisis (%GH) y proteína soluble

	Proteína soluble (µg BSA/mL)		%GH	
Día	Sobrenadante	Biomasa	Sobrenadante	**Biomasa**
0	423.2 ± 13	261.5 ± 14	3.3 ± 4	**2.8 ± 0.1**
5	413.2 ± 20	295.3 ± 5	3.4 ± 3	**2.9 ± 0.3**
7	384.0 ± 71	274.0 ± 32	3.1 ± 3	**3.4 ± 0.4**
12	447.3 ± 40	309.8 ± 37	3.3 ± 4	**2.7 ± 0.1**
18	489.0 ± 4	274.0 ± 14	3.6 ± 4	**2.7 ± 0.0**
21	**239.0 ± 4**	**276.5 ± 35**	**3.2 ± 3**	**2.5 ± 0.1**

Conclusiones. Fue posible incrementar la actividad proteasa en biomasa mediante estrés por sustrato utilizando harina de musculo de carpa como fuente de nutrientes, de lacepa nativa de *L.* mesenteroides de carpa ya que en biomasase incrementóal 7mo día un 367%; mientras que en sobrenadante se incrementó un 10%. Por lo que esta bacteria puede ser utilizada para la obtención de péptidos funcionalesen la industria de alimentos y biotecnológica.

Agradecimiento. Este proyecto fue financiado por el Proyecto "Desarrollo de un alimento nutracéutico inhibidor de la enzima convertidora de la Angiotensina, principal responsable de la hipertensión arterial, a partir de músculo de carpa (Cyprinus carpio),del FODECIJAL.

Bibliografía

Savijoki K, Ingmer H, Vermanen P. (2006). *Appl Microbiol Biotechnol.* Vol 71: 394-406.
Jung J, Lee S, Lee J, Seo H, Park W, Jeon C. (2012). *J.o Food Microbiol.* Vol 153: 378-387.
Williams A, Noble J, Tammam J, Lloyd D, Banks J. (2002). *International Dairy Journal.* Vol.12: 841-852.
Guedon E, Renault P, Ehrlich D, Delorme C. (2001). *J. of Bacteriol.* Vol. June: 3614-3622.
Gitton C, Meyrand M, Wang J, Caron C, Trbuil A, Guillot A, Mistou M. (2005). *Appl andEnvironment Micribiol.* Vol. Nov: 7152-7163.

COMPOSICIÓN NUTRIMENTAL DE LA MACROALGA *CLADOPHORA* SP. PRESENTE EN ELESTADO DE NUEVO LEÓN

Fabiola García-Martínez[1], Daniel Guajardo-Flores[2], Saúl Martínez[1], Aída Rodríguez-García[1]*. [1]Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto de Biotecnología, San Nicolás de losGarza 66455 N.L. México. [2]Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Monterrey, 64849 N.L., México. myrna.garciamr@uanl.edu.mx

Palabras clave: Amiloglucosidasa, garbanzo extrudido y glucosa

Introducción. En la búsqueda de nuevas y sustentables fuentes de alimento, las macroalgas son de gran interés debido a características como su rápido crecimiento, economía y disponibilidad en la naturaleza. *Cladophora* sp. es un alga verde filamentosa localizadaen el Arroyo "La Chueca" en el municipio de Santiago, Nuevo León.

El objetivo de este trabajo fue examinar la composición proximal de *Cladophora* sp., determinar el perfil de aminoácidos y la factibilidad de este recurso biológico como ingrediente alimentario, así como la identificaciónde la especie a través de técnicas moleculares.

Metodología. El material vegetal fue colectado en las coordenadas 25° 27′34.0589" N, 100° 9′44.3448" W en el municipio de Santiago, Nuevo León. Los contenidos de proteína cruda, lípidos, fibra dietaria total, cenizas, humedad y extracto libre de nitrógeno fueron determinados a través de los métodos analíticos tradicionales (1). La determinación del perfil de aminoácidos se llevó a cabo través de una Cromatografía líquida de alta resolución. Para laidentificación de la especie se realizó la extracción de ADN y se verificó su integridad y pureza a través de Electroforesis en gel de agarosa y Nanodrop. Se seleccionaron los cebadores de acuerdo con la literatura (2), se realizó la técnica de PCR y se realizó la secuenciación a través de un servicio externo. Una vez obtenida la secuencia se realizó un alineamiento en la base de datos disponible en NCBI.

Resultados. Los análisis de la composición nutricional muestran que los contenidos de extracto libre de nitrógeno, cenizas, lípidos, fibra dietética total y proteínas fueron de 35.14%, 42.22%, 0.36%, 12.85% y 7.37%, respectivamente. Se determinó la composición de aminoácidos, los cuales se muestran en la tabla 1, en donde se hace una comparación con los valores de requerimiento diario para la población adulta (3).

Tabla 1. Composición aminoacídica de *Cladophora* sp. y los requerimientos diarios establecidos por la OMS

Aminoácido	*Cladophora* sp. (mg/g) Peso seco alga	Requerimiento diariopara adultos (mg/g proteína)(WHO, 2007)
Histidina	0.0155	**15**
Isoleucina	0.0131	**30**
Leucina	0.0131	**59**
Lisina	0.0146	**45**
Metionina	n.d.	**16**
Cisteína	n.d.	**6**
Fenilalanina + Tirosina	0.0346	**30**
Treonina	0.0119	**23**
Triptófano	n.a.	**6**
Valina	**0.0117**	**39**

n.d. No detectado
n.a. No analizado

Conclusiones

El ejemplar de *Cladophora* sp. colectado en el municipio de Santiago, Nuevo León está compuesto mayoritariamente por extracto libre de nitrógeno, seguido de cenizas, fibra, proteína ylípidos.

Se encontró que contiene 6 de los 8 aminoácidos esenciales en la alimentación del adulto, sin embargo no cubre los requerimientos mínimos diarios establecidospor la OMS.

La especie del género *Cladophora* fue identificada con la herramienta nucleotide blast de NCBI

Agradecimiento. Este trabajo fue apoyado por la Beca ConacytNo. 894963 y por el programa de apoyo a la investigacióncientífica y tecnológica PAICYT-UANL 2019.

Bibliografía.

AOAC. (1990). Official methods of analysis of the AOAC, 15th ed. Methods 932.06, 925.09, 985.29, 923.03. Association of official analytical chemists. Arlington, VA, USA.

Taylor, R.L., Bailey, J.C. & Freshwater, D.W. (2017). *J. Phycol*. 53 (3): 541-556

WHO (2007) Protein and amino acid requirements in human nutrition. Report of a Joint FAO/WHO/UNU Expert Consultation. Geneva, World Health Organization (WHO Technical Report Series, No. 935). Disponible en: http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/43411/WHO_TRS_935_eng.pdf?ua=1 (Acceso: 10 junio 2021).

ESTUDIO DE BIOACTIVIDAD DE EXTRACTO DE *Sphenarium purpurascens*

Martha Selene Marín Morales, Celeste C. Ibarra-Herrera
Tecnológico de Monterrey, Campus Puebla, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Departamento de Bioingeniería, Atlixcáyotl 5718, Reserva Territorial Atlixcáyotl, 72453 Puebla, Pue.
A00828173@itesm.mx

Palabras clave: Bioactividad, insectos comestibles, chapulín

Introducción. El chapulín de milpa *Sphenarium purpurascens* es uno de los insectos estacionales más abundantes; distribuido en los estados de Tlaxcala, Guerrero, Chiapas, Puebla, entre otros. Dentro de la Entomología Mexicana, el chapulín es conocido por su altocontenido de proteína y la calidad de la misma comparado con la proteína de origen animal (1). A pesar de esto, no seha explorado su potencial como fuente de compuestoscon actividad biológica. A estos compuestos bioactivos se les puede atribuir características antioxidantes, antimicrobianas, antiinflamatorias, entre otras (2,3). En estetrabajo se evalúa la actividad biológica del extracto de *Sphenarium purpurascens* en etapa joven y adulto capturados en la localidad de Coronango, Puebla en la temporada de septiembre-noviembre de 2020.

Metodología. El extracto se obtiene mediante una extracción alcalina con NaOH 4M. El análisis proximal de las muestras liofilizadas de*Sphenarium purpurascens* de edad joven y adulto se realizó de acuerdo a AOAC: contenido de cenizas 942.05, extracto etéreo 945.39, % deproteína por nitrógeno total Kjeldahl 991.20, y % de humedad 964.22. Para cuantificación de compuestos fenólicos totales se utilizó el reactivo de Folin-Ciocalteu, y en la determinación de la capacidad antioxidante se utilizaron los métodos deDPPH• y ABTS•+ (4). La actividad antimicrobiana se determinó mediante el método de placa de agar Luria. Se utilizó amikacina como control y extractos1:10. Todos los experimentos se realizaron por triplicado. Los datos fueron analizados por análisis de varianza ANOVA ($p< 0.05$).

Resultados. En la Tabla 1 se muestran los resultados del proximal de chapulín. El porcentaje de proteína que se obtuvo para el extracto de chapulín joven 56.5±1.2; y para chapulín adulto 60.7±0.15.

Tabla 1. Análisis proximal de chapulín.

Parámetro	CJ	CA
%Humedad	78.0±1.3	70.1±0.64
%Cenizas	11.5±0.32	7.94±0.13
%E. Etéreo	9.35±0.08	13.1±0.09
%Proteína*	49.4±0.65	57.3±1.4

*CJ: Chapulín joven, CA: Chapulín adulto. * Proteína se presenta en g/100 gbase seca.*

En la Tabla 2 se muestran los resultados de Capacidad antioxidante de los extractos de chapulin vs ABTS•+ y DPPH•, además de los compuestos Fenólicos Totales de los extractos.

Tabla 2. Evaluación de capacidad antioxidante.

Parámetro	CJ	CA
CFT(mEAG)	0.104±0.01	0.085±0.01
DPPH(mMT)	9.74±0.01	10.94±0.03
ABTS(mMT)	11.22±0.09	7.90±0.16

CJ: Chapulín joven, CA: Chapulín adulto; mEAG: miliequivalentes de ácidogálico/g base seca; mMT equivalentes mM de trolox /g base seca).

Estos resultados muestran que el porcentaje deproteína y la actividad biológica obtenidas de los extractos de chapulín es similar a la encontrada en otras especies como *Schistocerca piceifrons piceifrons (2).*

Conclusiones. En la evaluación de compuestos fenólicos, asícomo la capacidad antioxidante para DPPH• y ABTS•+ se comprueba que hay diferencia significativa entre las muestrasde chapulín joven y adulto. Por lo tanto, los chapulines puedenconsiderarse una fuente de compuestos con actividad biológica. La presencia de estos compuestos en los chapulines incrementa su potencial nutricional y su posible uso como fuente de nutracéuticos.

Agradecimientos. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca CVU 769152y al Instituto Tecnológicoy de Estudios Superiores de Monterrey por la beca y financiamiento de la investigación.

Bibliografía.

Insectos comestibles: Una alternativa decompuestos nutricionales, funcionales y bioactivosScienceDirect. (s/f)doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.126022.

Pérez-Ramírez, R., (2019). Schistocerca piceifrons piceifrons (Orthoptera: Acrididae) as a Source of Compounds of Biotechnological and Nutritional Interest. *Journal of Insect Science*, *19*(10). https://doi.org/10.1093/jisesa/iez088.

Torruco-Uco, J. Hernández-Santos (2019). Chemical, functional and thermal characterization, and fatty acid profile of the edible grasshopper (Sphenarium purpurascens Ch.). *European Food Research and Technology*, *245*(2), 285–292. https://doi.org/10.1007/s00217-018-3160-y.

Brand-Williams, W. (1995). Use of a free radical method to evaluate antioxidant activity. *LWT - FoodScience and Technology*, *28*(1), 25–30.

Celeste C.Ibarra-Herrera, Beatriz Acosta-Estrada, Cristina Chuck-Hernández, Sayra N. Serrano-Sandoval, Daniela Guardado-Félix & Esther Pérez-Carrillo (2020) Nutritional content of edible grasshopper (*Sphenarium purpurascens*) fedon alfalfa (*Medicago sativa*) and maize (*Zea mays*),CyTA - Journal of Food, 18: 1, 257-263, DOI: 10.1080 / 19476337.2020.1746833.

CARACTERIZACIÓN DE COMPUESTOS FUNCIONALES DE EXTRACTOS DE CAFÉ (*Coffeaarabica*) OBTENIDOS POR DOS MÉTODOS

Minerva Rosas Morales, Ludwig Ian Cervantes Ortiz García, Ada María Ríos Cortés, María Guadalupe García MezaInstituto Politécnico Nacional Centro de Investigación en Biotecnologia Aplicada Tlaxcala C.P. 90700.
mormin@hotmail.com

Palabras clave: Extracto, Café, Compuestos funcionales

Introducción. El café representa un impacto económico importante siendo una de las bebidas más consumidas a nivel mundial[1]. Los métodos de extracción del café son diversos debido a que cada uno le da una característica única y especial[2]. El extracto de café es una solución acuosa de solidos solubles extraídos del grano tostado, es usado para varias aplicaciones industriales[3]. En la industriaalimentaria existe una diversidad de métodos deextracción que coadyuven a la conservación de las características sensoriales (sabor y aroma) y a la conservación de compuestos fenólicos, antioxidantes y azucares[4].

El objetivo de este trabajo fue determinar los compuestos funcionales de extractos obtenidos por dos métodos.

Metodología. Los extractos de café fueron obtenidos enfrio utilizando hielo y por filtración a 80°C, Se utilizo *C. arabica* 200 g de café molido, tueste medio y agua purificada, los extractos fueron diluidos al 10%; para las determinaciones de azucares totales y reductores por el método de Miller[5], para la determinación de fenoles se utilizó la metodología de Vega[6] y antioxidantes por DPPH Los resultados se analizaron por ANOVA de dos factores.

Resultados.



Fig.1. Extracto de café porfiltración a 80°C.



Fig.2. Extracto obtenidoen frío.

En la figura 1 y 2 se muestran los extractos de café obtenidos por los dos métodos de extracción identificando una diferencia en la tonalidad, En la Tabla 1, se muestran los compuestos analizados, no habiendo diferencia significativa en la determinación de azucares reductores entre los dos extractos por otro lado, para los azúcares totales si hubo diferencia significativa al igual que para fenoles y antioxidantes, esta diferencia se debeal manejo de temperatura de los diferentes procesos de extracción, mostrando que la filtración a 80°C facilita la recuperación deotros azucares, no solo de glucosa, de igual forma para compuestos polifenólicos y antioxidantes(fig.3) importantesen las muestras de extractos de café ac. cafeico y ac. clorogénicos compuestos importantes enel aromático.

Tabla 1. Compuestos presentes en los dos extractos de café.

Análisis	Extractos	
	F10%	C10%
Azúcares Reductores (mg glucosa/g de café)	0.002	0.003
Azúcares Totales (g/L)	0.913	0.672
Fenoles (mg GAE/g café)	1.175	2.666
Antioxidantes (% de inhibición del DPPH)	45.979	91.219

F 10% extracto en frío; C10% extracto a 80° C

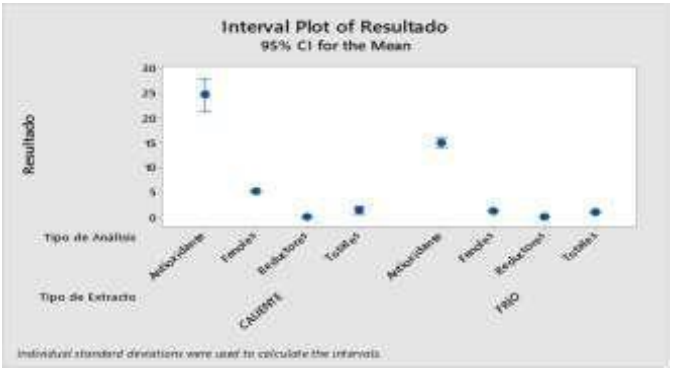


Fig. 3 Análisis estadístico bifactorial de extractos de café.

Conclusiones. La extracción por filtración a 80°C favoreció la recuperación de compuestos fenólicos y antioxidantes.

Agradecimientos. Agradezco al Centro de Investigación de Biotecnología Aplicada (CIBA) que me brindo los recursos necesarios para llevar a cabo este estudio.

Bibliografía.

Leifa, F., Pandey, A., & Soccol, C. (2000). Solid state cultivation - anefficient method to use toxic agro-industrial residues. Journal of Basic Microbiology, 40(3), 187-197.

Adler, S., Noirot, M., Fock-Bastide, I., Citerne, S., & Mouille, G. (2015). Variations in cell wall monosaccharide composition during seeddevelopment in Coffea arabica L. Comparison between Coffea arabica var. Bourbon and Coffea arabica var. Laurina. Trees - Structure and Function, 29(6), 1871–1881.

Huanetl, J. (2019). Obtención de extractos de café por métodos no convencionales. instituto politécnico nacional.

Miller, G.L. (1959) Use of dinitrosalicylic acid reagent for determination of reducing sugar. Analytical Chemistry, 31, 426-428.

Vega, A., De León, J. A., & Reyes, S. M. (2017). Determinación del Contenido de Polifenoles Totales, Flavonoides y Actividad Antioxidante de 34 Cafés Comerciales de Panamá. Información tecnológica, 28(4), 29-38.

EXTRACCIÓN ASISTIDA POR ULTRASONIDO DE PENCAS DE *Agave americana* (L.) PARALA OBTENCIÓN DE POLIFENOLES

Tania González-Flores[1], María Guadalupe Abarca-Figueroa[2], Ariel Vázquez Elorza[3], Ángeles Sánchez-Contreras[1]. [1]Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ), Subsede Sureste, Mérida, Yucatán, 97302. [2]Centro de Investigación y de Educación Superior de Ensenada, Baja California,22860. [3]Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ), Sede Central PROTEAA, Guadalajara, Jalisco. 44270.
tgonzalez@ciatej.mx

Palabras clave: Residuos pencas, antioxidantes, industria mezcalera

Introducción. Durante la producción de mezcal se generan grandes cantidades de residuos de pencas de agaves que son vertidos directamente en el campo para su biodegradación (1). Estos residuos no son aprovechados ygeneralmente se consideran basura, una propuesta para darle valor agregado es su utilizaciónpara la obtención de extractos con actividad antioxidante que puedan incorporarse a la industria alimenticia ocosmeceútica.

Por lo anterior, se plantea el uso de la extracción acuosa asistida por ultrasonido para obtener extractos con actividad antioxidante ricos en polifenoles.

Metodología. Se utilizó hoja de agave coyote (*A.americana*L.) colectada en Oaxaca para hacer harina (secada a 60°C,72h, malla 500 µm). Para la extracción se utilizó un procesador ultrasónico GEX130PB con una sonda de 12 mm de diámetro y frecuencia de 20kHz (2) y se aplicó un diseño factorial 2^3, considerando los siguientes factores: amplitud de onda (50 y 100%), proporción sólido:líquido (1:6y 1:12) y tiempo de extracción (5 y 10 min). Una vez obtenidos los extractos se centrifugaron y liofilizaron. Se determinó el contenidode polifenoles y flavonoides totales, asícomo la actividad antioxidante de los extractos.

Resultados. El rendimiento de extracto crudo varió entre 18.97 y 36.04%, dependiendo del tratamiento. En la **Tabla 1** se presenta el contenido de polifenoles y flavonoides totales en los diferentes extractos.

Tabla. 1. Contenido de metabolitos en los extractos ultrasónicos de harina de penca de *A. americana.*

Amplitud	Proporción	Tiempo	Polifenoles (mg/ml)	Flavonoides (mg/ml)
50	1:6	5	37.77±0.72^{d}	**28.42 ± 1.56^{ab}**
50	1:6	10	35.80±0.26^{e}	**24.36 ± 0.10^{c}**
50	1:12	5	40.17±0.17^{c}	**28.35 ± 0.68^{ab}**
50	1:12	10	42.43±0.58^{b}	**29.24 ± 0.39^{a}**
100	1:6	5	41.88±0.26^{b}	**27.18 ± 0.97^{b}**
100	1:6	10	39.49±0.08^{c}	**25.25 ± 0.19^{c}**
100	1:12	5	39.88±0.40^{c}	**27.32 ± 0.0^{b}**
100	**1:12**	**10**	**44.24±0.11^{a}**	**29.66 ± 0.19^{a}**

Letras diferentes en la misma columna indican una diferencia estadísticamente significativa con un nivel del 95.0% de confianza, n=3.

Los factores que fueron estadísticamente significativos para la extracción de estos metabolitos fueron la proporción sólido:líquido y la interacción proporción/tiempo. El tratamiento que permitió recuperar la mayor cantidad de polifenoles yflavonoides totales (44.24±0.11 y 29.66 ± 0.19 mg/ml,respectivamente) fue utilizando el 100% de amplitud de onda, la proporción sólido:líquido de 1:12 y el tiempo de extracción de 10 minutos (Trat 8, **Tabla 1**).

En la **Fig 1** se presenta la inhibición de los radicales libres DPPH y $ABTS^{+}$. Observándose que los extractos del tratamiento 5 al 8 presentan una mayor actividad antioxidante.

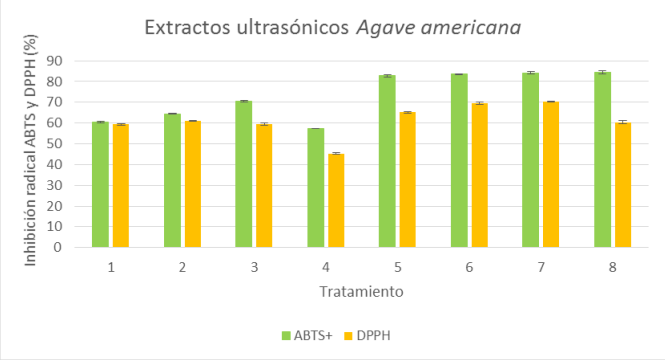


Fig. 1. Actividad antioxidante de los extractos ultrasónicos de *A. americana.*

Conclusiones. La utilización de los residuos agroindustriales derivados de la producción del mezcal parala obtención de extractos antioxidantes representa un potencial para su aprovechamiento integral.

Agradecimiento. CONACyT por beca de licenciatura para Guadalupe Abarca (29307) y Proyecto PDCPN 2015-01-1406.

Bibliografía.

González-Flores T., Granados-Alegría M.I., Cortés- Aguilar S., Ávila-Lizárraga Y.G. y Sánchez-Contreras A. (2020). Evaluaciónde la generación de residuos en la producción artesanal del mezcal en Oaxaca. En: *Protección, Sustentabilidad y Aprovechamiento en la Cadena Productiva Agave-Mezcal*. Vázquez Elorza A et al. El Colegio de Michoacán-CIATEJ, México, 133-146.

Medina-Torres, N., Espinosa-Andrews, H., Trombotto, S., Ayora- Talavera, T., Patrón-Vázquez, J., González-Flores, T., Sánchez-Contreras, A., Cuevas-Bernardino, J.C. & Pacheco, N. (2019). *Molecules*, 24(19), 3541.

ELABORACIÓN DE UNA BEBIDA A BASE DE AGUAMIEL (*Agave atrovirens*) Y TOMATE DE ÁRBOL (*Solanum betaceum* Cav.)

Eduardo Flores Ambrosio, Luisa Fernanda Duque Buitrago, ArelyFlores Morales, Rosalva Mora Escobedo. Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Ciudad de México, 07738.
rosalmorae@gmail.com

Palabras Clavetamarillo, antioxidantes, prebióticos

Introducción. En la biodiversidad mexicana se encuentran diversos productos con alto valor biológico sin usos comerciales e industriales que generen valor agregado a las cadenas de comercialización. El aguamiel por sus fructooligosacáridos (1) y el tomate de árbol por sus vitaminas y antioxidantes (2) llaman la atención. Por lo cualel objetivo de este trabajo fue desarrollar una bebida funcional a base de aguamiel obtenido de magueyes pulqueros (Agave atrovirens Karw) y jugo de tomate de árbol (Solanum betaceum Cav.).

Metodología. El aguamiel pasteurizada y el jugo de tomatede árbol se utilizaron para elaborar tres formulaciones de bebida y se aplicó una evaluación afectiva de preferencia por ordenamiento a 30 jueces no entrenados, y una pruebaanalítica descriptiva de escala de categorías para conocer los perfiles de sabor, textura, aroma y apariencia de la bebida final. Se determinó: pH, acidez, humedad, °Brix, fibra dietaría, cenizas, proteínas, azucares y capacidadantioxidante.

Resultados. La elección de la formulación se basó principalmente en dos criterios, la primera fue que el aguamiel fuera la base, es decir que estuviera en mayor proporción y que la bebida fuera fuente de antioxidantes y potencial prebiótico. Para determinar la formulación final, se realizaron 3 prototipos, los cuales contaban con los porcentajes (pulpa de tomate de árbol-aguamiel): 20- 80% (492); 30-70% (436); 40-60% (614), respectivamente. Se encontró una preferencia por la formulación 614, 17 juecesde 30. Se elaboró la bebida final con la formulación de la clave 614 (20-80). En la Fig. 1 se muestra el perfil de apariencia (a), de aroma (b), y sabor (c).
El producto final tuvo humedad 60%, °Brix 14, pH 4.8, acidez 1.63% de ácido cítrico, cenizas p g/100 mL, proteína
3.47 %, azucares reductores totales 36.85 g/100 mL, glucosa libre 5.00 g/100 mL, fructosa libre 32.52 g/100 mL,sacarosa 4.13 g/100 mL.
La vida de anaquel analizada en la bebida funcional final fue de 60 días. Los cambios generados por la vida de anaquelen la cantidad de azucares y actividad antioxidante de la bebida funcional final son significativos en algunos casos, pero no debido a fermentación bacteriana.

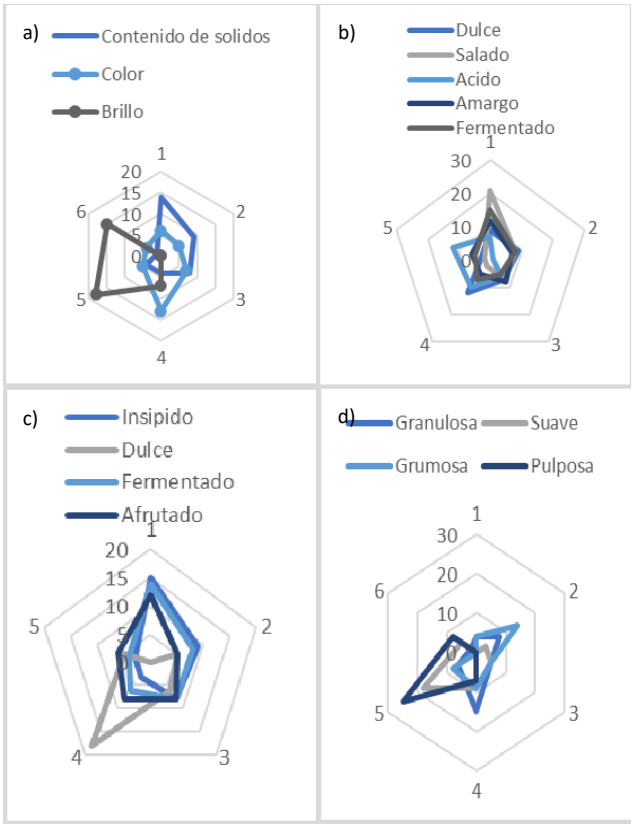


Fig. 1. perfil de apariencia (a), de aroma (b), sabor (c), e intensidad (d) de la formulación final.

Conclusiones. Las características de la bebida final entraron en la normatividad y se obtuvo una bebida con actividadantioxidante y compuestos prebióticos presentes en la bebidafinal.

Agradecimientos. SIP-COFAA-EDI-IPN, BEIFI-IPN, SNI-CONACYT.

Bibliografía.

Willems L y Low N. (2012). Major Carbohydrate, Polyol, and Oligosaccharide Profiles of Agave Syrup.Application of this Data to Authenticity Analysis. J. Agr. Food Chem. Vol., 60: 8745-8754.
Osorio C, Hurtado N, Dawid C, Hofmann T, Heredia-MiraFJ, Morales AL. (2012). Caracterización química de antocianinas en frutos de tamarillo (*Solanum betaceum* Cav.) y baya de los Andes (*Rubus glaucus* Benth). Food Chem, 132 (4): 1915-1921.

EXTRACCION DE MONOSACÁRIDOS POR HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA A PARTIR DESUBPRODUCTOS DE MANGO (CÁSCARA Y HUESO)

Jesús Contreras Mendoza, Guadalupe Guatemala Morales, Rosa Isela Corona González, Enrique Arriola Guevara, EduardoPadilla Camberos, José Roberto Ramos Ibarra y Esther Alicia Medina Rendon. CIATEJ, Tecnología de Alimentos, Guadalajara, Jalisco, C.P. 44270 y Universidad de Guadalajara, Departamento de Ingeniería Química, Guadalajara, Jalisco, C.P. 44430.
jecontreras_al@ciatej.edu.mx

Palabras clave: Monosacáridos, hidrólisis enzimática, subproductos de mango

Introducción. El mango es uno de los frutos tropicales más consumidos a nivel mundial. México es uno de los mayores productores. La pulpa se utiliza para la elaboración de jugos, mermeladas, conservas, dulces, etc. Sin embargo, los residuos (cáscara y hueso) representan el 35-60% del peso total del fruto (1). Además, algunos frutos no cumplen con los estándares comerciales, puesto que tienen una madurez avanzada.Estos residuos podrían ser empleados para la obtenciónde azúcares. El objetivo de este trabajo esevaluar la extracción de monosacáridos por hidrólisis enzimáticadel hueso y cáscara de mango.

Metodología. Se utilizó la variedad de mango *Haden*, seseparó la cáscara y hueso, se secaron, trituraron y tamizaron (maya ≤ 24) para homogeneizar el tamaño dela partícula. Se analizó la composición química de ambas fracciones acorde a protocolos estándar. La hidrólisis enzimática en la cáscara se llevó a cabo con diferentes complejos enzimáticos (*Macerex y Cellucyme*) a diferentes concentraciones (1.5 y 4.5%) y a diferentes tiempos (16 y 24 hrs), para la hidrólisis del hueso se emplearon los mismos complejos enzimáticos, tiempos y concentraciones. Los monosacáridos obtenidos fueron analizados por HPLC.

Resultados. El análisis de la composición química de la cáscara y hueso de mango (tabla 1) muestra que existe una diferencia significativa en su composición, por lo que se espera una variación en la composición de monosacáridosobtenidos por los procesos de hidrólisis.

Tabla 1. Caracterización química de la cáscara y hueso en base seca

Componente	Cáscara (%)	Hueso (%)
Ceniza	4.61	1.43
xtraíbles enacetona	11.6	5.76
Extraíbles en agua	61.77	17.95
Lignina	6.53	20.63
Celulosa	9.21	48.31
Hemicelulosa	6.28	5.92
*Pectina	11.9	1.67

En los hidrolizados se obtuvo glucosa y fructosa en diferentes proporciones, cada muestra se vio beneficiadapor un complejo enzimático diferente. En el caso de la cascarade mango (Figura 1) se obtuvo una mejor extracción de monosacáridos al utilizar el complejo enzimático *Macerex*, en cambio en el hidrolizado de hueso,se obtuvo una mayor extracción de monosacáridos alutilizar el complejo enzimático *Cellucyme* (Figura 2).

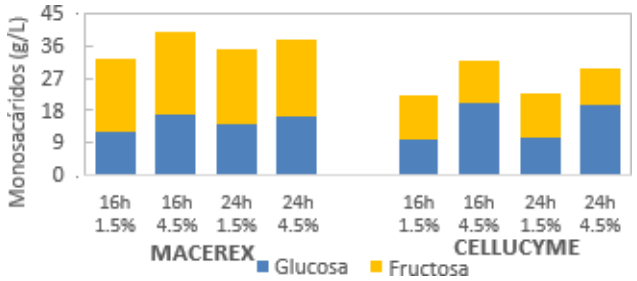


Fig. 1. Concentración de monosacáridos en hidrolizados de la cascara.

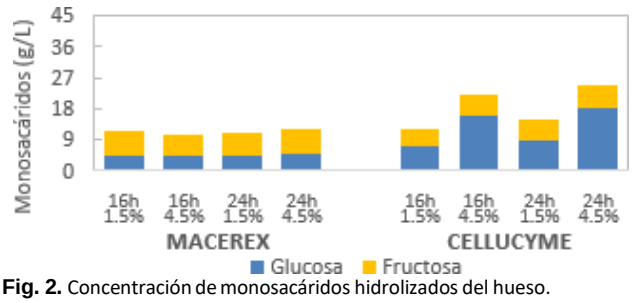


Fig. 2. Concentración de monosacáridos hidrolizados del hueso.

Conclusiones. La variación de monosacáridos que se obtuvieron en los hidrolizados se atribuye a la diferencia enla composición química de ambos materiales y la afinidad de los complejos enzimáticos a cada una de ellas; en el caso de la cascara, hubo una mayor extracción de monosacáridos. Aúncon la diferencia en la composición química que presenta la cáscara y el hueso de mango, tienen potencial para la extracción de monosacáridos que podrían emplearse para laproducción de metabolitos de interés industrial y así, contribuir a resolver el problema dela generación de estos subproductos.

Agradecimientos. A CONACyT por el financiamiento del proyecto y la beca 853236.

Bibliografía.

Ajila-CM *et al*. (2010) *Innov Food Sci Emerg Technol 11: 219-224.*

Serna-Cock L., Torres-León C. (2014) Tesis: *Potencial agroindustrial de cáscaras de mango (Mangifera indica) variedades Keitt y Tommy Atkins.* Universidad Nacional de Colombia.

Larrauri-JA, Ruperez-P, Borroto-B. (1996). Mango Peels as a New Tropical Fibre: Preparation and Characterization. LWT Food Sci Technol.

Evaluación del efecto de péptidos bioactivos de *Carya illinoinensis* en la expresión génica dela línea celular HeLa

Mejía-Salazar Fátima Monserrat[1], Moreno Trujillo Frida Cecilia[2], León-Galván Ma. Fabiola[1], [1]Doctorado en Biociencias, [2]Departamento de Alimentos. División Ciencias de la Vida, Campus Irapuato-Salamanca, Universidad de Guanajuato.
fabiola@ugto.mx

Palabras clave: Cáncer cervicouterino, péptidos bioactivos, nuez, expresión génica

Introducción. El cáncer cervicouterino (CCU) es una enfermedad maligna en mujeres, provocada por la infecciónco n el virus del papiloma humano (VPH) **(1)**. Evidencias científicas sugieren que proteínas de origen alimentario no solo funcionan como nutrientes, sino que pueden modular funciones biológicas **(2)**. Se ha demostrado que los hidrolizados de péptidos bioactivos de origen vegetal, tienen actividad antiproliferativa en líneas celulares cancerosas, por lo que en el presente trabajo se analizó la expresión diferencial de genes que se inducen y se reprimen en la línea celular HeLa, después de 12 y 24 h de tratamiento con hidrolizados trípticos de glutelinas de nuez *Carya illinoinensis*.

Metodología. A partir de la semilla de nuez, *Carya illinoinensis* se obtuvieron 50 µg/mL de hidrolizados tripticosde la fracción proteínica de glutelinas como lo describe Mares en 2017, estos se utilizaron para tratar a la línea celular cancerosa HeLa durante 12 y 24 h. Se colectaron las células y se contaron las células viables en cámara de Neubauer. Se aisló el RNA total de las células control y tratadas con los hidrolizados, continuando con la síntesis de cDNA y posteriormente hibridación sustractiva bajo condiciones de supresión (SSH) como lo reporta Diatchenko en 2007. Finalmente se secuenciaron los fragmentos obtenidos de la SSH, continuando con la anotación utilizando la plataforma deBLAST X, identificandoel porcentaje de identidad de los genes inducidos y suprimidos de la línea celular HeLa.

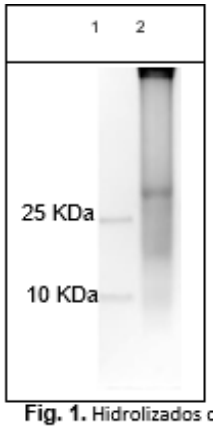


Fig. 1. Hidrolizados de glutelinas en gel de tris-tricina 14% (Carril 2).

Tabla 1. Cuantificación de proteínas de nuez.

Sin hidrolizar	*Hidrolizados*
14.5 mg	*31.6 µg * 1*
**gharina*	*mgglutelinas*

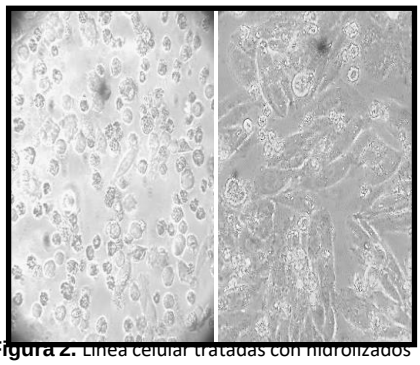


Figura 2. Línea celular tratadas con hidrolizados trípticos de glutelinas de nuez.

Resultados. En la figura 1, podemos observar la integridad de los hidrolizados de glutelinas de nuez, que tienen un tamaño aproximado entre 10 y 25 kDa, los cuales se utilizaron en el tratamiento de células cancerosas (HeLa). Seobservó una disminución del número de células tratas en comparación con el control de células sin tratar, hasta en un35% a las 24 h de tratamiento (figura 2). Se identificaron genes expresados diferencialmente que codifican para receptores tipo Toll (TLR) 7, TLR 5 y proteína G, entre otros, que son sensores dereconocimiento de inmunidad innata, los cuales activan o desactivan cascadas deseñalización para regular el ciclo celular, permitiendo continuar con el proceso de división celularo en este caso, muerte celular programada, apoptosis.

Conclusiones. Se lograron identificar genes expresados diferencialmente en la línea celular HeLa tratada con los hidrolizados tripticos de proteínas de nuez (C*arya illinoinensis*) que están involucrados en la respuesta innata y estructura de lascélulas.

Agradecimiento. A la Dirección de Apoyo a la Investigacióny al posgrado de la Universidad de Guanajuato por el apoyo recibido para llevar a cabo estainvestigación.

Bibliografía.

Liu Y., Xu Y., Jiang W., Huihui J., Zhi-wei W. & Xueqiong Z. (2021). *Molécula therapy Methosr & Clinical Development*. Vol. 2: 492-506.

Pérez-Gregorio R., Soares S., Mateus N. & Freitas V. (2020). *Molecules*,Vol. 25: 1-25.

Mares-Mares E., Gutierrez-Vargas S., Pérez-Moreno L., Ordonez-Acevedo L. G,, Barboza-Corona J. E. & León-Galván M. F. *Hindaway BioMed Research international* Vol. 2017: 8

DESARROLLO DE UNA GRANJA DE CHAPULINES (*Sphenarium purpurascens*) Y CAMBIOSEN SU COMPOSICIÓN DE ACUERDO A DOS DIETAS

Alicia Reyes-Herrera, Esther Pérez-Carrillo y Celeste C. Ibarra-Herrera. Departamento de Bioingeniería. Escuela de Ingeniería y Ciencias. Tecnológico de Monterrey, Campus Puebla Puebla,Puebla. C.P. 72453.
a00826573@itesm.mx

Palabras clave: Chapulines, proteína, dieta

Introducción. En los últimos años los insectos han sido foco de creciente atención debido a sus características nutrimentales y a las ventajas ambientales que genera su producción (1). Uno de los insectos más consumidos en México son los chapulines (*Sphenarium purpurascens*) los cuales son consumidos principalmente como botana y son recolectados en campos de milpa o alfalfa. También han sido utilizados como ingredientes para elaborar pastas, galletas y otros productos, mejorando el valornutrimental y tecnofuncional del alimento (2, 3). El control de la dieta en insectos ha permitido el aumento del contenido proteico, asícomo de ácidos grasos insaturados y de fibra (4-5). En el caso del chapulín, previamente se ha reportado el efecto dela dieta en chapulines recolectados en diferentes cultivos (6). Un estudio del efecto de la dieta en la composición química del chapulín en condiciones controladas no ha sidoreportado. En este trabajo se desarrolló el establecimiento de una granja de chapulines y se evaluó el efecto de la dietasobre su composición química.

Metodología. *Sphenarium purpurascens* fueron adquiridosen Coronango, Puebla. El desarrollo de lagranja se hizo en contenedores de lámina de metal cilíndricos con 1 m de diámetro por 30 cm de altura con aserrín de fondo, con techo de malla plástica de poro de 1.39 mm. En cada contenedor se agregaron 1,000 g de chapulines vivos los cuales fueron alimentados durante 2 semanas con las diferentes dietas. Los chapulines recolectados fueron preservados a -80°C El análisis proximal (proteína cruda, fibra, grasa cruda, cenizas, quitina de acuerdocon el AOAC)se hizo por triplicado para evaluar cambios en la composición; se hizo un ANOVA para determinar diferencias significativas. Los chapulines fueron divididos en tres grupos: el control (MC), alimentados con hojas de maíz (MM) y alimentados con germinado de soya (MS).

Resultados. Fue posible establecer una granja. El porcentaje de insectos recuperados fue de aproximadamente 75%. No hubo diferencia significativa enel peso de los chapulines y su tamaño entre las muestras. El análisis proximal, se muestra en la Tabla 1. El contenidode grasa cruda, cenizas yfibra insoluble es diferente en lastres muestras. Paraproteína cruda, MS tuvo el valor más bajo, y MC y MMse mantuvieron igual. El porcentaje de quitina seduplicó en MM y MS respecto al control. La fibra totaly soluble en MS y MC es igual, mientras que en MM disminuyó. La discusión de los resultados, así como el detalle del desarrollo de la granja se presentarán enla sesión correspondiente.

Tabla 1. Composición de chapulín alimentado con cada dieta

Componente	MM (% p/p)	MS (% p/p)	MC (% p/p)
Composición química			
Proteína cruda	53.8 ± 1.0	48.8^{a} ± 0.7	53.6 ± 1.3
Fibra dietética total (FDT)	24.9^{a} ± 0.4	32.2 ± 1.0	31.1 ± 0.1
Fibra dietética insoluble (FDI)	23.3^{a} ± 0.5	29.3^{b} ± 1.4	26.3^{c} ± 0.3
Fibra dietética soluble (FDS)	1.5^{a} ± 0.2	3.8 ± 0.4	4.7 ± 0.4
Grasa cruda	6.3^{a} ± 0.1	6.6^{b} ± 0.1	9.2^{c} ± 0.0
Cenizas	2.4^{a} ± 0.4	3.4^{b} ± 0.3	1.0^{c} ± 0.0
Quitina	9.0 ± 1.2	8.9 ± 1.1	4.1^{a} ± 0.9
% de quitina de FDI	38.4 %	30.4 %	15.9 %

Valores promedio con letra diferente son significativamente diferentes (P<0.05)
MM: muestras alimentadas con maíz, MS: muestras alimentadas con soya y MC: muestra control.

Conclusiones. El uso de germinado de soya en lugarde hojas de maíz representa un cambio nutrimental en los chapulines.Por lo tanto, el control de la dieta permitiría la obtención de insectos con composición específica. Con ello se pueden mejorar las propiedades tecnofuncionales del producto al integrarlo como ingrediente en otros alimentos, para lo cual se requieren más estudios.

Agradecimientos. Al Consejo Nacional de Ciencia yTecnología por la beca CVU 921966 y al Tecnológico de Monterrey.

Bibliografía.

Menozzi D, Sogari G, Veneziani M, Simoni E, Mora C. (2017). *Food Qual Prefer* (59)*:* 27-34.

Malomo O, Adediran, E. (2015). *Int J Food Sci*.;(4)::700-706.

Baiano A. (2020). *Trends Food Sci*. Technol (100):35-50.

Rutaro K, Malinga G, Lehtovaara V, Opoke R, Valtonen A, Kwetegyeka J, (2018) *Entomol. Res*.;48:490–8.

Francardi V, Frosinini R, Pichini C, Botta M, Cito A, Dreassi E. (2017). *J. Zool*. (100):187-192.

Ibarra-Herrera CC, Acosta-Estrada B, Chuck-Hernández C, Serrano-Sandoval SN, Guardado-Félix D, Pérez-Carrillo E. (2020)*J. of Food*. 18(1):257-63.

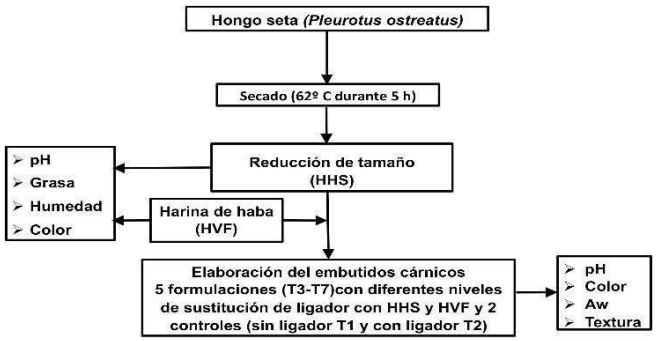
EVALUACIÓN FISICOQUÍMICA DE SALCHICHAS ELABORADAS CON HARINA DE HONGO SETA(PLEUROTUS OSTREATUS) Y HABA (VICIA FABA) COMO LIGADORES

María G. Márquez-Castillo[1], Ángel E. Márquez-Ortega[1], Salvador O. Cruz-López[2], Yenizey M. Álvarez-Cisneros[2]* [1]División de Ingeniería Química, Tecnológico de Estudios Superiores de Chimalhuacán, Calle Primavera S/N col. SantaMaría Nativitas Chimalhuacán, Estado de México, C.P.56330, [2]Departamento de Biotecnología, Universidad AutónomaMetropolitana, Unidad Iztapalapa, San Rafael Atlixco No. 186, col. Vicentina, Iztapalapa, Ciudad de México, México.
acym@xanum.uam.mx

Palabras clave: Hongo seta (Pleurotus ostreatus), haba (*Vicia faba), salchicha*

Introducción. EL hongo seta *(Pleurotus ostreatus)* es un alimento excepcional ya que son bajos en grasa, ademásde ricos en proteínas y quitina (un compuesto natural) con variados beneficios para el ser humano (1). La harina de haba (*Vicia faba)* es una especie denominada leguminosa de grano comestible, es considerada por sus beneficios rica en proteínas, vitaminas y fibra (2). El objetivo del presente trabajo fue evaluar las características fisicoquímicas de diferentes formulaciones de salchichas utilizando harina de hongo seta *(Pleurotus ostreatus)* y harina de haba (*Vicia faba*) en diferentes proporciones como ligadores.

Metodología.



Resultados.

En la tabla 1 se presentan las características de pH, grasa y humedad de las harinas obtenidas a partir de hongo setay haba.

Tabla 1. Evaluación fisicoquímica de las harinas

Fuente	pH	Grasa (%)	Humedad (%)
Hongo	6.83 ± 0.01	2.90±0.22	7.68±0.42
Haba	6.73±0.02	2.81±0.11	9.18±0.28

Resultados reportados como media ± desviación estándar para n = 3.

En la tabla 2 se observa que no hay diferencia significativa con respecto a las variables L*, pH y aw entre el tratamiento T7 y el control con ligador (T2). Se puede observar que al incorporar el ligador (T2) y las diferentes proporciones de harinas, la luminosidad (L*) disminuye en comparación con T1 (sin ligador), presentando diferencias significativas. Sin embargo no existe diferencia significativa entre los tratamientos con harinas y el control con ligador (T2). El valor a* y b* se incrementan con la incorporación de las harinas HHS y HVF,resultados similares han sido reportados por otros autores (3).

Tabla 2.- Parámetros fisicoquímico para los diferentes tratamientos

Tratamiento	L*	a*	b*	pH	aw
T1	68.71 ± 0.09^{D}	5.60 ± 0.08^{A}	11.65 ± 0.01^{A}	6.29 ± 0.00^{B}	0.99 ± 0.00^{C}
T2	61.81 ± 0.05^{AB}	8.89 ± 0.04^{C}	13.70 ± 0.01^{A}	6.39 ± 0.00^{C}	0.98 ± 0.00^{B}
T3	59.30 ± 0.01^{A}	9.34 ± 0.00^{C}	19.98 ± 0.04^{C}	6.24 ± 0.02^{B}	0.98 ± 0.00^{A}
T4	62.87 ± 0.06^{BC}	7.53 ± 0.22^{B}	15.31 ± 0.07^{B}	6.16 ± 0.02^{A}	0.98 ± 0.00^{AB}
T5	64.88 ± 0.10^{C}	6.97 ± 0.06^{B}	17.90 ± 0.02^{C}	6.26 ± 0.00^{B}	0.98 ± 0.00^{AB}
T6	63.71 ± 0.05^{BC}	6.59 ± 0.14^{AB}	18.27 ± 0.04^{C}	6.31 ± 0.02^{B}	0.98 ± 0.00^{B}
T7	61.26 ± 0.10^{AB}	6.92 ± 0.02^{B}	17.40 ± 0.03^{B}	6.45 ± 0.01^{C}	0.98 ± 0.00^{B}

Resultados reportados como media ± desviación estándar para n = 3. Letras diferentes indican que hay diferencia significativa entre los renglones de la misma columna ($p<0.05$).

Conclusiones. El tratamiento T7 (3 HHS/7 HVF) fue el más parecido al control con ligador (almidón), sin embargo todos los tratamientos elaborados con ambas harinas presentaron buenas propiedades fisicoquímicas que se pueden equiparan a ligadores utilizados en la industria cárnica como los almidones.

Bibliografía.

Chang, S. T., & Philip, G. M. (2004). Mushroom: Cultivatio, nutritional value, medicional effect, environmental impacct. *CRC Press Boca Raton* , 451.

García, A. (2015). *El gran libro de las legumbre.*

Hleap-Zapata, J. I., Burbano-Portillo, M., & Mora-Vera , J. M. (2017). Evaluación fisicoquímica y sensorial de salchicha con inclusión de harina de quinua (*Chenopodium qimoa W.). Biotecnología en el sector agropecuario y agroindustrial*.

EVALUACIÓN SENSORIAL DE SALCHICHAS ELABORADAS CON HARINA DE HONGO SETA(*PLEUROTUS OSTREATUS*) Y HABA (*VICIA FABA*)

María G. Márquez-Castillo[1], Ángel E. Márquez-Ortega[1], Salvador O. Cruz-López[2], Héctor B. Escalona-Buendía[2], Yenizey M. Álvarez-Cisneros[2]*. [1]División de Ingeniería Química, Tecnológico de Estudios Superiores de Chimalhuacán, Calle Primavera S/N col. SantaMaría Nativitas Chimalhuacán, Estado de México, C.P.56330, [2]Departamento de Biotecnología, Universidad AutónomaMetropolitana, Unidad Iztapalapa, San Rafael Atlixco No. 186, col. Vicentina, Iztapalapa, Ciudad de México, México.
acym@xanum.uam.mx

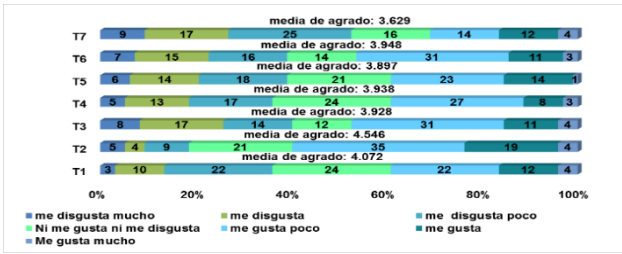
Palabras clave: CATA, AFC, aceptabilidad, Hongo seta, haba, salchichas

Introducción. Actualmente los consumidores demandan alimentos más sanos y con buenas características organolépticas. Por lo que la industria cárnica actualmente busca la incorporación de nuevos ingredientes en sus productos que proporcionen un incremento en el valor nutrimental(1). Las harinas de fuentes no convencionales como setas y habas se caracterizan por su alto nivel de proteína, contenido de fibra e hidratos de carbonodisponibles (2). La evaluación sensorial analiza el gusto y las preferencias de los consumidores y se realiza en el diseño de alimentos con alguna modificación y/o incorporación de nuevos ingredientes en su formulación.El objetivo principal fue evaluar las características sensoriales de diferentes formulaciones de salchichas elaboradas con harina de hongoseta (HS) y haba (H).

Metodología. Se realizaron 2 controles y 5 formulaciones con diferentes niveles de HS y H. Todas los tratamientos fueron evaluados sensorialmente con 100 consumidores usando la prueba CATA y una escala hedónica de 7 puntos para el agrado general (3). Los datos obtenidos fueron analizados deacuerdo a la prueba de Friedman, analisis factorial de correspondencia (AFC) y mapeo de preferencias con análisisde componentes principales (APC).

Resultados. En la figura 1 se observa el agrado generalde las diferentes formulaciones con diferencia significativa en lamedia de agrado ($p<0.05$). La muestra con almidón (T2) presento el mayor agrado (4.546) “ni me gusta ni me disgusta”, los T3 a T6 “me gusta poco” y la T7 fue la de menoragrado “me disgusta poco”.

Fig. 1. Agrado general de diferentes formulaciones de salchichas.



Todos los consumidores fueron agrupados en 15 clusters de acuerdo a la evaluación sensorial, y los tratamientos se agruparon en diferntes clusters de acuerdo a la evaluación recibida por los consumidores (figura 2). La mayoría de los clusters se agrupan con los tratamientos T5, T6 y T7 con un

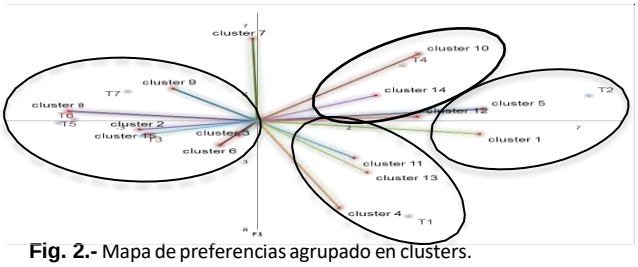


Fig. 2.- Mapa de preferencias agrupado en clusters.

La figura 3 explica el 84.59% de la variabilidad en las muestras,y representa los principales atributos de apariencia- olor-sabor- textura de cada formulación. Algunos de los atributos con mayor frecuencia son: homogénea y compacta (T4); salada, amarga, condimentada, porosa y hierbas (T3); hierbas, amarga, camarónseco, galleta, café, rancio y agrio (T5, T6 y T7). Ninguno deestos atributos se relacionan con los controles T1 y T2.

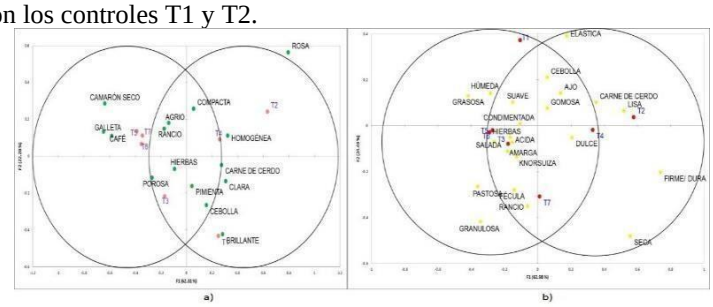


Fig. 3. AFC para los perfiles sensoriales de las salchichas de apariencia-olor(a), y sabor-textura (b).

Conclusiones. La formulación T4 elaborada con haba tiene similitud en la preferencia de los consumidores y en la escala de agrado con respecto al control elaborado con almidón. Además los tratamientos con la combinación HS y H presentaron buena aceptabilidad, es importante seguir mejorando los atributos sensoriales. Los resultados demuestran que el uso de harinasno convencionales comoH y HS pueden ser una alternativapara el desarrollo de nuevos productos con alto valor nutricional.

Bibliografía.

Ruiz Mármol, H.P. (2011). Evaluación de tres Niveles de Carragenato en laElaboración de Chuletas de Cerdo Curada y Ahumada.
Roberfroid, M. B. (2000). Defining functional foods, en Functional foods:Conceptto product. Gibson and Williams, CRC Press.
Baba, Y., Kallas, Z., Costa-Font, M., Gil, J. M., & Realini, C. E. (2016). Impact of hedonic evaluation on consumers prefrences for beet attributes including its enrichment with n-3 and CLA fatty acids. Meat science, 111. 9-17.

DESARROLLO Y EVALUACIÓN DE PRODUCTOS FERMENTADOS A BASE DE LECHE CABRACON CARACTERÍSTICAS PROBIÓTICAS

José Hugo Castorena García, Ma. Leticia García Escalante, Víctor Santiago Santiago, Maribel Cano Hernández. Tecnológico Nacional de México/Campus Altiplano de Tlaxcala, San Diego Xocoyucan, Tlaxcala.CP. 90122.
josehugo.cg@altiplano.tecnm.mx

Palabras clave: Leche de cabra, puré, probióticos

Introducción. Los probióticos son microorganismos vivos, que cuando son administrados en cantidades adecuadas, confieren beneficios a la salud y a mantener la misma. *Lactobacillus acidophilus, Lactobacillus casei, L. delbruckii* especie *bulgaricus* y *Bifidobacterium* son Bacterias Acido Lácticas (BAL) probióticos de mayor interés científico por sus características bioquímicas y funcionales. Actualmente, el vehículo de suministro de BAL al consumidor solamente se realiza a través de productos lácteos principalmente como producto denominado yogurt, elaborado a partir de leche de origen bovina o fórmulas lácteas (1).

El objetivo de esta propuesta fue diseñar formulaciones a base de fermento de leche cabra y en combinación con frutas, verdura y carne de pollo.

Metodología. La fermentación de la leche de cabra se realizóa temperaturas de 37°C. Se utilizaron cultivos láctico cepas Lyobac® YO 40Q y MO 099, Italia. Adicionalmente, cada cepafue enriquecida con Yacult® que contiene *Lactobacillus casei* chirota. Fruta de tejocote, manzana, calabaza y carne de pollo, fueron molidos y hechos purés para obtener la consistencia y granulometría deseada. El tamaño de muestra fue 200 g en proporción 1 parte de fermento de leche y 2 partes de puré. Posteriormente, se realizó una evaluación sensoria y evaluación microbiológica (medio de cultivo M.R.S Agar).

Resultados. La tabla 1, muestra los comentarios obtenidos en la evaluación sensorial. Arrojó una muy buena aceptación en elorden siguiente, puré de tejocotes, manzana, calabaza y pollo.

Tabla 1. Comentarios de la evaluación sensorial.

Muestra	Q MO 099	Y- YO 40Q
Manzana	El producto fue considerado agradable al paladar, gustó el sabor, fue considerado agradable su olor y textura.	Fue un producto muy agradable por su textura y sabor..
Tejocote	El producto fue considerado agradabledebido asu sabor, textura y color.También se resalta que presentó una consistencia cremosa.	Esta muestra fue aceptable. La textura obtenida fue de menos cremosa, sabor y aroma de menor agrado quela anterior.
Calabaza	Se obtuvo un producto cremoso, de consistenciay sabor agradable.	La muestra fue aceptable.Se percibe elsabor a calabaza tierna.
Pollo	El producto fue evaluadocon textura cremosa, de sabor, olor y color agradable al consumidor.	Esta muestra fue aceptable pero de menor agrado que la muestra conla cepa Q-MO 099.

Se resalta que el tejocote presentó una consistencia cremosaque gustó mucho a los evaluadores, esta echo fue asociado al contenido alto de pectina. En general en todas las muestrasse manifestó la falta de sabor dulce, este hecho se debió a que el producto elaborado fue lo más natural sin agregar otroaditivo.

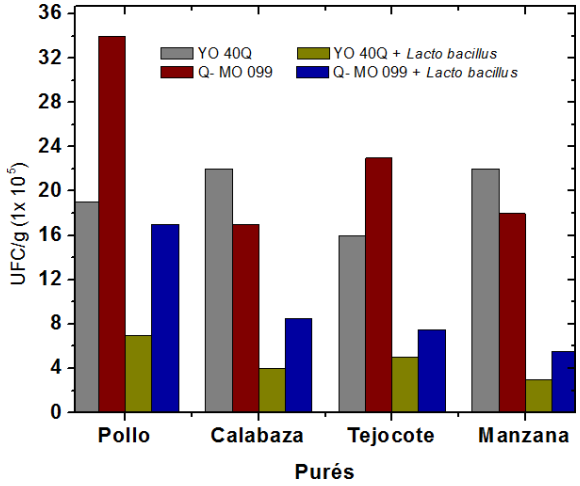


Fig. 1. Contenido de UFC/g para cada formulación propuesta.

La Fig. 1, muestra el contenido de UFC/g para cada formulación. Se resalta que en carne de pollo la cepa Q MO 099 fue superior que las demás y la cepa YO 40Q adicionadacon *Lacto bacillus* fue menos favorecida. En general todas lasformulaciones se mantuvieron en nivel adecuado de UFC/g necesarias para aportar microrganismos benéficos la consumo en productos diferentes a los productos lácteos tradicionales.

Conclusión. Sensorialmente la cepa mejor evaluada fue la QMO 099 y de los productos mejor calificados fue el quecontiene tejocote. El contenido de UFC/g después de los 30 día de haber elaborado las muestras se mantiene en condiciones terapéuticas. En general las cepas individuales expresaron mejores cantidades de UFC/g.

Agradecimiento. Proyecto con clave 10015.21-P financiado por Tecnológico Nacional de México en su convocatoria 2021.

Bibliografía

Narváez B. L., Cruz M. A., Hernández F., Flores M. I. M., Martínez D. G., Rangel S. C. (2017). Selección de bacterias ácido lácticas del queso artesanal de leche de cabra de Coahuila para su uso como cultivos iniciadores. *Investigación y Ciencia de la Universidad Autónoma de Aguascalientes*, *25*(72), 45-52.

MONOÉSTER DE LACTULOSA COMO INHIBIDOR EN LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS

Luis Felipe Chávez-Flores[1], Gloria Díaz-Ruiz[2], José Fausto Rivero-Cruz[3], Carmen Wacher[2], Dolores Reyes-Duarte[4] [1]Posgrado en Ciencias Naturales e Ingeniería, UAM-Cuajimalpa; [2] Depto. de Alimentos y Biotecnología, Fac. de Química, UNAM; [3] Depto. de Farmacia, Fac. de Química, UNAM; [4]Depto. de Procesos y Tecnología, UAM-Cuajimalpa. dreyes@cua.uam.mx

Palabras clave: Monolaurato de lactulosa, biopelícula, inhibición

Introducción. Una de las ventajas más importantes de los microorganismos cuando forman una biopelícula es la protección ante agentes antimicrobianos. Por esta razón, reducir o inhibir la capacidad de formación de biopelículas es una característica importante en la búsqueda, investigación y desarrollo de nuevos agentes para combatirla resistencia de los microorganismos. Un ejemplo son los ésteres de azúcares, las cuales son moléculas con excelentes propiedades emulsificantes y antimicrobianas que se pueden sintetizar dentro de una amplia gama de valores de balance hidrófilo-lipófilo (HLB) controlando la longitud de la cadena de ácidos grasos, el tipo de azúcar yel grado de esterificación. Esto les permite tener amplias aplicaciones en las industrias de alimentos, farmacéuticas,cosmética y de detergentes (1). En este trabajo se explora la capacidad de inhibición en la formación de biopelículas de los ésteres de lactulosa sintetizados enzimáticamente frente a diferentes bacterias presentes en alimentos y en lacavidad oral.

Metodología. Se trabajó con bacterias que tienen la capacidad de formar biopelículas (*L. monocytogenes* CFQ-103, culture collection, FQ UNAM, *P. aeruginosa* ATCC 27853 y *S. mutans* ATCC 10449), como medio de cultivo se utilizó BHI enriquecido con sacarosa al 2%, para estimular la formación de biopelícula y el 1-*O*- monolaurato de lactulosa sintetizado enzimáticamente (2) en diferentes concentraciones. El crecimiento de las bacterias se realizó en medio BHI- Sacarosa al 2% sobre una placa multipocillos en un volumen de 200 µL. Después de 24 h, se retiró el medio enriquecido y se lavó, la biopelícula se fijó con formaldehído y se coloreo con cristal violeta, donde se leyóa 565 nm. El 100% de adhesión fue tomado como laabsorbancia en el control sin tratamiento (3).

Resultados. Como se puede apreciar en la Tabla 1, el monoéster inhibe la formación de biopelículas de *S. mutans* y de *L. monocytogenes*, pero no de *P. aeruginosa*. En valores mayores a 500 µg/mL el porcentaje de inhibición dela biopelícula aumenta de un 92 a 99% y de 89 al 100% con
S. mutans y *L. monocytogenes* respectivamente. Por otro lado, a concentraciones por debajo de 500 µg/mL en *S. mutans* hasta 8 veces menos (31.25 µg/mL) hay una inhibición del 12% comparado con el control sin monoéster.Esto es importante ya que la formación de la biopelícula dental es fundamental en la vida bacteriana de *S. mutans*, proporcionando las condiciones óptimas para el funcionamiento del sistema de señalización entre las células estreptocócicas para facilitar el intercambio genético y generar factores de virulencia. Por lo que inhibir la formaciónde biopelícula, aunque no sea en un 100% es destacable. Mientras, con *L. monocytogenes* a concentraciones por debajo de 500 µg/mL hay una disminución del 62% al 9.5%. Este resultado lo podemos destacar ya que la adhesión microbiana y la formación de biopelículas son de gran importancia en la industria de alimentos y ocurre en una variedad de superficies de alimentos.

Tabla 1. Valores de inhibición de formación de biopelículas de bacterias presentes en alimentos y en la cavidad oral, usando al monoéster de lactulosa.

Conc.	% Inhibición de biopelícula		
µg/mL	*S. mutans ATTC*	**L. monocytogenes*	**P. aeruginosa*
4000	99	100	0
2000	95	99	0
1000	93	95	0
500	92	89	0
250	86	62	0
125	62	38	0
62.5	17	25	0
31.25	12	9.5	0

*Colección del cepario de la Fac. de Química, UNAM.

Conclusiones. Los ésteres mostraron efectividad en la inhibición de la formación de biopelículas frente a bacterias de cavidad oral y presentes en alimentos. Los monoésteres de laurato de lactulosa además de ser posibles emulsificantes dada su estructura química, también podrían ser utilizados como agentes antimicrobianos.

Agradecimientos. Al proyecto CB-2015-258385 y a la beca de doctorado 372441, ambos por parte del CONACyT.

Bibliografía.

Ferrer M *et al.* (2005) *Enz. Microb. Technol.* 36:391-398.

Chávez-Flores L *et al.* (2017) *Catalysts*, 7:263.

Hernandez *et al.* (2012) *Fitoterapia.* 83(3):527-531.

ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE LOS MONOÉSTERES DE LACTULOSA MEDIANTE EL EMPLEO DE CURVAS DE LETALIDAD CONTRA MICROORGANISMOS PRESENTES EN LA CAVIDAD ORAL Y EN ALIMENTOS

Luis Felipe Chávez-Flores[1], Gloria Díaz-Ruiz[2], José Fausto Rivero-Cruz[3], Carmen Wacher[2], Dolores Reyes-Duarte[4] [1]Posgrado en Ciencias Naturales e Ingeniería, UAM-Cuajimalpa; [2] Depto. de Alimentos y Biotecnología, Fac. de Química, UNAM; [3] Depto. de Farmacia, Fac. de Química, UNAM; [4]Depto. de Procesos y Tecnología, UAM-Cuajimalpa.
dreyes@cua.uam.mx

Palabras clave: *Ésteres de lactulosa, antimicrobiano, Listeria monocytogenes.*

Introducción. Los ésteres de azúcares son moléculas con excelentes propiedades emulsificantes y antimicrobianas, teniendo amplias aplicaciones en las industrias de alimentos, farmacéuticas, cosmética y de detergentes (1). La actividad antibacteriana de estas moléculas ha sido extensivamente estudiada, se han estudiado bacterias, Gram positivas y Gram negativas, así como hongos (2), un ejemplo de estudio antimicrobiano son las curvas de letalidad, estas proporcionan información importante sobre la dinámica de la acción microbicida de un antimicrobiano y sobre la relación entre la concentración de antimicrobiano ysu actividad microbicida. El objetivo de este trabajo es el estudio de la capacidad bactericida con respecto al tiempode un monoéster de lactulosa sintetizado enzimáticamenteutilizando curvas de letalidad.

Metodología. El análisis de las curvas de letalidad serealizó con el 1-*O*-monolaurato de lactulosa sintetizadoenzimáticamente en el laboratorio de Biotecnología de la UAM-Cuajimalpa (3) frente a *S. sanguinis* CFQ-201, culturecollection, FQ UNAM, *S. oralis* CFQ-205, culture collection,FQ UNAM, *L. innocua* CFQ-2, *L. monocytogenes* CFQ-103,culture collection, FQ UNAM y *P. aeruginosa* ATCC 27853.El ensayo se hizo por microdiluciones en una placa multipocillo con un volumen de 200µL, se analizaron concentraciones de monoéster desde 4 mg/mL hasta 1.9 µg/mL. Se incubó a 37° durante 24 h, las lecturas seefectuaron cada hora desde la 1ª y la 8ª h y de 12 h a 24 hen un lector de placas a 570 nm (4).

Resultados. La determinación de la actividad antimicrobiana del monolaurato de lactulosa frente *Listeriamonocytogenes* se aprecia en la fig. 1. Las gráficas muestran el crecimiento de la bacteria a concentraciones por arriba de la concentración mínima inhibitoria (CMI) (0.5mg/mL) y por debajo de esa concentración. A concentraciones mayores que la CMI se observó un nulo aumento en la D.O comparado con el control sin monoéster, lo que sugiere que el laurato de lactulosa logróinhibir el crecimiento de las bacterias estudiadas. A concentraciones debajo de la CMI, se observa un decremento en la D.O. lo que nos sugiere que inhibió parcialmente el crecimiento. En todas de las bacterias Grampositivas estudiadas se observó estecomportamiento. Sin embargo, al analizar el crecimiento de *P. aeruginosa* (una bacteria Gram negativa no inhibida por el monoéster) se observa un crecimiento lento y a las 23 h hay un crecimiento menor comparado con el control sin monoéster a concentraciones por arriba de 0.5 mg/mL.

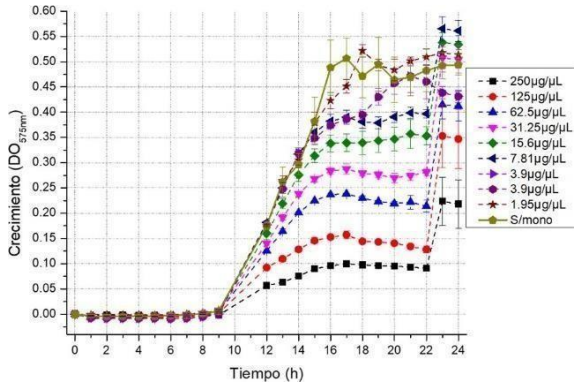


Fig. 1. Curvas de letalidad de monolaurato de lactulosa frente a *Listeria monocytogenes* a diferentes concentraciones a concentraciones por debajo de 0.5 mg/mL.

Conclusiones. Al analizar las curvas de letalidad de los monoésteres con las 6 bacterias estudiadas observamos queen las bacterias Grampositivas a mayor concentración del monolaurato de lactulosa, mayor es la inhibición durante un periodo de 24 h, al contrario de la bacteria Gramnegativa donde el monoéster solamente logra inhibir el crecimiento a concentraciones por arriba del 0.5 mg/mL. Este trabajo abre la puerta a una posible aplicación más de los monoésteres delaurato de lactulosa, que además de tener propiedades emulsificantes, dada su estructura química, también podríanser utilizados como agentes antimicrobianos en los alimentos y en productos de cuidado bucal.

Agradecimiento. Al proyecto CB-2015-258385 y a la beca de doctorado 372441, ambos por parte del CONACyT.

Bibliografía.

Reyes-Duarte *et al.* (2005) *Biocatal. Biotransformation.* 23: 19-27.

Ferrer M, Soliveri J, Plou FJ, López-Cortés N, Reyes-Duarte D, ChristensenM, ... & Ballesteros, A. *et al.* (2005) *Enz. Microb. Technol.* 36:391-398.

Chávez-Flores L, Beltran HI, Arrieta-Baez D & Reyes-Duarte D (2017) *Catalysts*, 7:263.

Balouiri M, Sadiki M & Ibnsouda SK (2016) Journal of pharmaceutical analysis, 6(2), 71-79.

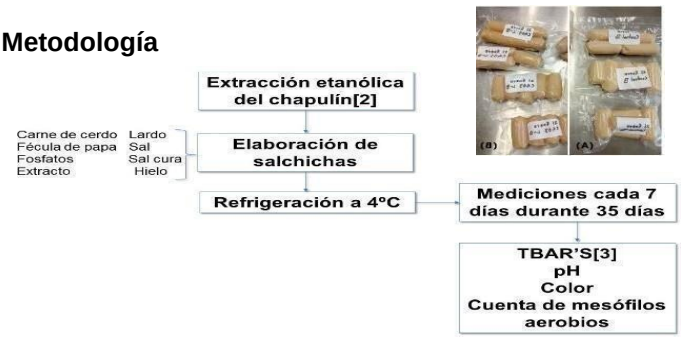
ESTUDIO DEL EFECTO ANTIOXIDANTE Y ANTIMICROBIANO DEL EXTRACTO DECHAPULÍN (*SPHENARIUM PURPURASCENS*) EN SALCHICHAS

Berenice Cuaxospa-Xolalpa, Héctor B. Escalona-Buendía, Yenizey Merit Álvarez-Cisneros*
Departamento de Biotecnología, DCBS, Universidad Autónoma Metropolitana – Iztapalapa, San Rafael Atlixco #186 Colonia Vicentina, CP 09340, Ciudad de México, México,
acym@xanum.uam.mx

Palabras clave: Chapulín, oxidación lipídica, salchichas

Introducción. Se ha estudiado el poder antioxidante y antimicrobiano en una gran diversidad de extractos deplantas, por ejemplo, el extracto de hojas de olivo, sesamoyácido elárgicolos los cuales reducen la oxidación lipídicaen salchichas crudas y cocidas de cerdo [1]. Pero hay muy pocos estudios del uso de extractos de insectos en alimentos, aunque ya se ha demostrado "*in vitro*" que presentan una alta concentración de polifenoles y actividadantioxidante [2]. Por lo que el objetivo de este trabajo es evaluar la capacidad antioxidante y antimicrobiana del extracto etanólico de chapulín (EEC) ensalchichas duranteel tiempo de almacenamiento.

Metodología



Resultados. En la figura 1 se observa que ambas muestrastienen una tendencia similar en el tiempo, en el día 14 se encuentra el punto máximo, teniendo un mayor contenido de malondialdehído en el control. Estos resultados indican que el EEC realizó una reducción en el proceso de oxidación de las salchichas, aunque después del día 25 nohay diferencia entre los tratamientos.

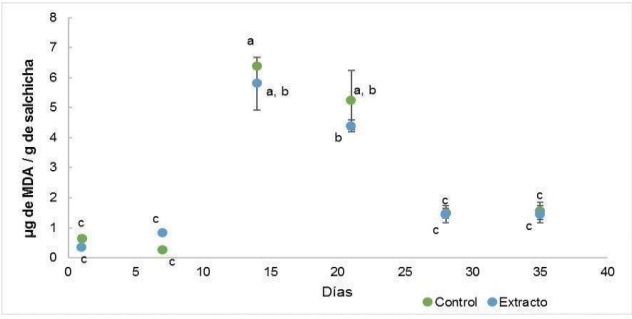


Fig. 1. Contenido de malondialdehído en las salchichas durante35 días de almacenamiento. Las letras diferentes representan diferencia significativa entre los tratamientos (p<0.05).

Los datos obtenidos con respecto al color CIELAB* muestran diferencia significativa en la luminosidad, ya que la muestra con extracto fue más opaca (L*44.92 ± 0.13) que el control (L* 50.29 ± 0.00. Las muestras con extracto tienden a tonalidad amarilla en comparación con el control y la adición delextracto confiere color de forma natural por las melaninaspresentes en el chapulín.El pH se mantuvo constante para ambos tratamientos hasta el día 21 y se observaron diferenciassignificativas ($p<0.05$) entre los tratamientos,y los pH´s más altos se tienen en las muestras con el extracto (figura 2). En losdías 28 y 35 disminuye el pH para ambos tratamientos, sin embargo las muestras con extracto presentan pH similares al control en al día 1. El efecto de la acidificación se puede deber a la presenciade bacterias ácido lácticas [4]. Con respecto al crecimiento de mesófilos se observa que el tratamiento con el extracto tiene menor carga microbiana que el control, y a partir del día 7 y hasta el 14 se observa una disminución de 1.5 log teniendo una diferencia significativa con respecto al control ($p<0.05$), lo cual demuestra que el extracto es capaz de retrasarel crecimiento microbiano.

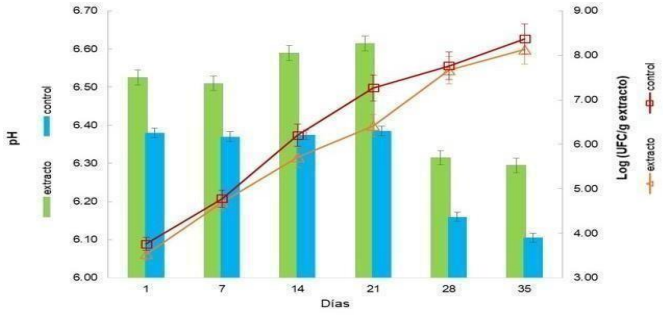


Fig. 2 Comportamiento del pH y cuenta total de mesófilosaerobios en salchichas con EEC y el control

Conclusiones. El extracto de chapulín puede ser incorporado como aditivo en la formulación de productos cárnicos, ya que proporciona color y permite la disminución de la cuenta de mesófilos aerobios, además retrasa la oxidación lipídica del producto. Por lo que se deben seguir realizando pruebas para poder realizar combinaciones conotros aditivos naturales y obtener algún efecto sinérgico.

Bibliografía.

Hayes, J. E., Stepanyan, V., Allen, P., O'Grady, M. N. y Kerry, J. P. (2010). *LWT-Food science and technology,* 44, 164-172.

Mendoza, D., Salgado, M. y Durant, L. (2013). *Revista Cubana deInvestigaciones Biomédicas*, 32(4), 402-410.

Calderón, M., Escalona, H., Medina, O., Pedraza, J., Pedroza, R., Ponce, E. (2016). *LWT - Food Science and Technology*, 65, 46-52.

Gelabert, J., Gou, L., Guerrero, L., Arnau, J. (2003). *Meat Science*,65, 833-839.

EVALUACIÓN DE LA ACEPTABILIDAD SENSORIAL DE SALCHICHAS ELABORADAS CONEXTRACTO DE CHAPULÍN (*SPHENARIUM PURPURASCENS*) COMO ANTIOXIDANTE

Berenice Cuaxospa-Xolalpa, Héctor B. Escalona-Buendía, Yenizey Merit Álvarez-Cisneros* Departamento de Biotecnología, DCBS, Universidad Autónoma Metropolitana – Iztapalapa, San Rafael Atlixco #186 Colonia Vicentina, CP 09340, Ciudad de México, México, acym@xanum.uam.mx

Palabras clave: Chapulín, escala hedónica, salchichas

Introducción. La utilización de antioxidantes naturales enla industria alimentaria ha ido en aumento, como ejemplo se tiene extracto en polvo de té verde y de romero los cuales tienen una aceptabilidad positiva por un panel de jueces, reduciendo la oxidación lipídica y proteica de salchichas de cerdo [1]. En el presente estudio se evaluó el efecto en las propiedades sensoriales de salchichas elaboradas con un extracto antioxidante de chapulín.

Metodología



Resultados. En la evaluación participaron 95 personas de entre 11 y 55 años de los cuales 61% corresponden a mujeres y el 39% a hombres. De las cuales, el 31% consumen salchichas de 2 a 3 veces por semana mientras que el 69% consumen salchichas una vez al mes. Primordialmente el 54% de los consumidores conocen salchichas de carne de pavo, el 37% de carne de cerdo y el 9% de carne de res. En la figura 1 se muestran las frecuencias de agrado general de los diferentes tratamientos.Los tratamientos E1 y C1 no muestran diferencia significativa ($p<0.05$) y tienen la misma aceptabilidad de "me gusta poco",con una media de agrado de 4.46 y 4.40, respectivamente. Pero si son significativamente diferentes a C8. Por otra parte, ambas formulaciones disminuyen su aceptabilidad en el transcurso del tiempo con una media de agrado de 3.64, paraC8 y 3.91 para E8 que representan "ni me gusta ni me disgusta". Con base en estos resultados los porcentajes de aceptabilidad son: E1 con 51.58%, C1 con 50.53%, E8 con 37.89% y C8 con 32.63%. Con estos resultados se puede inferir que el extracto de chapulín no fue percibido por los consumidores, y después de 8 días de almacenamiento tienemejor aceptación que el control. En la figura 2 se identificaron
4 grupos de consumidores mediante la aplicación de la Clasificación Ascendente Jerárquica para los datos de aceptación general.

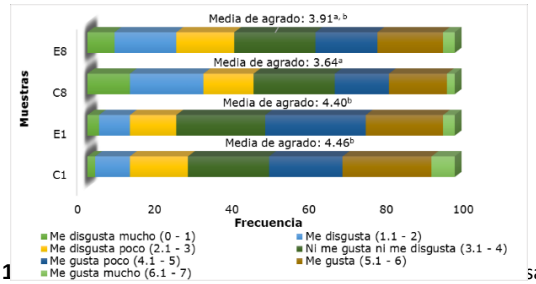


Figura 1 salchichas evaluadas. Las letras diferentes en superíndice representan diferencia significativa ($p<0.05$).

El primer grupo se conformó con 24 consumidores, elsegundocon 20, el tercero con 29 y por último el cuarto con 22. En el mapa de preferencia se puede observar como el grupo 2 y 3 prefieren la salchicha fresca con extracto, y el grupo 4 la salchicha sin extracto, mientras que el grupo 1 prefiere más lasalchicha control con 8días de preparación. Por otra parte los atributos que describen a la salchicha con extracto de acuerdo a los consumidores son sabor y olor característico a herbal, a pesar de que no se incorporaron especias.

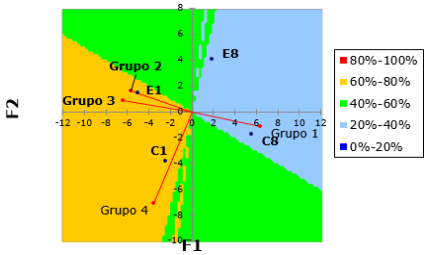


Figura 2. Mapa de preferencia y diagrama de control entre las muestras y las agrupaciones de los consumidores.

Conclusiones. Las salchichas elaboradas con el extracto de chapulín tienen la misma aceptabilidad que el control, y atributos a especias, sin embargo no se observó una buena aceptación con el tiempo de almacenamiento, lo que puede indicar que las notas de sabor por oxidación siguen presentesaunque en menor proporción. Se recomienda reformular la salchicha con extracto para mejorar el agrado de los consumidores.

Bibliografía.

Jongberg, S., Torngren, M. A., Gunvig, A., Skinbsted, L. H. y Lund,M. N. (2013), *Meat Science*, 93, 538-546.

Mendoza, D., Salgado, M. y Durant, L. (2013). *Revista Cubana de Investigaciones Biomédicas*, 32(4), 402-410.

MÉTODO MICROBIOLÓGICO EN PLACA PETRI PARA EL CRIBADO DE ANTIBIÓTICOS QUE SE PRESENTAN RESIDUALMENTE EN LA LECHE

Ivonne Barrera Jiménez[1],Rodolfo Alberto Perea Cantero.[1], Rosa Bertha Perea Rodríguez.[2] [1]División deCiencias Biológicas y de la Salud, UAM-Xochimilco. CDMX, Coyoacán, 04960. [2]Facultad de medicina UNAM, CDMX, Coyoacán C.P. 04510 México.

Palabras clave: Microbiología, antibióticos, leche

Introducción. Se establecieron límites máximosresiduales (LMR). Así, para evidenciar residuos de antibióticos, en losalimentos de origen animal. El primer paso consiste comúnmente en un cribado amplio para detectar tantos antibióticos como sea posible. Esta proyección es generalmente realizada por métodos microbiológicos. Algunos de estos métodos ya han sido descritos por otros autores, métodos para productos cárnicos (1) así como otros para la leche (2). Estas técnicas se basan en la diversa susceptibilidad de las bacterias a diferentes antibióticos(3). Por tanto, el objetivo de este trabajo consistió en una propuesta y validación de laboratorio deun método microbiológico para el cribado de antibióticos que Se presentan residualmente en la leche.

Metodología. Se utilizaron los siguientes cuatro medios decultivo: agar de prueba a pH 6, agar de prueba a pH 7,2, agar de prueba a pH 8 (Merck) y se aplicó pruebas **de** susceptibilidad a los medicamentos mediante cultivos (**DST**). (Oxoid) Los medios seprepararon según lo recomendado por el proveedor, se esterilizaron. Y posteriormente se inocularon cinco organismos de prueba en los cinco diferentes Medios microbiológicos de cultivo. Inmediatamente, se agregaron 5ml de medio inoculado. Y se validó el método microbiológico en placa Petri de 90 mmen frio, en superficie horizontal. La sensibilidad a esta prueba decinco placas, llamada Prueba de Detección paraResiduos de Antibióticos (STAR), se estableció mediante el análisis de muestras de leche enriquecidas con antibióticos en ocho concentraciones. Diez grupos diferentes de antibióticos fueron estudiados: macrólidos, aminoglucósidos, cefalosporinas, penicilinas, quinolonas, tetraciclinas, sulfonamidas, lincosamidas, fenicoladas y diversas drogas.

Resultados. Se detectaron 21 antibióticos por el protocolo STAR en o por debajo del máximo límite de residuos (LMR), y que otros 27 medicamentos podrían ser detectado a niveles desde el LMR hasta cuatro veces el LMR. La sensibilidad del protocolo STAR estaba en o pordebajo del LMR para tres macrólidos,

una tetraciclina, dos aminoglucósidos, algunas sulfonamidas, la mitad de los betalactámicos, quinolonas, lincosamidas, trimetoprim y baquiloprim. Además, el protocolo STAR en este estudio era al menos dos veces más sensible que los métodos convencionales para macrólidos, quinolonas y tetraciclinas.Cada placa resulto preferentemente sensible para una o dos familias de antibacterianos: la placa *Bacillus cereus* para tetraciclinas, la placa *Escherichia coli p*ara quinolonas, la placa *Basillus subtilis* para aminoglucósidos,la placa de *Kocuria varians* para macrólidos, y el plato Bacillus *stearothermophilus* para sulfonamidas y betalactámicos.

Conclusiones. Este método se puede utilizar de forma rutinaria en el día a día para la confirmación fisicoquímicahacia una o dos familias de antibióticos.

Bibliografía.

1. Bogaerts R, Wolf F 1980 : Un método estandarizado para la detección de residuos de sustancias antibacterianas en carne fresca - CEE (Comunidades Europeas). Fleischwirtschaft 60 : 667

–675.

2 Althaus, R.L., Molina, M.P., Peris, C., Torres, A., Fernández, N., Beltrán, M.C. 2003b. “Accurancy of BRT and delvotest microbial inhibitor test as affected by composition of ewe´s milk”. Journal of Food Protection, 66: 473-478.

3. FIL-Fration Interinationale du Lait. 2014. “Detection of inhibitors and antimicrobial residues in milk and diary productos by screening methods-Guidance on preparation of the test portion”. Bulletin of the International Diary Federation, 471.

CARACTERIZACIÓN DEL GÉNERO ENTEROCOCCUS EN MUESTRA DE QUESO DURO ARTESANAL DE MICHOACÁN PARA JUNTAMENTE CON BACTERIAS ÁCIDO-LÁCTICAS SEANPARTE DE UN CULTIVO INICIADOR

Ivonne Barrera Jiménez[1],Rodolfo Alberto Perea Cantero.[1], Rosa Bertha Perea Rodríguez.[2] [1]División de Ciencias Biológicas y de la Salud, UAM-Xochimilco. CDMX, Coyoacán, 04960. [2]Facultad de medicina UNAM, CDMX, Coyoacán C.P. 04510 México.

Palabras clave: Lactobacilos, queso duro artesanal, cultivo iniciador

Introducción. El queso duro artesanal de Michoacán esun producto elaborado con leche cruda y mínimas condiciones higiénicas estas condiciones hacennecesario identificar la flora autóctona de este tipo de queso(1) para formular un cultivo iniciador que permita obtener un producto final con características organolépticas similares al producto artesanal pero seguro higiénicamente(2). Por tanto, el objetivo del presente estudio fue aislar bacterias del género Enterococcus presentes en una muestra de queso duro artesanal de Michoacán.

Metodología. Se aislaron 15 cepas pertenecientes al género Enterococcus. Se realizaron pruebas confirmatorias para el género, descartando 8 cepas que no reunían las características del género, conservándose 7 que cumplían con las características exigidas que fueron denominadas: E1, E2, E4, E5, E7, E11 y E14. De las cepas seleccionadas se escogieron cuatro cepas entre las que se encontraban las mejores acidificadoras de la leche, y además que fueran compatibles con cepas de Lactococcus y Lactobacillus aisladas con anterioridad a partir de un queso duroartesanal de Michoacán. Con las cepas de Enterococcus así como con las de Lactococcus y Lactobacillus, se prepararon diferentes mezclas para su posterior uso como cultivos iniciadores(3) en la elaboración de un queso de pasta dura elaborado con leche pasteurizada, para obtener un producto con características similares alqueso duro artesanal michoacano, pero con los beneficios higiénicos de la leche pasteurizada y una flora bacteriana conocida.

Resultados.

Se aislaron aquellas bacterias consideradas como ácidolácticas por ser las de interés para crear cultivos iniciadores, el aislamiento se dirigió a detectar la presencia de Lactococcus, Lactobacillus y Enterococcus(TABLA I).

Tabla 1. Población De Microorganismos En Queso Muestra.

Medio selectivo	Microorganismo aislado	UFC/g muestra	Aspecto de la colonia
MRS	lactobacilos	4.6 x 10^5	Lisa, cremosa, blanca (1-2mm)
Elliker	Lactococos	4.0 x 10^5	Lisa, cremosa, blanca (1-3mm)
PCA	Gérmenes totales	10 x 10^5	Formas, colores y tamaños diversos
KF	enterococos	7.0 x 10^5	Lisa, cremosa, color crema, (1-2mm)

La población de colonias contadas en las placas de medios diferenciales para lactobacilos, lactococos y enterococos mostraron una proporción de 1:1:2 respectivamente, se resolvió que el co-cultivo del fermento iniciador a ser empleado en la elaboración de los quesos debería manteneresta proporción y compatibilidad entre sí y también conLactococcus M6 y Lactobacillus M2 escogidas por ser buenas acidificadoras y por contribuir a producir un queso duro experimental equivalente al artesanal. En el análisis sensorialsobre sus características tales como: textura, aroma y buen sabor. Las muestras que recibieron mejores comentariosfueron las realizadas con la mezcla de la cepa E11 que, los califica buenos, por encima del queso artesanal.

Conclusiones. Los quesos experimentales, obtuvieron gran aceptación de degustación bajo condiciones higiénicas adecuadas utilizando enterococos como co-cultivo, lograndoun producto con buen gusto y aceptación.

Bibliografía.

Elena Quillama Polo , Liz Cruz Pio y Ginger Gandolfo Navarro. Selection and characterization of native enterococcus strains with antimicrobial potential isolated from artisanal manufactured cheeses. Ecología Aplicada, 19(1), 2020.

Barefoot S.F. & Klaenhammer T.R. 1983. Detection and activity of lactacin B, a bacteriocin produced by Lactobacillus acidophilus. Applied and Environmental Microbiology, 45(6): 1808-1815. URI: https://aem.asm.org/content/45/6/1808; https://aem.asm.org/content/aem/45/6/1808.full.pdf

Aspri M., O'Connor P.M., Field D., Cotter P.D., Ross P., Hill C. & Papademas P. 2017. Application of bacteriocinproducing Enterococcus faecium isolated from donkey milk, in the bio-control of Listeria monocytogenes in fresh whey cheese. International Da.

FIJACIÓN BIOLÓGICA DE NITRÓGENO EN UN ALIMENTO A BASE DE MAÍZ

Jocelin Rizo[1], Daniel Guillén, Carmen Wacher-Rodarte[2], Sergio Encarnación-Guevara[3], Romina Rodríguez- Sanoja[1]. [1]Departamento de Biología Molecular y Biotecnología. Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. [2]Departamento de Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química, UNAM. [3]Centro de Ciencias Genómicas, UNAM.
romina@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: Pozol, Fijación de nitrógeno, diazótrofos

Introducción. El pozol es una bebida preparada con masade maíz nixtamalizada y fermentada, se consume en el sureste de México como bebida refrescante a cualquier hora del día, mientras que para algunas poblaciones ruralesel pozol es la base de la dieta diaria (1). Este alimento destaca por una mayor concentración en algunos aminoácidos esenciales, vitaminas, nitrógeno total y proteína en comparación con el maíz que se utiliza para su elaboración (2).

En trabajos previos se ha hipotetizado que el aumento en la concentración de nitrógeno total es el resultado de la fijación de nitrógeno atmosférico, así el objetivo de este trabajo fue demostrar fehacientemente la fijación de nitrógeno en el pozol e identificar a las bacterias responsables de dicho fenómeno.

Metodología. La fermentación del pozol se siguió durante 48 h a 37 °C. Se tomaron muestras a las 0, 9, 24 y 48 horasy se realizó el análisis proximal de las muestras según el método oficial de la AOAC (1990). La actividad nitrogenasase determinó mediante el ensayo de reducción de acetilo (ARA). De las distintas muestras de pozol, se aislaronbacterias fijadoras de nitrógeno en dos medios de cultivo carentes de nitrógeno (MMK y MMp/299), se cuantifico su actividad nitrogenasa y las bacterias positivas se identificaron mediante secuenciación. Finalmente, se corroboro su capacidad de fijar nitrógeno inoculando una de las bacterias aisladas directamente en la masa de pozol.

Resultados. Dado que en el proceso de fermentación se puede perder algún porcentaje de carbono como CO_2,propusimos un marco matemático simple que acopla las entradas de nitrógeno con las salidas de carbono a través de la respiración para eliminar el sesgo que esta pérdida podría tener sobre el aumento de nitrógeno. El mayoraumento en la concentración de nitrógeno y proteína se observó durante las primeras 9 h de fermentación, alcanzando un incremento del 10%. Para corroborar que el aumento de nitrógeno es producto de la fijación biológica, se midió la actividad nitrogenasa directamente en las muestras de pozol disueltas en agar semisólido. En todos los casos se encontró producción de etileno, con un máximo en la muestra fermentada por 24 h (Fig. 1A).

De manera simultánea se realizó el aislamiento de bacterias fijadoras en medios carentes de nitrógeno. Una vez corroborada la actividad nitrogenasa, las bacterias fueron agrupadas de acuerdo con sus características macro ymicroscópicas y se identificaron por secuenciación de los genes 16S rRNA y *nifH* como pertenecientes a los géneros *Kosakonia*, *Klebsiella* y *Enterobacter.*

Finalmente, para demostrar que los diazótrofos aislados erancapaces de fijar nitrógeno en la masa se inoculó uno de los aislados identificado como *Klebsiella variicola* en la masa de pozol, observándose claramente un aumento en la reducciónde acetileno respecto a la masa que no fue inoculada (Fig. 1B).

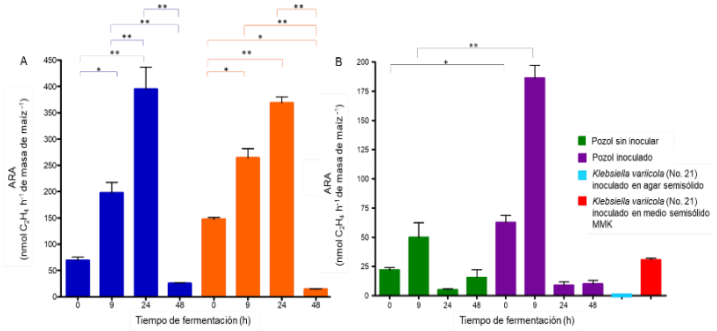


Fig. 1. (A) Actividad nitrogenasa en las distintas muestras de pozol. Azul: pozol inoculado en medio semisólido MMK; Naranja pozol inoculado en medio semisólido MMp/299. (B). Actividad nitrogenasa en muestras de pozol con diferentes tratamientos. Para las muestras inoculadas se usó *K. variicola* (10^7 UFC/g muestra).

Conclusiones. Se demostró la presencia de enterobacterias diazótrofas capaces de fijar nitrógeno atmosférico en pozol, lo que demuestra la importancia de la fermentación en los alimentos tradicionales ya que mejora el valor nutricional de las bebidas y alimentos fermentados. Este trabajo demuestra la importancia ecológica y funcional que pueden tener estas bacterias en las fermentaciones alimentarias e invita a reevaluar la presencia de estos géneros como un elemento que enriquece el valor nutricional de la masa.

Agradecimiento. Jocelin Rizo es estudiante del Programa de Doctorado en Ciencias Biológicas (UNAM), contó con elapoyo de una beca personal de Conacyt México. Este proyecto fue financiado por UNAM-DGAPA IN223917 e IN216419.

Bibliografía.

Wacher C, Cañas A, Bárzana E, Lappe P, Ulloa M, Owens JD. (2000). *Food Microbiol*. 17:251–256.

Cravioto O, Cravioto G, Massieu H, Guzman J. (1955). *Ciencia*. 15:27-30.

Association of Official Analytical Chemists (AOAC). (2000). Official method 992:23. In Horwitz W(ed) Official methods of analysis of AOACInternational, 17th ed AOAC. International, Gaithersburg,MD.

POTENCIAL PROBIÓTICO DE BACTERIAS ÁCIDO-LÁCTICAS AISLADAS DE GRÁNULOS DEKÉFIR DESARROLLADOS DE FORMA CASERA

Abigail Carrillo[1], José Adelfo Escalante[2], Martha Giles-Gómez[1], U.N.A.M, Facultad de Química[1], Instituto deBiotecnología[2], Ciudad de México,04510.
margiles@quimica.unam.mx

Palabras clave: Probiótico, kéfir, fermentación

Introducción. El Kefir es un alimento ácido láctico fermentado producido a partir de la fermentación de lechecon gránulos de kéfir (1) que presentan una fuente naturalde probióticos y puede digerirse fácilmente;estos tienen una composición microbiológica compleja, crecen yproducen enzimas y otros elementos biogénicos que causan cambios fisicoquímicos en el medio que se encuentran (2). Es importante mencionar que los microorganismos comunes aislados de granos de kéfir en distintas regiones tienen diferencias (3).

En relación con lo antes mencionado, a partir de losgránulos de kéfir multiplicados caseros en este proyecto, se aislarán las bacterias lácticas y se examinarán sus características para evaluar su potencial probiótico.

Metodología. Los gránulos de Kéfir se obtuvieron de un cultivo casero proveniente del centro de Xochimilco, México. Se incubaron con leche UHT por 24 h/ 28 °C y separados de la leche por filtración y lavados con disolución salina isotónica. La concentración de bacteriasácido lácticas (BAL) se determinó por vertido en placa en agar MRS suplementado con cicloheximida 1.4% m/v e incubadas por 48 h a 28ºC y 37°C. Se aislaron y purificaron

60 colonias Gram-positivas. Para cada colonia desarrollada en caldo APT, se determinó *in vitro* la resistencia a lisozima [7 mg/mL], con 30 min y 1 hora de exposición por cuenta en placa en agar MRS. El desarrolloen caldo APT ajustado a pH 3.5 y/o con sales biliares al 3% m/v fue determinado por cuenta microscópica. A partir de estos datos se calculó el % de sobrevivencia (%S). Seevaluó el efecto antagónico de las BAL más resistentes contra *S.* Typhimurium ATCC 14028 y *L. monocytogenes* mediante un ensayo de antibiosis a 37°C/ 24h determinándose el diámetro de halo generado. Laidentificación de las cepas se realizó mediante la secuenciación del gen ribosomal 16S, y realizando un BLASTn con las secuencias del GenBank albergado en laplatarforma del NCBI.

Conclusiones. Los gránulos de kéfir están formados por una gran diversidad de BAL Gram-positivas las cuales están íntimamente relacionadas, lo que las hace un consorcio difícil de separar. Las BAL evaluadas presentantolerancia a lisozima 7 mg/mL, pH 3.5 y sales biliares al 0.3%, sin embargo, ocho de las colonias presentaronmejor resistencia a estas condiciones y tres de ellas generaron inhibición del crecimiento de *S.* Typhimurium ATCC 14028 y *L. monocytogenes* por lo que es posible que sean probióticas, por ello se realizó su identificación. Sin embargo, es necesario evaluar su potencial antagónico contra otros microorganismos, resistencia a antibióticos y probablemente ensayos *in vivo*.

Resultados

Tabla 1. Concentración de BAL en pH 3.5 y sales biliares y ensayo de antibiosis de BAL contra *S.* Typhimurium ATCC 14028 y *L. monocytogenes.*

Colonia	%S pH 3.5	%S 0.3% sales biliares	%S Sales biliares a partir de pH 3.5	Halo (mm) S. Typhimurium ATCC 14028	Halo (mm) L. monocytogenes	%S Lisozima
8	137.8	243	1156	10	10	20
22	48.16	211	750	-	-	-
26	65.9	712	4545	16	13	40
37	55.1	764.7	1666	-	-	-
40	107.9	615.2	1378	13	12*	30

Tabla 2. Resultados de la dentificación de bacterias mediante el gen16s con mayor %identidad.

Colonia	Resultado de identificación	% identidad	Expectancia	Clave GenBank
8	*Lactobacillus* sp.	98.85	0.0	MT116073.1
22	*Lactobacillus* sp.	98.83	0.0	MK491611.1
26	*Lentilactobacillus kefiri*	97.83	0.0	MT613704.1
37	*Lentilactobacillus sunkii*	99.34	0.0	KT887245.1
40	*Staphylococcus* sp.	97.90	0.0	KY385273.1

Agradecimientos. Proyecto financiado por PAPIME-DGAPA-UNAM PE203821. Agradecemos el apoyo técnico de los Q.F.B. Alejandro Camacho Cruz y Q.F.B. María AntonietaSilva Chávez.

Bibliografía.

Prado, M., Blandon; L., Vandenberghe, L., Rodrigues, C., Castro, G., Thomaz-Soccol, V., & Soccol, C., (2015). *Frontiers in Micr*. (6) 1177: 1-10.

Falcao de Lima, M., Soares de Souza, K., Campos, W., Couto, J., Holanda, M., Figueiredo, A. (2017). *Microbial Pathogenesis*. (110): 670-677.

Gao, X., Li, B., (2016). *Cogent Food and Agriculture*. (2):1-10.

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO Y SENSORIAL DE UNA POSIBLE BEBIDA FERMENTADAFUNCIONAL LÁCTEA CON PROPIEDADES PROBIÓTICAS OBTENIDA CON MICROOGRANISMOS AISLADOS DEL PULQUE

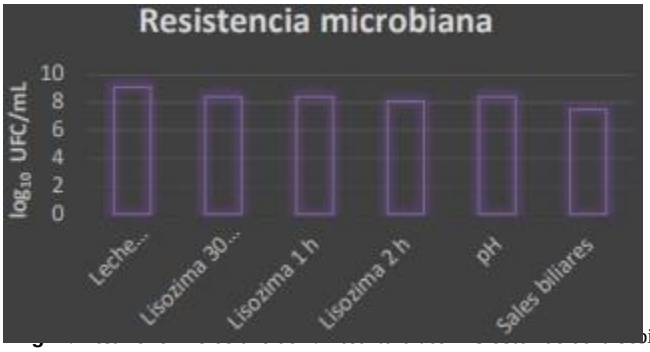
Gerardo Arturo Márquez Estévez[1], José Adelfo Escalante Lozada[2], Patricia Severiano Pérez[1], Martha Giles-Gómez[1],U.N.A.M, Facultad de Química[1], Instituto de Biotecnología[2], Ciudad de México,04510, margiles@quimica.unam.mx

Palabras clave: *Leuconostoc mesenteroides* P45, *leche fermentada, probiótico*

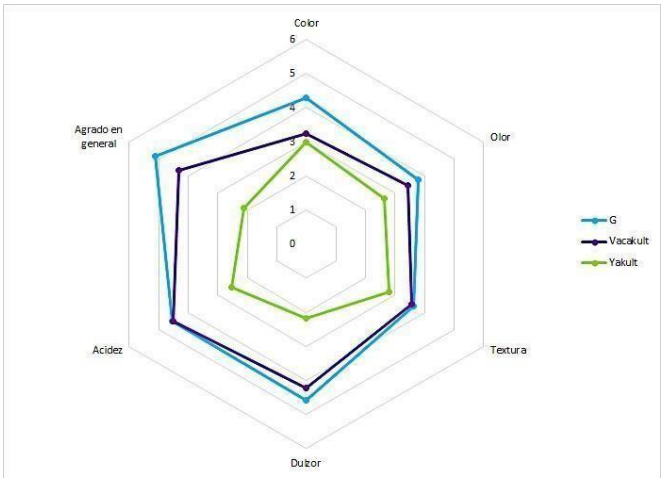
Introducción. Galicia (2020), desarrolló una leche fermentada con una base láctea grado laboratorio al 10% m/v, con la bacteria *Leuconostoc mesenteroides* P45. El producto, obtuvo resultados microbiológicos adecuados para una bebida con potencial probiótico. Sin embargo,durante la evaluación sensorial no resultó agradable. En este trabajo, se evaluó una nueva formulación con la mismacepa, pero se utilizó una base láctea comercial. Se determinó la estabilidad de las características probióticas del producto en la nueva matriz, así como el nuevo perfil sensorial desarrollado.

Metodología. *L. mesenteroides* P45 fue desarrollada a una DO_{600nm}=0.2 y se inoculó en la matriz láctea comercial e incubó por 24 h a 28ºC. Se evaluó el potencial probiótico determinando la concentración total del microorganismo enla leche fermentada (UFC/mL), se sometió a condiciones gastrointestinales *in vitro* en caldo APT con lisozima [7 mg/mL], pH 3.5 y sales biliares 0.3% m/v. Sensorialmente se sometió el producto a pruebas descriptivas y afectivas siendo comparado con productos presentes en el mercadoobteniendo un perfil FLASH.

Resultados. En la bebida láctea fermentada, la cepa utilizada para la elaboración de la leche fermentada pudo desarrollar en concentraciones superiores a las 10^7 UFC/mL (concentración requerida para ser considerado probiótico de acuerdo a la FAO/OMS, 2017), además de poder resistir *in vitro* a la lisozima y las condiciones intestinales evaluadas, como se muestra en la Figura 1. Además de generar halos de inhibición contra *S. Typhimurium* ATCC 14028 y *L. monocytogenes* (datos no mostrados). Sensorialmente, se obtuvieron mejoras a las observadas en esta nueva formulación, pero sin ser óptimas aún en el agrado general, aunque mejoraron respecto a la formulación desarrollada por Galicia (2020), así como en comparación del producto comercial más fuerte (Figura 2). **Conclusiones**. El estudio de la leche fermentada demostró haber tenido mejoras respecto desarrollado por Galicia (2020),pero aún siendo débil en comparación a productos ya establecidos en el mercado por lo cual aún pueden realizarse mejoras de la formulación empleando nuevos mejoradores quepermitan una aceptación mejor pero que no descuiden la estabilidad del microorganismo al ser añadidos.



bida láctea fermentada ante la presencia de lisozima (30 minutos, 1 y 2 horas), en condiciones depH 3.5 y sales biliares 0.3% después de 24 horas a 28ºC.

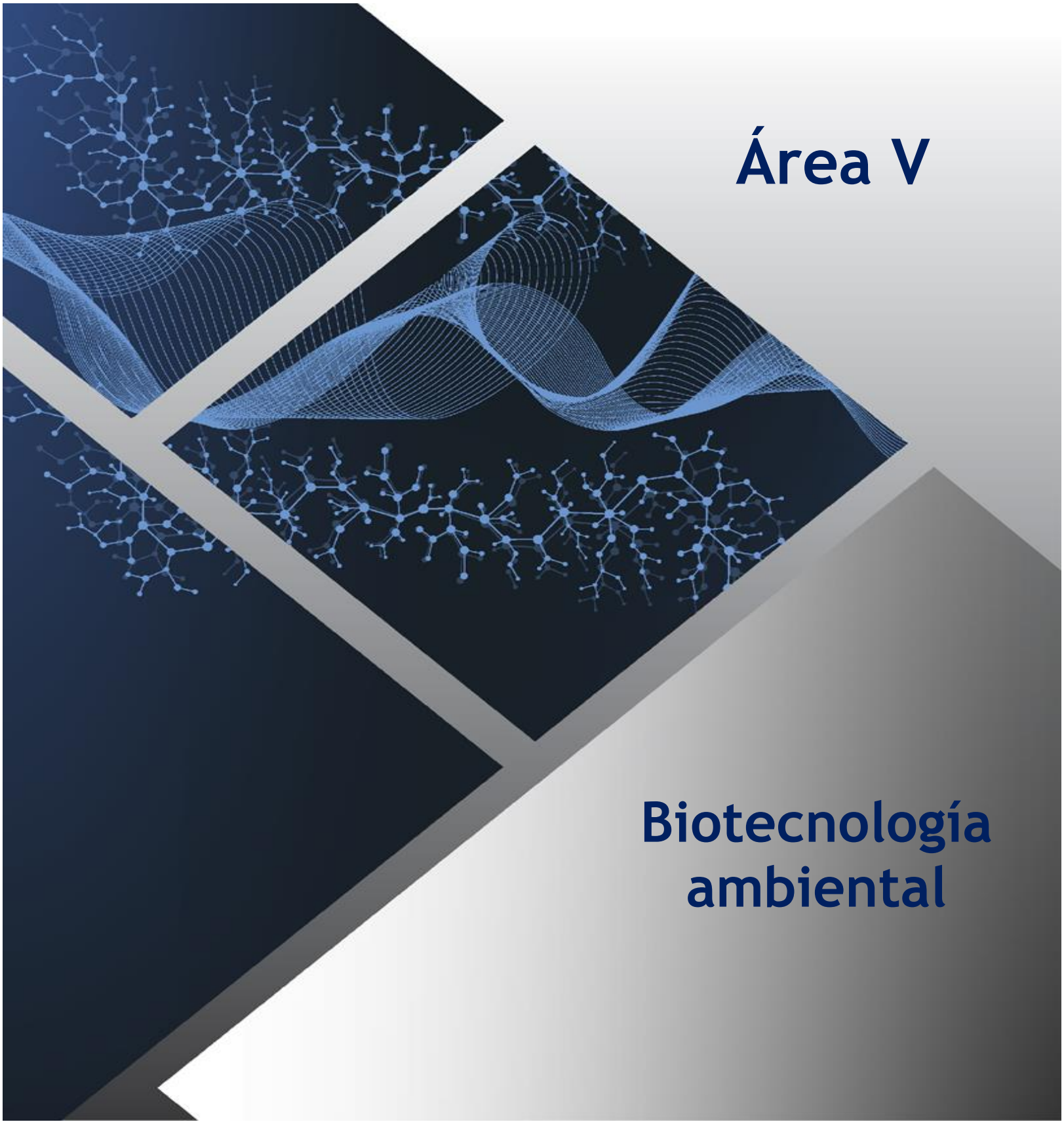


Agradecimientos. Se agradece el financiamiento y la Beca- Tesis a DGAPA- PAPIME-UNAM PE203821. Se agradece el apoyotécnico al Q.F.B. Alejandro Camacho Cruz y Q.F.B. María Antonieta Silva Chávez.

Bibliografía.

Galicia E. (2020). *Elaboración de bebidas lácteas fermentadas conlas cepas probióticas Leuconostoc mesenteroides* P45 *y Lactobacillus platarum* P46.

FAO/OMS (2017). Probióticos en alimentos. Propiedades saludables y nutricionales y directrices para su evaluación.



Área V

Biotecnología ambiental

Contenido

AISLAMIENTO, CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UNA BACTERIA MARINA CON ACTIVIDAD 2,3 EXTRADIOL DIOXIGENASA Y EXPRESIÓN HETERÓLOGA DE LA ENZIMA RESPONSABLE DE LA ACTIVIDAD
Karla Sofía Millán-López, Julieta Rodríguez Salazar, Liliana Pardo López 177

PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE RESIDUOS DE FRUTAS Y HORTALIZAS EN UN REACTOR ANAEROBIO DE FLUJO ASCENDENTE EMPACADO CON LECHO DE LODOS.
María Guadalupe Guijosa Ramírez, Areli Abigail Sánchez Rojas, María Monserrat Montes García, María Guadalupe Cosme Reyes, Sergio Esteban Vigueras Carmona 178

EL GOLFO DE MÉXICO COMO UNA FUENTE RICA EN BACTERIAS CON CAPACIDAD PARA DEGRADAR PLÁSTICOS
Nallely Magaña-Montiel, Arianna Soto-Hernández, Jorge Alexander Rojas, Arturo Martin Del Campo-Flores, Luis Felipe Muriel-Millán, Liliana Pardo-López 179

CONTAMINACIÓN POR PLÁSTICOS E HIDROCARBUROS EN RÍOS, ARRECIFES Y ARENA DE PLAYAS DEL ESTADO DE VERACRUZ Y PROPUESTA DE BIORREMEDIACIÓN
Leticia Narciso Ortiz, Alejandro Coreño Alonso, Diana Mendoza Olivares, Carlos Alexander Lucho Constantino, Manuel Alejandro Lizardi Jiménez 180

DESARROLLO DE UN MÉTODO DOT BLOT PARA DETECTAR AMOXICILINA EN AGUAS RESIDUALES
Norma Angélica Chávez Vela, Juan Jáuregui Rincón, Iliana E. Medina Ramírez, Mario Alberto Arzate Cárdenas, Gpe. Javier Araiza Arvilla, A. Lizbeth Montañez Flores,
Elizabeth Verónica Moreno Córdova 181

ESTUDIO DE LARGO ALIENTO A NIVEL NACIONAL: CONTAMINACIÓN POR HIDROCARBUROS EN CUERPOS DE AGUA EN ZONAS NO PETROLERAS Y ALTERNATIVAS DESDE LA BIOTECNOLOGÍA
Manuel Alejandro Lizardi Jiménez 182

ESTABLECIMIENTO DE UN CULTIVO DE *Typha latifolia* EN UN SISTEMA DE HIDROPONÍA AXÉNICO Y SU EVALUACIÓN EN EL PROCESO DE RIZOFILTRACIÓN DE CADMIO
Gisela Adelina Rolón-Cárdenas; Alejandro Hernández-Morales[2], Jackeline Lizzeta Arvizu-Gómez, Ruth Elena Soria-Guerra, Ma. Catalina Alfaro-De la Torre, Candy Carranza-Álvarez 183

EFECTO DE LA RELACIÓN C/N Y USO DE NITRATO O NITRITO SOBRE LA OXIDACIÓN DE METANO.
Betzabe López Estrada, Felipe Martínez Orta, Anne-Claire Texier, Flor Cuervo-López. 184

BIORREACTORES AIRLIFT EN LA REMEDIACIÓN DE HIDROCARBUROS ALIFÁTICOS EN RÍOS Y LAGUNAS DE SAN LUIS POTOSÍ
E.J. Sandoval-Herazo, G. Espinosa-Reyes, M.R. Vallejo-Pérez, R. Flores-Ramírez, F. Pérez-Vazquez, N.U. García-Cruz, M.A. Lizardi-Jiménez 185

TRATAMIENTO TERCIARIO DE AGUA RESIDUAL EN UN REACTOR DE MEMBRANA AIREADA: DETERMINACIÓN DE LA TASAS DE TRANSFERENCIA DE OXÍGENO Y DE REMOCIÓN DE AMONIO EN AGUA RESIDUAL REAL.
Sussete Nuche Cepeda, Luis Alberto Arellano García 186

EFECTO DEL AGUA DE RIEGO Y TIPO DE PARCELA SOBRE LA GERMINACIÓN Y DESARROLLO DE ESPECIES VEGETALES CULTIVADAS EN SUELO DE ZONAS IRRIGADAS CON AGUA DEL RÍO ATOYAC
Sara Elizabeth Verdugo Gaxiola, Elizabeth García Gallegos, Josefina Pérez-Vargas, Armando Ariza-Castolo, Octavio Gómez Guzmán, Fernando Esparza García, Héctor Poggi Varaldo, Graciano Calva-Calva 187

PREVALENCIA DE NITRIFICACIÓN COMPLETA A BAJAS CONCENTRACIONES DE OXÍGENO DISUELTO Y SU IMPACTO EN EL PROCESO DE NITRIFICACIÓN PARCIAL
Monserrat Aguilar-Pichardo, Edgardo I. Valenzuela, Guillermo Quijano 188

ELIMINACIÓN SIMULTÁNEA DE CH_4 Y NO_3^- EN CONTINUO: ESTUDIO DEL DESEMPEÑO DEL REACTOR, EMISIONES DE N_2O Y MICROORGANISMOS INVOLUCRADOS.
Edgardo I. Valenzuela, María F. Ortiz-Zúñiga, Guillermo Quijano 189

EVALUACIÓN DE LA FLEXIBILIDAD METABÓLICA DE UN CONSORCIO DESNITRIFICANTE-NITRIFICANTE DURANTE LA DEGRADACIÓN DE FENOL EN UN REACTOR SBR
Cinthya Caballero-Santuario, Omar Oltehua-López, Anne-Claire Texier, Flor de María Cuervo-López 190

EVALUACIÓN FISIOLÓGICA Y CINÉTICA EN UN REACTOR POR LOTES SECUENCIADOS DURANTE LA REACTIVACIÓN POST-ALMACENAMIENTO A LARGO PLAZO DE UN LODO NITRIFICANTE.
Daniel Maturano Carrera; Omar Oltehua López; Flor de María Cuervo López; Anne-Claire Texier 191

ASOCIACIÓN DE *Vibrio cholerae* A VARIABLES FISICOQUÍMICAS DE LA LAGUNA DE CAJITITLÁN, JALISCO.
Osiris Díaz Torres, Nidia Zarai Martínez Gómez, Ofelia Yadira Lugo Melchor 192

PRODUCCIÓN DE ÁCIDOS CARBOXÍLICOS DE CADENA MEDIA A PARTIR DE RESIDUOS VITIVINÍCOLAS UTILIZANDO UN SISTEMA DE EXTRACCIÓN EN LÍNEA
Eduardo Hernández-Correa, Flor de María Cuervo, Francisco Cervantes, Germán Buitrón 193

INFLUENCIA DEL pH Y LA TEMPERATURA EN LA PRODUCCIÓN DE ÁCIDOS HEXANOICO Y OCTANOICO A PARTIR DE EFLUENTES VITIVINÍCOLAS
Sharon Villegas-Rodríguez, Jorge Arreola Vargas, Germán Buitrón 194

DISEÑO DE UN SISTEMA DE CAPTURA DE UN BIOSENSOR PARA LA DETECCIÓN DE COMPUESTOS DISRUPTORES ENDOCRINOS EN AGUA EMBOTELLADA
Francisco Castañeda, Carlo Flores, Nayelhi Alcázar, Brenda Jiménez, Arturo Ortiz, Enrique Ramírez, Jossan Cardona, Aurora Antonio Pérez, Jesús Ismael Calzada, Ana Laura Torres Huerta 195

HIDRÓLISIS ANAEROBIA DE RESIDUOS DE FRUTAS Y HORTALIZAS.
Andrea Nayeli Fonseca Alfaro, Jaime Enríquez Arroyo, Sergio Esteban Vigueras Carmona, Giovanny de Jesús Gutiérrez García, María Monserrat Montes García 196

PROTEÍNAS DESPLEGADAS EN LA SUPERFICIE DE HONGOS FILAMENTOSOS COMO UN MEDIO PARA ELABORAR BIOFILTROS VERSÁTILES
Francisco Anguiano-Melendrez, Paul Montaño-Silva, Leticia Casas-Godoy, Luis Arellano-García, Jorge Verdín 197

GENERACIÓN DE BIOGAS A PARTIR DE SARGAZO
Angie Labarrios, Kenia Ortíz, Reyna I. Rodríguez y Florina Ramírez 198

EFECTO DEL XOCONOSTLE (*Opuntia* SPP) SOBRE LA PRODUCCIÓN DE METANO ENTÉRICO EN UNA FERMENTACIÓN *in vitro* DE RASTROJO DE MAÍZ (*Zea mais*) CINÉTICA Y MODELADO
Isaac Almaraz-Buendía, Rafael G. Campos-Montiel, Uriel González-Lemus, Maribel López-Tolentino, Lucio González-Montiel, José J. Espino-García 199

COMUNIDAD MICROBIANA DE UN BIORREACTOR CONTAMINADO CON Ni, Cu Y Zn.
Aceves-Suriano CE, Hernández-Martínez GR, Navarro-Noya YE, Thalasso F y Dendooven L 200

ACOPLAMIENTO DE LOS PROCESOS SULFAMMOX Y DESNITRIFICACIÓN AUTOTRÓFICAPARA LA REMOCIÓN SIMULTÁNEA DE COMPUESTOS NITROGENADOS Y DE AZUFRE DEL AGUA
E. Emilia Rios-Del Toro, H. J. Amézquita García 201

EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD de *Achromobacter spanius, Peribacillus Simplex y Bacillus pseudomycoides* PARA DEGRADAR ENDOSULFAN
Adriana Casanova, Sonia Cabrera, Marta Zubillaga, Carmen Wacher, Gloria Díaz-Ruiz, Sergio Hernandez, Irmene Ortiz 202

AISLAMIENTO DE BACTERIAS CON POTENCIAL PARA DEGRADAR PLÁSTICOS DE SUELOS CONTAMINADOS CON RESIDUOS SÓLIDOS URBANOS EN YUCATÁN.
Cristina América Morando-Grijalva, Ana Ramos-Díaza, Neith Pachecoa, Soledad Cecilia Pech-Cohuoa, Juan C. Cuevas-Bernardinob 203

REDUCCIÓN DE LA SALINIDAD EN SUELOS AGRÍCOLAS MEDIANTE LA APLICACIÓN DE UN BIOFERTILIZANTE A BASE DE CÁSCARA DE NARANJA.
Karen Andrea Molina Sánchez, Refugio Rodríguez Vázquez. 204

CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS OXIDANTES DE AZUFRE AISLADOS DEL SUELO Y AGUAS TERMALES AZUFRADAS “TANINUL”.
Christian Iván Cano-Gómez, Perla Yanet González-Purata, Pedro Aguilar-Zárate, Jorge Enrique Wong-Paz, Diana B. Muñiz-Márquez, Fabiola Veana 205

USO DE NEJAYOTE Y LIXIVIADO ALIMENTICIO COMO MEDIO DE ENRIQUECIMIENTO PARA LA PRODUCCIÓN DE MICROALGA *Scenedesmus obliquus*
Celestino García Gómez, Elizabeth Garza Valverde, Andrea Lizeth Sandoval Suárez, Julia Mariana Márquez Reyes, Juan Nápoles Armenta. 206

COMPARACIÓN DEL DESEMPEÑO AMBIENTAL DEL MANEJO ACTUAL DE LOS RESIDUOS ORGÁNICOS DOMICILIARIOS GENERADOS EN LA COLONIA SAN BARTOLO ATEPEHUACAN CONTRA UNA PROPUESTA DE VALORIZACIÓN CERCANA A LA FUENTE MEDIANTE LA DIGESTIÓN ANAEROBIA ACOPLADA A COGENERACIÓN
Iván Rodríguez Farfán, Celestino Odín Rodríguez Nava 207

CAPACIDAD DE CRECIMIENTO DE *Desmodesmus communis* EN PRODUCTOS DE DEGRADACIÓN DE PET
Monserrat Hernández-Maldonado, Selena Gutiérrez, Alfredo Martínez y Amelia Farrés 208

COMPARACIÓN DE DIFERENTES PRUEBAS DE BIODEGRADACIÓN AERÓBICA EN

BIOPLÁSTICOS
Mitzi Rubi De Jesus Altuzar, Celestino Odín Rodríguez Nava 209

VELOCIDAD DE CRECIMIENTO DE *Daldinia concentrica* CRECIDO SOBRE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES
Reyna Isabel Cueva Clavijo, Maura Téllez Téllez, Ma. de Lourdes Acosta Urdapilleta, Liliana Aguilar-Marcelino, Edgar Martínez-Fernández 210

EVALUACIÓN DEL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL DOMÉSTICA USANDO SISTEMAS DE LODOS ACTIVADOS Y SISTEMAS TIPO MBBR
Alejandra Beltrán Plascencia, Carlos Javier Escudero Santiago 211

ACTIVIDAD EXTRACELULAR DE HIDROLASAS DE *Hericium erinaceus* EN CULTIVO SÓLIDO
Estefany Sánchez-Maldonado, Mariel Fabián-Jurado, Maura Téllez-Téllez, Ma. de Lourdes Acosta-Urdapilleta, Gerardo Díaz-Godínez, Edgar Martínez-Fernandez, Alma D. Sánchez García, Anabel Ortiz Caltempa, Reyna Isabel Cueva-Clavijo 212

ACTIVIDAD DE LACASAS DE TRES CEPAS DE *Schizophyllum* spp.
Mariel Fabian Jurado, Estefany Sánchez Maldonado, Maura Téllez-Téllez, Ma de Lourdes Acosta-Urdapilleta, Silvia Cappello-García, Néstor I. Bautista García, Elba C. Villegas,
Reyna I. Cueva-Clavijo 213

EFECTO DEL MOF HKUST-1 SOBRE LA CINÉTICA RESPIRATORIA DE UN CONSORCIO MICROBIANO NITRIFICANTE
Jesús David López-Moreno; Gabriel Hernández-Martínez; Alejandro Zepeda 214

CONSUMO COMETABÓLICO DEL BENZOTRIAZOL EN UN REACTOR SBR
Rubén Trejo Castillo; Elie Girgis El Kassis; Flor Cuervo-López; Anne-Claire Texier 215

EVALUACIÓN DE PROPIEDADES TENSOACTIVAS DE LOS EXTRACTOS DE *Agapanthus africanus.*
Martínez-Aguilar, D., Abreu, A., Amaro-Reyes, A., Zamudio-Pérez, E., Gracida, J. 216

ESTUDIO DEL EFECTO DE LA ENERGÍA ULTRASÓNICA SOBRE UN CONSORCIO MICROBIANO NITRIFICANTE A TRAVÉS DE MICRORRESPIROMETRÍA
Ángel E. Huchim, Gabriel R. Hernández-Martínez, Alejandro Zepeda 217

GENÓMICA COMPARATIVA DE CEPAS DE *Cupriavidus* AISLADAS DE LA MINA NAICA Y SU TOLERANCIA A METALES Y ANTIBIÓTICOS
Antonio González Sánchez, Luis F. Lozano Aguirre Beltrán, Mariana López Samano, Ana Lilia Juárez Vázquez, Alejandro García de los Santos, Miguel Angel Cevallos Gaos, Sylvie Le Borgne 218

MODELADO DEL PROCESO DE LA DEGRADACIÓN DE FENOL EMPLEANDO LA CEPA DE *Bacillus cereus* INMOVILIZADO EN PVA Y ALGINATO DE SODIO Y SU REUSO
Génesis Escobedo-Morales, Javier Ulises Hernández-Beltrán, Nagamany-Balagurusamy, Ayerim Yedid Hernández-Almanza, Miriam Paulina Luévanos-Escareño 219

EVALUACIÓN DE LA TRANSFERENCIA HORIZONTAL DEL ELEMENTO INTEGRATIVO MOVILIZABLE DE LA CEPA *Herbaspirillum sp.* TQ07
Brandon Antonio Zapata Velasco, Luis Gerardo Treviño Quintanilla, Gabriela Eleonora Moeller Chávez, Rosa Angélica Guillén Garcés 220

CARACTERIZACIÓN DEL METABOLITO QUE SE ACUMULA EN LA MUTANTE Δ*cadB1* DE LACEPA *Herbaspirillum* sp. TQ07 A PARTIR DE LA DEGRADACIÓN DE ÁCIDO CLORANÍLICO
Anahi Radilla Serrano, IBT Yessica Monserrat Barba Guadarrama, Dra. Gabriela Eleonora Moeller Chávez, Dra. Rosa Angélica Guillén Garcés, Dr. Luis Gerardo Treviño Quintanilla 221

PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE *Sargassum fluitans* UTILIZANDO SEDIMENTO MARINO COMO INÓCULO EN UN REACTOR SEMI-CONTINUO
Saúl Alberto Zarate Mendiola, Celestino Odín Rodríguez Nava 222

EVALUACIÓN DEL EFECTO DE LA SALINIDAD EN LA BIODIVERSIDAD PRESENTE EN UN SISTEMA DE DEPURACIÓN BIOLÓGICA DE LODOS ACTIVADOS
Fátima Soto, Benjamín Limón, Carlos Ábrego, Ulrico Chuken 223

REMOCIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN AGUAS RESIDUALES MEDIANTE SISTEMAS MICROALGA-BACTERIA
Julián Osvaldo Ovis-Sánchez, Germán Buitrón, Julián Carrillo-Reyes 224

DETERMINACIÓN DEL ESTADO TRÓFICO E IDENTIFICACIÓN DE LAS DIATOMEAS DE LOS LAGOS EL SOL Y LA LUNA DEL ÁREA DE PROTECCIÓN DE FLORA Y FAUNA NEVADO DE TOLUCA
Nathalia Luna-Rodríguez, Mario Castañeda Rojas, Yuridia Mercado Flores, Miguel Ángel Anducho Reyes, Rocío Ramírez-Vargas 225

CARACTERIZACION DEL PROCESO DE INMOVILIZACION DE Trametes versicolor EN YUTE
Mario Eduardo Contla Ubaldo, María Aurora Martínez Trujillo y Mayola García Rivero 226

INMOVILIZACIÓN DE UN CONSORCIO MICROBIANO SOBRE UN SOPORTE DE POLIPROPILENO EMPLEANDO RESIDUOS COMO FUENTES DE CARBONO
Jesús de la Luz-Apale; Abril Rodríguez-Guzmán; Elena Rustrián-Portilla; Eric Pascal Houbron; Michel Canul-Chan 227

OBTENCIÓN DE UN BIOFORMULADO A PARTIR DEL HONGO *Entonaema liquescens* CON POTENCIAL APLICACIÓN EN PROCESOS DE DEGRADACIÓN DE ACEITES LUBRICANTES USADOS EN CAMPO.
Echeverri-Ángel Alicia, Henao-Martínez Juan P., Gaviria-Arroyave Maria I.,
Montoya-Álvarez Marybel 228

LOS COMPUESTOS ORGÁNICOS VOLÁTILES DE *Pseudomonas rhodesiae* GRC140 PROMUEVEN EL CRECIMIENTO Y LA TOLERANCIA A CADMIO DE *Arabidopsis thaliana*
Gisela Adelina Rolón Cárdenas; David Guadalupe Cruz Torres, Jackeline Lizzeta Arvizu Gómez, Candy Carranza Álvarez, Alejandro Hernández Morales 229

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO DE UN SISTEMA DE HUMEDALES ARTIFICIALES PARA EL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL AGRÍCOLA EN SINALOA
Cinthia Isabel Guadalupe Cedillo Herrera, Leonel Ernesto Amábilis Sosa, Aurora Margarita Pat Espadas, Josefina León Félix, Kimberly Mendívil García 230

CARACTERIZACIÓN DE UN BIOADSORBENTE EXTRAÍDO APARTIR DE CÁSCARAS DE CÍTRICOS PARA LA REMOCIÓN DE Cu (II) EN AGUAS RESIDUALES
Raúl David Romo, Mayra Mayte Ayala, Guadalupe López, Francisco Javier Almendariz, Onofre Monge, Diana Patricia Terán 231

BIOSORCIÓN DE Cr^{6+} y Cu^{2+} UTILIZANDO BIOMASA FÚNGICA
Ileana Castro González, Ma. Guadalupe Rojas Verde, Ma. Elizabeth Alemán Huerta, Katiushka Arévalo Niño, Verónica Almaguer Cantú 232

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE ENZIMAS QUE SINTETIZAN c-di-GMP Y SU RELACIÓN CON LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS EN *Geobacter sulfurreducens*
José Alberto Hernández Eligio, Manuel Huerta Amparán, Katy Juárez 233

REDUCCIÓN DE Cr(VI) POR DIFERENTES CEPAS MUTANTES DE *Geobacter sulfurreducens*
Karen Leobarda Morales Ramírez, Katy Juárez, José Alberto Hernández-Eligio. 234

BIODEGRADACIÓN DE CLORPIRIFÓS Y SU EFECTO EN EL CRECIMIENTO *IN VITRO* DE Azotobacter *vinelandii* ATCC 12837
Victoria Conde-Avila, Luis Daniel Ortega-Martínez, Beatriz Pérez-Armendáriz, Octavio Loera, Carlos Peña 235

ANÁLISIS DE LA RESONANCIA DE PLASMONES EN NANOPARTÍCULAS DE PLATA SINTETIZADAS POR VÍA ECOLÓGICA Y SU APLICACIÓN EN EL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL
Velázquez Hernández, Beatriz Guadalupe, Miguel Ángel Guzmán Altamirano, Ahuitzolt de Jesús Joaquín Ramos, Bernabé Rebollo Plata, Cristian Emanuel Barrio Garcia y María Guadalupe Gómez Espinoza 236

AISLAMIENTO, CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UNA BACTERIA MARINA CON ACTIVIDAD 2,3 EXTRADIOL DIOXIGENASA Y EXPRESIÓN HETERÓLOGA DE LA ENZIMA RESPONSABLE DE LA ACTIVIDAD

Karla Sofía Millán-López, Julieta Rodríguez Salazar, Liliana Pardo López, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos C.P. 62210, karla.millan@ibt.unam.mx

Hidrocarburos, Bacteria, C23ED

Introducción. El golfo de México es uno de los principales productores de petróleo en el mundo, durante la manipulación de este valioso recurso, existe el riesgo de derrames que pueden llegar a contaminar el ambiente marino y las áreas costeras. Entre los principales componentes del petróleo se encuentran los hidrocarburos aromáticos, siendo de importancia por su alta toxicidad y su difícil degradación en el ambiente. Algunos géneros bacterianos entre los que destacan los géneros *Pseudomonas*, *Rhodococus* y *Bacillus* han demostrado la capacidad de degradar estos compuestos altamente estables, empleando enzimas especializadas en el reconocimiento y escisión de moléculas clave en el proceso de degradación, como el catecol en él converge la degradación de compuestos aromáticos como fenol, tolueno y benceno (1,2). La ruptura del anillo de catecol es catalizada por la enzima catecol 2,3 extradiol dioxigenasa (C2,3ED) produciendo semialdehido 2 hidroximuconato generando una visible coloración amarilla el cual es detectable espectrofotométricamente a 375 nm, lo cual le confiere una alta importancia en la degradación y el monitoreo de compuestos aromáticos (3).

El objetivo de este trabajo fue el aislamiento y caracterización molecular de una bacteria con actividad C2,3ED así como la expresión y caracterización bioquímica de la enzima.

Metodología. Se obtuvo un aislado positivo a la actividad C2,3ED, mediante dilución en medio sólido suplementado con 5mM de fenol y se corroboró la actividad visualmente. Posteriormente se secuenció el genoma completo del aislado y se analizó bioinformáticamente, lo que permitió la identificación del gen codificante para la enzima C2,3ED, *catE*. Se realizó la clonación y expresión del gen *catE* en el vector pET22b en células de *E. coli* BL21. La proteína fue purificada mediante cromatografía de afinidad. Se realizó la determinación de la actividad enzimática C2,3ED midiendo el incremento de absorbancia a 375 nm posterior a la adición del sustrato (catecol). Se caracterizó la actividad enzimática en diferentes temperaturas entre 10 y 60 ºC, diferentes pHs, concentraciones crecientes de NaCl (0-2M) y sustratos análogos en estructura al catecol; 4 metil catecol(4MC), 3 metil catecol (3MC) y 4 cloro catecol (4CC).

Resultados. A partir de un consorcio proveniente de una muestra de agua del Golfo de México previamente identificado con la actividad C2,3ED, se identificó un aislado con la actividad que fue clasificado mediante un análisis bioinformático como *Pseudomonas stutzeri*. El análisis del genoma permitió identificar las vías de degradación de Benzoato, Tolueno y Xileno en donde participa el gen *catE* codificante para la enzima C2,3ED el cual fue expresado heterólogamente. La enzima fue purificada y se analizó la actividad catalítica realizando ensayos cinéticos, presentando una actividad específica de 0.1199 ± 0.0114 U.

La amplia caracterización de las condiciones de reacción analizadas permitió identificar el pH óptimo para la actividad catalítica de la enzima en 7.4, mientras que la temperatura óptima se detecto a 15 ºC, condiciones similares a las presentes al ambiente marino de donde fue obtenido el aislado. La caracterización en las concentraciones crecientes de NaCl permitió observar la mejor actividad sin la adición de la sal mientras que empleando 0.8 M de NaCl se conserva hasta el 50% de la actividad. Al analizar la especificidad de la enzima por los sustratos análogos se encontró la mejor actividad sobre catecol seguido por su análogo el 4CC con actividad hasta del 50%.

Conclusiones. Se identificó el aislado positivo a la actividad C2,3ED como *Pseudomonas stutzeri* en donde se identificaron las vías de degradación de Benzoato, Tolueno y Xileno. Se expresó y purificó la enzima C2,3ED, se observó una actividad óptima de reacción en pH 7.4 y 15 ºC. Se encontró la mejor actividad sin adición de NaCl y hasta un 50 % de actividad en 0.8 M de NaCl. La actividad sobre el 4CC resultó ser mayor al 50% presentando menor actividad sobre los catecoles con grupos metilo (3MC y 4MC). Tanto la enzima C2,3ED como el aislado caracterizados en este proyecto pueden ser empleados en futuras aplicaciones en biotecnología.

Agradecimiento. Fondo Sectorial CONACYT-SENER Hidrocarburos, proyecto 201441. Programa UNAM PAPIIT IN207019 “Identificación de nuevas dioxigenasas marinas”.

Bibliografía.

1. Muthukamalam S, Sivagangavathi S, Dhrishya D, Sudha S. (2017). *BJM*. 48: 637–647.

2. Harayama S, Rekik M. (1989). *J. Biol. Chem*. 264 (26):15328-15333. 3. Zeyaullah M, Ahmad R, Naseem A, Islam B, Hasan HM, Abdelkafe AS, Benkhayal FA, Rizvi MA, Ali A. (2009). *Int. J. Chem.* 7:2211-222.

PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE RESIDUOS DE FRUTAS Y HORTALIZAS EN UN REACTOR ANAEROBIO DE FLUJO ASCENDENTE EMPACADO CON LECHO DE LODOS

María Guadalupe Guijosa Ramírez[1], Areli Abigail Sánchez Rojas[1], María Monserrat Montes García[2], María Guadalupe Cosme Reyes[3], Sergio Esteban Vigueras Carmona[1], 1. Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec, División de Ingeniería Química y Bioquímica, Ecatepec de Morelos 55210, 2. Universidad Mexiquense del Bicentenario, UES Tultitlan, Tultitlan de Mariano Escobedo 54910. 3. Universidad Veracruzana, Facultad de Ciencias Químicas, Orizaba 94340.
svigueras@tese.edu.mx .

Palabras clave: RAFAELL, digestión anaerobia, residuos de frutas y hortalizas

Introducción. Una de las variables asociadas a la productividad de metano durante la digestión anaerobio de residuos sólidos orgánicos es el tamaño de partícula, debido a que la solubilidad del sustrato depende del área disponible para la hidrólisis (1). Otro aspecto importante cuando se digieren anaeróbicamente residuos ricos en azucares y almidones es la rápida acidificación del medio (2). Estas dos características sugieren que el tamaño de partícula modifica la productividad del biogás. El objetivo aquí es evaluar el tamaño de partícula sobre la productividad de metano en un reactor anaerobio de flujo ascendente empacado con lecho de lodos, RAFAELL.

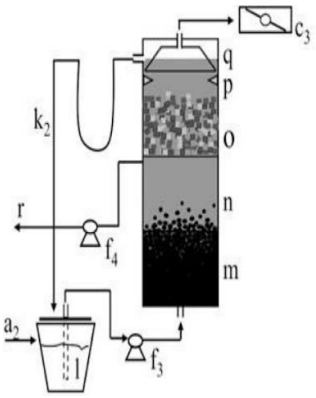
Metodología. Para la digestión anaerobia se utilizó una mezcla de residuos de frutas y hortalizas (RFH). El RAFAELL (Fig. 1) se operó bajo las condiciones mostradas en la Tabla 1. El reactor fue empacado con 611 g de SSV de tamaño de partícula 1 y 3 cm respectivamente.

Tabla 1. Condiciones de operación de reactor anaerobio de flujo ascendente empacado con lecho de lodos (RAFAELL).

Parámetro	Valor	Unidades
Volumen del reactor	44	L
Flujo de salida	2.4	$L \cdot h^{-1}$
Flujo de recirculación	40	$L \cdot h^{-1}$
TRS	6	d
TRH	12.5	h
Carga orgánica	2.31	g $SSV \cdot L^{-1} \cdot d^{-1}$

El biogás fue cuantificado mediante un contador de pulsos y el contenido de metano por cromatografía de gases.

Resultados. De los 611 g de SSV empacados, el 5.1 y 7.4 % sale en el digestato sólido, se produjeron 94 y 67 L de metano y 75.6 y 71 % de los SSV fueron solubilizados y recuperados en el digestato líquido. La productividad de metano en el RAFAELL a los distintos tamaños de partícula se muestra en la Tabla 2, realizando un análisis de medias en Minitab® se obtiene un valor de p = 0.005 por lo que hay una diferencia significativa en la producción de metano a los tamaños de partícula ensayados. La producción de metano estuvo alrededor de los valores reportados por Vian et al., 2020 (3) cuando la carga orgánica en términos de SSV está alrededor de 2.3 g $SSV \cdot L^{-1} \cdot d^{-1}$



a₂ tanque de recirculación, **f3** bomba de recirculación, **m** lecho de lodos, **n** sección de amortiguamiento, **o** empaque de RFH, **p** separador sólido, liquido, gas, **q** campana de recuperación de biogás, **c₃** contador de pulsos, **K₂** trampa gas-liquido, **r** purga de líquido, **f₄** bomba de la purga.

Fig. 1. Reactor Anaerobio de Flujo Ascendente Empacado con Lecho de Lodos (RAFAELL)

Tabla 2 Valores promedio de eficiencia y productividad en el RAFAELL a distintos tamaños de partícula (tres experimentos independientes; n = 3)

Tamaño de partícula (cm)	DQO rem. ($g.L^{-1}.d^{-1}$)	SSV rem. ($g.L^{-1}.d^{-1}$)	Metano ($L.L_R^{-1}.d^{-1}$)
1	2.18	1.45	0.936
3	1.85	1.24	0.795

Conclusiones. Existe diferencia significativa en la producción de metano cuando el RAFAELL se opera con diferentes tamaños de partícula. La mayor producción de metano 0.936 $L \cdot L_R^{-1} \cdot d^{-1}$ se obtiene cuando el tamaño de partícula es de 1 cm.

Agradecimiento. Al TecNM, proyecto 661.18-PD.

Bibliografía.

1. Velasco-Pérez A., Vian J., Vigueras-Carmona S. E., Martínez J. V., García-Herrera T. (2019). *Journal CIM* 7 (1)

2. Xiao B., Qinc Y., Wud J., Chene H., Yua P, Liua J., Lic Y-Y (2018). *Enrg. Conver. & Manag.* 156: *215-223* 3. Vian J., Vigueras-Carmona S. E., Velasco-Pérez A., Puebla H. (2020). *Environ. Eng. Sci*. 37 (5): 1-9.

EL GOLFO DE MÉXICO COMO UNA FUENTE RICA EN BACTERIAS CON CAPACIDAD PARA DEGRADAR PLÁSTICOS

Nallely Magaña-Montiel[1*], Arianna Soto-Hernández[1*], Jorge Alexander Rojas[1]
Arturo Martin Del Campo-Flores[1] Luis Felipe Muriel-Millán[1], Liliana Pardo-López[1],
1 Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca,
México **Autoras principales e-mail: liliana.pardo@ibt.unam.mx,
nallely.magana@ibt.com.mx, arianna.soto@ibt.com.mx

Palabras clave: plásticos, biorremediación, Golfo de México

Introducción. El paisaje bacteriano del suroeste del Golfo de México está conformado por una línea base de 450 géneros particularmente enriquecido con bacterias degradadoras de hidrocarburos, lo que proporciona pistas sobre la adaptación de estos microorganismos a la presencia ubicua de hidrocarburos y su impacto ambiental[1]. Lo anterior revela un gran potencial en la riqueza microbiológica del Golfo de México (GoM), como una fuente de recursos para la obtención de herramientas biotecnológicas que ayuden a resolver problemas ambientales e industriales.

Diferentes géneros de bacterias han sido asociados con la degradación de compuestos plásticos: *Comamonas*, *Pseudomonas*, *Bacillus* y *Alicycliphilus*, siendo las actividades enzimáticas hidroxilasa, carboxilesterasa, y proteasa las principales involucradas[2].

En trabajos previos en nuestro grupo de investigación, se caracterizó la cepa de *Pseudomonas aeruginosa* GOM1, aislada de la columna de agua del GoM, la cual presenta una alta actividad sobre alcanos de cadena larga, expresando las enzimas alcano hidroxilasas AlkB1, AlkB2 y AlmA[3], enzimas que también han sido asociadas con la degradación de polietileno.

El objetivo del presente trabajo es evaluar la capacidad degradadora de aislados bacterianos provenientes de muestras de agua y sedimento del GoM, sobre el poliuretano (PU), uno de los plásticos más comúnmente hallados como contaminantes en el ambiente.

Metodología. La evaluación del potencial para degradar plásticos se realizó mediante tamizajes funcionales a partir de 38 consorcios bacterianos provenientes de diferentes sitios del GoM, mediante la visualización de halos de aclaramiento en medios de cultivo sólidos adicionados con la resina comercial de poliuretano base agua Polycrylic Protective Finish (Minwax) al 0.3, 0.6 y 1.0 % V/V. Se utilizó como control negativo a *E. coli* BL21 que no presenta actividad degradadora de poliuretano y a PCN, una bacteria del género *Pseudomonas* identificada en este mismo estudio; y como control positivo la cepa *Pseudomonas chlororaphis* ATCC 9446 que presenta las enzimas PueA y PueB asociadas con la degradación de poliuretano[4].

Resultados. Se identificaron 36 aislados bacterianos con capacidad para degradar poliéster poliuretano al formar halo de degradación (Fig. 1). Se seleccionaron dos de los aislados (C10MF y TFC – B9MF), los cuales se identificó que pertenecen al género bacteriano *Pseudomonas*. Los genomas de estas bacterias se secuenciaron para un posterior análisis bioinformático que nos permita encontrar las enzimas responsables de la degradación del poliéster de poliuretano.



Figura 1. Halos de degradación en la cepa control positivo (izq) y una de las cepas aisladas del golfo de México (der) en medio Burk's modificado con 1% (V/V) de PUR.

Conclusiones. Un alto porcentaje de los aislados bacterianos en estudio (36 de 38, 94%) mostró capacidad para degradar la resina comercial plástica de poliuretano probada, sugiriendo un potencial muy importante en las bacterias del Golfo de México para la obtención de herramientas biotecnológicas que puedan ser aplicadas a problemas ambientales como la contaminación por plásticos.

Agradecimientos. A CONACyT por las becas 857291 y 788095. A PAEP por el apoyo a la inscripción en este congreso y al Fondo Sectorial CONACYT-SENER-Hidrocarburos, proyecto 201441.

Bibliografía.

1. Godoy-Lozano E, Escobar-Cepeda A, Raggi L, Merino E, Gutierrez-Ríos R, Juarez K, Segovia L, Licea-Navarro A, Gracia A, Sanchez-Flores A, Pardo-López L (2018). *Front. Microbiol.* 9:2528.
2. Mohanan, N., Montazer, Z., Sharma, P. K., & Levin, D. B. (2020). *Front. Microbiol.* 11:580709.
3. Muriel-Millán LF, Rodríguez-Mejía JL, Godoy-Lozano EE, Rivera Gómez N, Gutierrez-Rios RM, Morales-Guzmán D, Trejo-Hernández MR, Estradas-Romero A, Pardo-López L. (2019). *Front. Mar. Sci.* 6:572. 4. Howard GT, Mackie RI, Cann IKO, Ohene-Adjei S, Aboudehen KS, Duos BG, Childers GW. (2007). *Journal of Appl. Microb.* Vol. 103, núm. 6:2074-2083.
5. Oceguera-Cervantes A, Carrillo-García A, López N, Bolaños-Nuñez S, Cruz-Gómez M. J.; Wacher C., Loza-Tavera H. (2007). *App. and env. microb*. Oct. 2007, p. 6214–6223

CONTAMINACIÓN POR PLÁSTICOS E HIDROCARBUROS EN RÍOS, ARRECIFES Y ARENA DE PLAYAS DEL ESTADO DE VERACRUZ Y PROPUESTA DE BIORREMEDIACIÓN

Leticia Narciso Ortiz[1], Alejandro Coreño Alonso[2], Diana Mendoza Olivares[2], Carlos Alexander Lucho Constantino[3], Manuel Alejandro Lizardi Jiménez[4]

[1.] Tecnológico Nacional de México/ Veracruz, Tierra Blanca, C.P. 91897. Universidad de Guanajuato, Gto., C.P. 36000, [3.] Centro de Investigaciones Químicas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Hgo., C.P. 42184 [4.] CONACYT-Universidad Autónoma de San Luis Potosí, S.L.P., C.P. 78210.
correo: lety_narciso@hotmail.com

Palabras clave: Plásticos, hidrocarburos, biorremediación

Introducción. Entre los principales contaminantes se encuentran los polímeros sintéticos y los hidrocarburos (HC). La hidrofobicidad y área de superficie de los polímeros, provocan que los plásticos actúen como vectores de contaminantes orgánicos, entre ellos los HC (1). Estudios que determinen simultáneamente estos dos contaminantes son limitados en Veracruz. El objetivo de este trabajo fue evaluar la presencia de contaminación por plásticos e HC en ríos, arrecifes y sedimentos de playas de Veracruz y proponer estrategias de biorremediación.

Metodología. Las muestras de agua y arena se tomaron de acuerdo a las normas mexicanas. En agua, las micropartículas fueron separadas por flotación y filtración (2) y analizadas con un medidor de tamaño de partícula (3), los HC se detectaron por cromatografía de gases (CG) (4). Los plásticos en arena fueron visualmente clasificados y se registraron en #/m^2 y g/m^2. La degradación de 500 mg de tereftalato de polietileno (PET) comercial se estudió con microorganismos aislados del suelo de un bosque (21°3′49.55″ N, 101°13′24.04″ W). La degradación de PET se determinó por SEM y FTIR-ATR. La degradación del HC diésel (20 g/L) se realizó con un consorcio hidrocarbonoclasta (5) en un biorreactor airlift y se determinó por CG.

Resultados. En las muestras de agua se encontraron micropartículas de entre 1.754 y 784 µm, con alta probabilidad de ser plásticas. Se detectaron 5.83 ± 0.71 partículas plásticas/m^2 de arena, con masa de 1.89 ± 0.21 g/m^2, dominando los macroplásticos (2 -10 cm) con 46% del total de partículas recolectadas. Se identificaron en las muestras de arrecifes los HC fenantreno, octano, eicosano, triacontano, dotriacontano, tetratriacontano y hexatriacontano y en un río, nonano. De los microorganismos aislados, tres cepas fueron capaces de degradar PET, identificadas como: *Bacillus muralis, Brevibacterium* y *Serratia proteamaculans*. El efecto producido en el PET al día 3 se muestra en la Fig. 1, las imágenes fueron similares para las tres cepas. En el análisis FTIR-ATR del PET se observó una diferencia en el porcentaje de transmitancia del grupo carboxílico, sitio de acción de las enzimas degradantes.



Fig. 1. Micrografía SEM *x350* **A.** PET sin tratamiento **B.** PET con tratamiento

El consorcio hidrocarbonoclasta, en esta ocasión demostró utilizar diésel como única fuente de carbono, el cual fue prácticamente consumido al día 10 (Fig. 2).

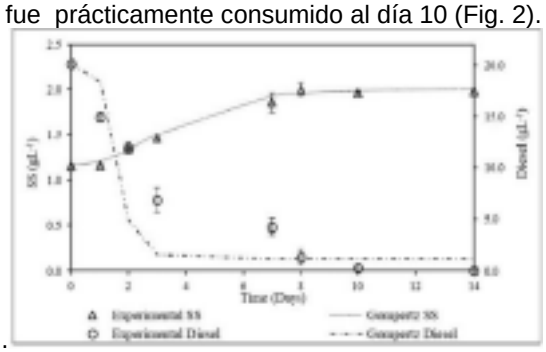


Fig. 2. Producción de sólidos suspendidos y degradación de diésel

Conclusiones. Los resultados revelan presencia de partículas plásticas e hidrocarburos en los sitios muestreados. Los microorganismos utilizados muestran potencial para la biorremediación de estos contaminantes.

Agradecimientos. A CONACYT por el proyecto INFR 2016:288099; cátedras 694; beca nacional 635505 y mixta para el primer autor. Universidad Autónoma de San Luis Potosí FAI 2019: C19-FAI-05- 49.49 y CIACYT.

Bibliografía.

1. Fisner M, Taniguchi S, Majer AP, Bícego MC, Turra A (2013) *Mar Pollut Bull* 76(1–2):349–354.
2. Besley A, Vijver MG, Behrens P, Bosker T (2017) *Mar Pollut Bull* 114(1):77–83.
3. Schwaferts C, Niessner R, Elsner M, Ivleva NP (2019) *TrAC Trends Anal Chem* 112: 52-65.
4. Valdivia-Rivera S, Martínez-Cano AK, Aguirre-García G, Lizardi JiménezMA (2018) *Environ Int* 121: 1204–1209.
5. Tzintzun-Camacho O, Loera O, Ramírez-Saad H, Gutiérrez-Rojas M (2012) *Int Biodeterior Biodegradation* 70:1–7.

DESARROLLO DE UN MÉTODO DOT BLOT PARA DETECTAR AMOXICILINA EN AGUAS RESIDUALES

Norma Angélica Chávez Vela[1], Juan Jáuregui Rincón[1], Iliana E. Medina Ramírez[2], Mario Alberto Arzate Cárdenas[2], Gpe. Javier Araiza Arvilla[1], A. Lizbeth Montañez Flores[1], Elizabeth Verónica Moreno Córdova[1]
Universidad Autónoma de Aguascalientes,[1]Dpto. de ingeniería Bioquímica, [2]Depto. de Química, Aguascalientes CP. 20131,
nachavez@correo.uaa.mx

Palabras clave: amoxicilina, contaminante emergente, dot blot

Introducción. Actualmente hay un gran interés por contaminantes emergentes (CE), que son compuestos cuya presencia en el medio ambiente, ha pasado desapercibida, provocando problemas ambientales y riesgos para la salud. Entre estos, están los antibióticos, los cuales se liberan al medio acuático, existiendo así un peligro potencial en la generación de cepas bacterianas con resistencia a antibióticos. Un antibiótico ampliamente utilizado es la amoxicilina (AMX). Los métodos para la detección de antibióticos en aguas residuales, utilizan equipos costosos, se requiere de cuidados especiales, y conllevan el empleo de varias horas por análisis de muestra. En base a lo anterior, este trabajo se centró en desarrollar un Dot Blot con anticuerpos policlonales contra AMX obtenidos previamente de conejo, para detectar este antibiótico en aguas residuales.

Metodología. Se realizó Dot Blot de la AMX, para esto, a membranas de nitrocelulosa, se les pusieron 8 µl de AMX (10 µg/µl) en el centro de la membrana. Como 1er anticuerpo se utilizaron los anticuerpos policlonales anti AMX (dilución 1:1000). Como 2º anticuerpo se usó anti IgG de conejo (dilución 1:5000) unido a fosfatasa alcalina. Se usó agua destilada como control negativo. También se probaron diferentes concentraciones (5-400 µg/µl) de AMX.

Especificidad de los anticuerpos anti-AMX: se realizó la prueba dot Blot con antibióticos de la familia betalactámicos (penicilina, ampicilina) a la cual pertenece la amoxicilina y antibióticos de diversas familias (paramomicina, neomicina, estreptomicina), además de un antiviral (amantadina).

Reactividad de anticuerpos anti-AMXC en agua residual: Para ver si condiciones (contaminantes, temperatura, pH) del agua residual no afecta la reactividad de los anticuerpos, se hizo dot blot de muestras de agua de origen diverso: del influente y efluente de diversas plantas tratadora de aguas residuales (PTAR) del estado de Aguascalientes.

Resultados. la mínima concentración detectada de AMX por Dot Blot fue de 5 µg/µl. Los anticuerpos anti-AMX no reconocieron fármacos que no forman parte de los betalactámicos, sin embargo, si reaccionaron con los antibióticos de la misma familia que la amoxicilina, esto se justifica por el hecho de que, al pertenecer a la misma
familia, poseen estructuras muy similares y por lo tanto comparten epítopos que fueron capaces de ser detectados por los anticuerpos policlonales anti-AMXC. (Figura 1)

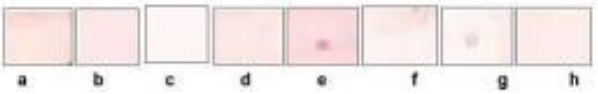


Fig. 1. Dot blot: especificidad de anticuerpos anti-AMX frente a fármacos diversos.. .(a) paramomicina;(b) neomicina; (c) estreptomicina; (d) antiviral (amantadina); (e) ampicilina; (f) penicilina G; (g) amoxicilina (control positivo); (h) agua destilada (control negativo).

En muestras de aguas residuales, se observó que las condiciones es estas (contaminantes, temperatura, pH) no afecta la reactividad de los anticuerpos anti-AMX. Se observó reactividad de los anticuerpos en la mayoría de las muestras de agua de las PTAR, tanto en influentes como en efluentes, siendo menor la concentración (lo que se aprecia por la intensidad del dot blot) en los efluentes (Figura 2).

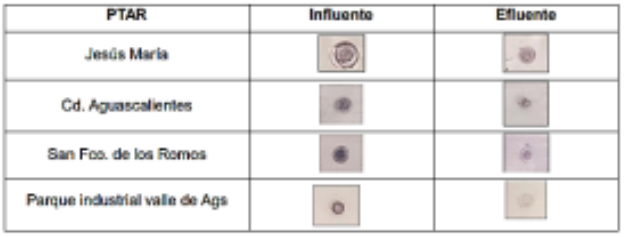


Fig. 2: Dot blot para detectar AMX en muestras de aguas residuales

Conclusiones. Los anticuerpos anti-AMX no fueron específicos para AMX, pero sí para detectar sólo antibióticos betalactámicos. Esto no es una desventaja puesto que los anticuerpos no podrían detectar únicamente amoxicilina sino también otros antibióticos de la misma familia. Este sistema de Dot Blot desarrollado, podría ser empleado como método de detección de antibióticos betalactámicos presentes en muestras de agua residual, previo y posterior a su tratamiento, con el fin de alcanzar su futura regulación.

Agradecimiento. El proyecto se realizó con el apoyo económico la Universidad Autónoma de Aguascalientes (UAA) PIBT18-4.

Bibliografía.

1.Sauvé, S., Desrosiers, M. (2014) *Chem Cent J*, 8, 1-7.
2. Ivshina, I., Tyumina, E., Vikhareva, E., 2018. Biodegradation of emerging pollutants: focus on pharmaceuticals. Microbiol. Aust. 39, 117–122 3.Kalantar, E., Mohammadi, S., Dehghanifard, E., Ebrahimi, R., & Hatami, A. (2018). *J Adv. Environ Health Res*,5:192–195.

ESTUDIO DE LARGO ALIENTO A NIVEL NACIONAL: CONTAMINACIÓN POR HIDROCARBUROS EN CUERPOS DE AGUA EN ZONAS NO PETROLERAS Y ALTERNATIVAS DESDE LA BIOTECNOLOGÍA

Manuel Alejandro Lizardi Jiménez, CONACYT-Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Facultad de Derecho, MDH, LGAC "Estudios Sociales" San Luis Potosí, SLP. C.P. 78210. E-mail: chamarripas@yahoo.com.mx

Palabras clave: Contaminación, Hidrocarburos, Biotecnología

Introducción. La contaminación por hidrocarburos en cuerpos de agua en México ha sido extensamente estudiada en zonas con presencia de la industria petrolera. Sin embargo, las zonas no petroleras también pueden ser impactadas dado diversos factores antropogénicos (1) y la biotecnología propone alternativas de remediación. El objetivo del trabajo de este trabajo fue evaluar la contaminación de hidrocarburos en cuerpos de agua en zonas no petroleras en un estudio de largo aliento y proponer alternativas biotecnológicas.

Metodología. Se tomaron muestras (NMX-AA-014-1980 1) de11 cenotes de Quintana Roo (2,3), en ríos y lagunas de Veracruz (1) (en zonas no petroleras) y en la huasteca potosina (4). Se analizó por cromatografía de gases la presencia de hidrocarburos. Se utilizaron consorcios microbianos para evaluar su capacidad hidrocarbonoclasta en biorreactores de tipo airlift y columna de burbujas (5).

Resultados. Se encontraron hidrocarburos alifáticos y aromáticos en todas las regiones estudiadas y a lo largo del tiempo estudiado. La tabla 1 resume algunos de los principales hallazgos del grupo.

Tabla 1. Hallazgos principales de hidrocarburos en zonas no petroleras.

Año	Lugar	Hallazgos principales, concentración (mg L^{-1})
2012-2020	Quintana Roo (QR)	Naftaleno (5), fenantreno (10), benzo (a) pireno (9), hexadecano (9) y diversos hidrocarburos.
2017-2020	Veracruz (VER)	Hexatriacontano (2790), tetracontano (2730) y diversos hidrocarburos
2019-2020	San Luis Potosí (SLP)	Eicosano (622), heneicosano (3971) y diversos hidrocarburos

Los hidrocarburos encontrados tienen propiedades carcinogénicas y de toxicología diversa. La tabla 2. Resume las propuestas biotecnológicas que ha desarrollado nuestro grupo: consorcios microbianos y biorreactores capaces de degradar los hidrocarburos en las concentraciones encontradas. Los logros incluyen 20 artículos en JCR, 9 tesis de posgrado y 4 proyectos.

Tabla 2. Propuestas biotecnológicas indicando consorcio microbiano, tipo de biorreactor y capacidad hidrocarbonoclasta.

Lugar y año de recolección	Consorcio	Tipo de biorreactor y tiempo de operación	Capacidad hidrocarbonoclasta en 14 días (mg L-1)
Lab UAMI (Narciso et al., 2020) (1)	*Xanthomonas sp., Acinetobacter bouvetii, Shewanella sp., and Aquamicrobium lusatiense*	Airlift y columna de burbujas	Tipos de la mezcla en Veracruz (20 000)
Playa del Carmen, 2012 (Medina et al., 2014) (2)	*Enterobacter, Serratia, Escherichia, Proteus, and Klebsiella*	Airlift y columna de burbujas, desde 2012 hasta la fecha	Tipos de la mezcla en cenotes (QR) (13000)
Cancun, 2012 (Lizardi-Jimenez et al., 2015 (3); Sandoval-Herazo et al., 2020) (4)	*Pseudomonas, species 2 as Vibrio, species 3 as Diplococcus, and species 4 as Enterobacter*	Airlift y Columna de burbujas, desde 2012 hasta la fecha	Tipos de la mezcla en cenotes (QR) (4500) y en SLP (13000)
Golfo de México, 2016 (Castañeda et al., 2020) (5)	*Proteobacteria, Planctomycetes, Actinobacteria, Bacteroidetes, Marinobacter, Alcanivorax*	Columna de burbujas, desde 2016 hasta la fecha	Tipos de la mezcla en cenotes, ríos y lagunas de Veracruz (13 000).

Conclusiones. Nuestro grupo de ha demostrado que fuera de sitios tradicionalmente impactados se presenta contaminación por otras vías (asfalto, turismo, aguas de sentina). El uso de biorreactores para remediar agua contaminada por hidrocarburos es factible. Nuestro grupo ayudó a que el Caribe Mexicano fuese declarado Área Natural Protegida en 2017.

Bibliografía.

1. Narciso-Ortiz, L., Coreño-Alonso, A., Mendoza-Olivares, D., Lucho Constantino, C. A., & Lizardi-Jiménez, M. A. (2020). *Environ. Sci. Poll. Res.* 27(18), 23035-23047.
2. Medina-Moreno, S. A., Jiménez-González, A., Gutiérrez-Rojas, M., & Lizardi-Jiménez, M. A. (2014). *Rev. Mex. Ing. Quím*, 13(2), 509-516. 3. Lizardi-Jiménez, M. A., Leal-Bautista, R. M., Ordaz, A., & Reyna Velarde, R. (2015). *Desalin. Water Treat.* 54(1), 44-49.
4. Sandoval-Herazo, E. J., Espinosa-Reyes, G., Vallejo-Perez, M. R., Flores-Ramirez, R., Pérez-Vazquez, F., García-Cruz, N. U., & Lizardi Jiménez, M. A. (2020). Rev. Mex. Ing. Quím. 19(Sup. 1), 101-110. 5.Castañeda, M. R., Isidor, P. Á., Lango, F., & Lizardi-Jiménez, M. A. (2020). *Environ. Poll.* 266 (1) 115171.

ESTABLECIMIENTO DE UN CULTIVO DE *Typha latifolia* EN UN SISTEMA DE HIDROPONÍA AXÉNICO Y SU EVALUACIÓN EN EL PROCESO DE RIZOFILTRACIÓN DE CADMIO

Gisela Adelina Rolón-Cárdenas[1,2]; Alejandro Hernández-Morales[1,2], Jackeline Lizzeta Arvizu-Gómez[3], Ruth Elena Soria-Guerra[1], Ma. Catalina Alfaro-De la Torre[1], Candy Carranza-Álvarez[1,2]

[1]Facultad de Ciencias Químicas, UASLP, Manuel Nava 6, Zona Universitaria, San Luis Potosí, S.L.P., C.P. 78210.[2]Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca, UASLP, Romualdo del Campo 501, Fracc. Rafael Curiel, Ciudad Valles, S.L.P. C.P. 79060. [3]Secretaria de Investigación y Posgrado, Universidad Autónoma de Nayarit. Correo electrónico: gisela.rolon@uaslp.mx

Palabras clave: Typha latifolia, cultivo in vitro, rizofiltración

Introducción. Las plantas del género *Typha* son macrófitas emergentes que crecen de manera natural en humedales con altos niveles de contaminación. Se ha demostrado que estas plantas son capaces de remover y acumular elementos tóxicos como el Cadmio (Cd) (1). Los experimentos en sustrato son los métodos tradicionales para estudiar el efecto del Cd en planta, sin embargo, este efecto puede ser subestimado porque los iones metálicos pueden ser retenido en las partículas del suelo o en el material de soporte. También
se ha evaluado el efecto del Cd en plantas de *Typha* usando sistemas de hidroponía no estériles (2), sin embargo, bajo estas condiciones de cultivo no se toma en cuenta la contribución de los microorganismos presentes en el
sustrato o asociados a las raíces de las plantas. El objetivo de este trabajo fue establecer el cultivo de *T. latifolia* en un sistema de hidroponía axénico, donde se pudiera evaluar el proceso de rizofiltración de Cd.

Metodología. Las semillas de *T. latifolia* se desinfectaron y germinaron durante 5 días en agar MS 0.2x. Posteriormente, se transfirieron a sistemas de hidroponía desarrollados por Alatorre-Cobos *et. al* (3) que contenían medio MS 0.2x pH 5.7 suplementado con 1 % (p/v) de glucosa. Los sistemas se incubaron durante 60 días a 30 °C, bajo luz fluorescente y un fotoperiodo de 16 h luz y 8 h oscuridad. Para evaluar la remoción de Cd, las plantas se mantuvieron durante 10 días en medio MS 0.2x pH 5.7 sin glucosa adicionado con Cd. Los medios y tejidos vegetales se analizaron por EAA.

Resultados. Durante los 60 días de incubación, las plantas de *T. latifolia* se mantuvieron creciendo en los sistemas de hidroponía usando el medio inicial. No se observó el desarrollo de microorganismos en los sistemas o el medio de cultivo. A los 60 días se obtuvieron plántulas con un evidente desarrollo de brotes y raíces (Fig. 1).

Las plantas se expusieron a Cd durante 10 días con la finalidad de evaluar su capacidad para removerlo del medio de cultivo y acumularlo en sus tejidos. Se observó que el Cd en el medio disminuyó de 8.4 ± 0.03 a 5.3 ± 0.36 mg/L, sugiriendo una acumulación de Cd en los tejidos de la planta.



Fig. 1. Apariencia de las plantas de *T. latifolia* de dos meses de crecimiento en el sistema de hidroponía estéril.

El Cd se identificó tanto en raíces como en brotes, a concentraciones de 2970 ± 65 y 406 ± 59 µg/g PS, respectivamente (Tabla 1).

		Control	Tratamiento Cd
Concentración Cd en medio (mg/L)	Inicial	N. D.	8.4 ± 0.03
	Final	N. D.	5.3 ± 0.36
Concentración Cd en planta (µg/g PS)	Brotes	N. D.	406 ± 59
	Raíz	N. D.	2970 ± 65

N. D: *No detectado*

Tabla 1. Cd detectado en el medio y en plantas de *T. latifolia* posterior a los 10 días de tratamiento.

No se observaron efectos negativos en las plántulas después de la exposición a Cd.

Conclusiones. El cultivo de *T. latifolia* en el sistema de hidroponía permite obtener plántulas axénicas con un importante desarrollo de brotes y raíces, por lo que pueden ser utilizadas en estudios de rizofiltración. Se observó que plantas de *T. latifolia* cultivadas bajo estas condiciones remueven el Cd del medio de cultivo y lo acumulan principalmente en el tejido de la raíz sin mostrar signos de toxicidad.

Agradecimiento. Al Fondo Sectorial de Investigación para la Educación CONACYT CB2017-2018, Convenio A1-S-40454. Fondo de Apoyo a la Investigación, UASLP 2019 C19-FAI-05-40.40, y Fondos Concurrentes UASLP 210920280.

Bibliografía.

1. Bonanno, G. y Cirelli, G. L. (2017). *Ecotoxicol Environ Saf*, 143: 92-101.
2. Xu, W., Shi, W., Yan, F., Zhang, B. y Liang, J. (2011). *Aquatic Botany*, 94: 37-43.
3. Alatorre-Cobos, F., Calderón-Vázquez, C., Ibarra-Laclette, E., *et al*. (2014). *BMC Plant Biology*, 14, 69

EFECTO DE LA RELACIÓN C/N Y USO DE NITRATO O NITRITO SOBRE LA OXIDACIÓN DE METANO.

Betzabe López Estrada, Felipe Martínez Orta, Anne-Claire Texier, Flor Cuervo-López.
Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Departamento de Biotecnología. CDMX, 09350. betlopestrada@gmail.com.

Palabras clave: Desnitrificación, metano, relación C/N.

Introducción. El 14% del inventario total de gases de efecto invernadero (GHG) en todo el mundo está representado por el metano (CH_4), gas con un potencial de calentamiento global 23 veces mayor que el del CO_2 (1). La eliminación biológica de nitrato o nitrito a N_2 de las aguas residuales requiere de donadores externos de electrones (2). El metano puede utilizarse como donador de electrones para realizar la desnitrificación (3). El CH_4 es el principal componente del biogás que se genera *in situ* a partir de la digestión anaerobia, por lo que es ampliamente disponible.
El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad de un lodo desnitrificante para realizar la oxidación de metano acoplada a la reducción de nitrato o nitrito utilizando diferentes relaciones C/N.

Metodología. Se utilizaron dos reactores de lotes secuenciados (SBR1 y SBR2) de 2 L, con un volumen de trabajo de 1.6 L, inoculados con un lodo desnitrificante a una concentración correspondiente de 650 mg proteína/L. Ambos se alimentaron con 150 mg C-CH_4 y con la concentración de nitrato (SBR1) o nitrito (SBR2) correspondiente a las relaciones C/N evaluadas: 0.22, 0.32 y 0.54. Los ciclos de operación se establecieron con los siguientes tiempos: 15 min para llenado, 14.9 d de reacción, 1 h para la sedimentación del lodo y 15 min para el drenado. Se mantuvo un tiempo de residencia hidráulico de 18.4 d. Se tomaron muestras a lo largo de cinco ciclos de operación para establecer el perfil desnitrificante y el comportamiento fisiológico del proceso respiratorio a través de la eficiencia de consumo de metano (E_{CH4}), de nitrato (E_{NO3^-}) o nitrito (E_{NO2^-}) y los rendimientos de producción de nitrógeno molecular (Y_{N2}) y bicarbonato (Y_{HCO3}), como variables de respuesta. Para el comportamiento cinético se calcularon las velocidades específicas de consumo de metano (q_{CH4}), nitrato (q_{NO3^-}) y nitrito (q_{NO2^-}) y producción de bicarbonato ($q_{HCO_3^-}$) y dinitrógeno (q_{N2}).

Resultados. En todos los casos e independientemente de la relación C/N establecida o el aceptor de electrones alimentado, se obtuvieron E_{CH4} > 85% y $E_{NO_3^-}$ o $E_{NO_2^-}$ > 93%, así como $Y_{HCO_3^-}$ > 0.8 mg C-HCO_3^- producidos/mg C-metano consumido y Y_{N2} entre 0.77 y 0.99 mg N_2 producidos/mg N-NO_3^- o NO_2^- consumido, lo cual evidencia que la oxidación de metano estuvo acoplada a

la reducción de nitrato o nitrito. Se encontraron diferencias estadísticas entre los valores de q_{CH4}, q_{NO3^-}, q_{NO2^-}, $q_{HCO_3^-}$ y q_{N2}. según la C/N o aceptor de electrones utilizado (Fig 1).

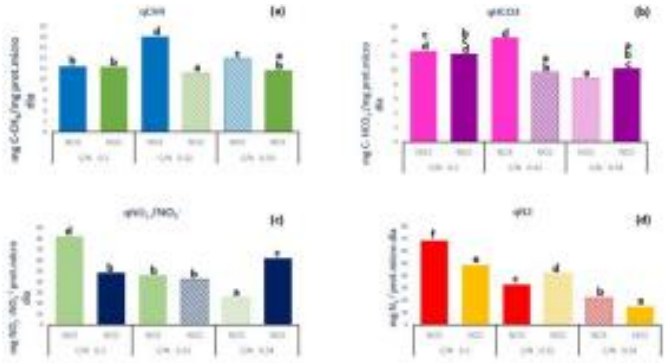


Fig. 1. Velocidades de consumo de sustratos y formación de productos con las diferentes relaciones C/N. (a) Velocidad de consumo de metano usando nitrato, color azul ($SBR_{CH4\text{-}NO_3^-}$) o nitrito, color verde ($SBR_{CH4\text{-}NO_2^-}$). (b) Velocidad de producción de bicarbonato usando nitrato, color rosa ($SBR_{HCO_3^-\text{-}NO_3^-}$) o nitrito, color morado ($SBR_{HCO_3^-\text{-}NO_2^-}$). (c) velocidad de consumo de nitrato, color verde ($SBR_{NO_3^-}$) o nitrito, color azul ($SBR_{NO_2^-}$). (d) Velocidad de producción de nitrógeno molecular usando nitrato, color rojo ($SBR_{N2\text{-}NO_3^-}$), o nitrito, color amarillo ($SBR_{N2\text{-}NO_2^-}$). Las barras con la misma letra(s) a, b, c y d indican que no hay diferencia significativa entre ellas.

Los resultados generados en el presente trabajo evidenciaron que el mayor efecto del aceptor de electrones y de la relación C/N en la oxidación de metano, se observa sobre el comportamiento cinético del proceso desnitrificante.

Conclusiones.
Con la C/N= 0.32 y el uso de nitrato, se obtuvieron las q_{CH4} y $q_{HCO_3^-}$ más altas. Al utilizar nitrato, la q_{N2} resultó 2.1 veces mayor que la q_{N2} cuando se usó nitrito.

Agradecimiento. Consejo Divisional de la DCB de la UAM Iztapalapa.

Bibliografía.

1. Panel Intergubernamental del cambio climático (IPCC). (2001)
2. He Z, Wang J, Zhang X, Cai Ch, Geng S, Zheng P, Xu X and Hu B. (2015). *Environ Biotechnol* 99:10853-10860.
3. Ettwig K, Shima S, Van de Pas-Schoonen K, Kahnt J, Medema M, Op den Camp H, Jetten M and Strous M. (2008). *Environ Microbiol* 75(11): 3656-3662

BIORREACTORES AIRLIFT EN LA REMEDIACIÓN DE HIDROCARBUROS ALIFÁTICOS EN RÍOS Y LAGUNAS DE SAN LUIS POTOSÍ

E.J. Sandoval-Herazo[1], G. Espinosa-Reyes[2], M.R. Vallejo-Pérez[3], R. Flores-Ramírez[3], F. Pérez-Vazquez[3], N.U. García-Cruz[4], M.A. Lizardi-Jiménez[5], Universidad Autónoma de San Luis Potosí, PMPCA, San Luis Potosí C. P. 78210[1], Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Facultad de Medicina, San Luis Potosí C. P. 78210[2], Universidad Autónoma de San Luis Potosí, CIACYT, San Luis Potosí C. P. 78210[3], Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Recursos del Mar, Mérida C. P. 97310[4], CONACYT-Universidad Autónoma de San Luis Potosí, LGAC Estudios Sociales, San Luis Potosí C. P. 78210[5], manuel.lizardi@uaslp.mx.

Palabras clave: hidrocarburos, biorreactores, cuerpos de agua.

Introducción. Los hidrocarburos pueden contaminar todo tipo de ecosistemas, pero afectan particularmente a los ecosistemas acuáticos (1). Los hidrocarburos típicamente estudiados son los hidrocarburos alifáticos (HA), usados por lo general para identificar las fuentes de contaminación por petróleo y los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP), estudiados más por sus efectos adversos en organismos acuáticos (2). No obstante, aunque los estudios suelen centrarse en los PAH, la biorremediación de los HA también es importante para la remediación en áreas contaminadas (3). Una importante alternativa para la remediación es el empleo de bacterias debido a su rápida adaptabilidad (4).

Asimismo, con el fin de mejorar la eficiencia en la biorremediación con bacterias hidrocarbonoclastas se suele emplear biorreactores, como los biorreactores airlift (BAL) (5).

El objetivo es identificar los hidrocarburos alifáticos contaminantes en ríos y lagunas de San Luis Potosí y evaluar la capacidad de degradación de un biorreactor airlift.

Metodología. Los muestreos de agua se realizaron en 4 puntos: Laguna Chajir, Puente de Dios, Río Tampaón y Laguna Media Luna, con base a la norma mexicana NMX-AA-014-1980 y el proyecto de norma mexicana PROY-NMX-AA-121/1- SCI-FI-2008 (3). Se empleo un BAL con las siguientes relaciones geométricas D2/D1 = 0.65 yL2/L1 = 0.77 y con un consorcio formado por *Acinetobacter bouvetii, Shewanella sp., Defluvibacter lusatiensis* y *Xanthomonas sp.* Donde se evaluó el crecimiento de biomasa y el diésel residual (3).

Resultados. Las concentraciones más altas de hidrocarburos en los puntos de muestreo fueron las del pentadecano, eicosano, heneicosano, heptacosano y octacosano, que superaron en algunos puntos de muestreo los 15 mg L-1 del límite máximo de descarga permisible de aguas residuales en agua dulce (LMDP) de la norma oficial mexicana NOM-143-SEMARNAT-2003.

De los 13,000 mg L-1 de diésel iniciales en el biorreactor, solo quedaron 230 ± 150 mg L-1luego de 10 días.

Tabla 1. Hidrocarburos alifáticos en cuerpos de agua de San Luis Potosí. puntos de muestreo: Laguna Chajir, Puente de Dios, Río Tampaón y Laguna Media Luna, fecha de muestreo (junio 2019).

Hidrocarburos	Puntos de muestreo (concentración mg L^{-1})			
	Laguna Chajir	Puente de Dios	Río Tampaón	Laguna Media Luna
Pentadecano (C_{15})	3.53 ± 0.99	0.38 ± 0.08	36.83 ± 8.02	1.71 ± 0.62
Eicosano (C_{20})	622.30 ± 159.28	44.41 ± 15.85	2603.22 ± 1202.09	333.40 ± 116.11
Heneicosano (C_{21})	1.20 ± 0.26	-	3971.21 ± 2260.45	-
Heptacosano (C_{27})	15.24 ± 3.99	1.01 ± 0.39	7.82 ± 1.62	0.23 ± 0.14
Octacosano (C_{28})	25.34 ± 0.18	15.69 ± 0.32	17.85 ± 0.09	17.57 ± 0.46

Conclusiones. En todos los cuerpos de agua estudiados de San Luis Potosí hay presencia de hidrocarburos. El eicosano, heneicosano, octacosano y heptacosano, presentaron concentraciones por encima del LMDP. La actividad agrícola se perfila como la principal fuente de contaminación por hidrocarburos en Puente de Dios y el Río Tampaón, ubicados en la Huasteca Potosina, mientras que en Laguna Chajir sería la zona de extracción Campo Ébano y en la Laguna de Media Luna influiría más la actividad turística. El BAL fue capaz de degradar el 98.21% del diésel usado como fuente de carbono en 10 días de incubación, por lo cual, se considera una alternativa viable para la remediación de los hidrocarburos encontrados en los puntos de muestreo.

Agradecimiento. Cátedras CONACyT-UASLP (466), FAI-UASLP (C19-FAI-05-49.49), Facultad de Medicina-CIACYT y Laboratorio Nacional CIACYT.

Bibliografía.

(1) Marzooghi S., Di Toro D. M. (2017). Environ. Toxicol. Chem. 36 (5) 1138-1148.
(2) Darilmaz E. (2017). Environ Earth Sci. 76 (5) 1-12.
(3) Sandoval-Herazo E.J., Espinosa-Reyes G., Vallejo-Pérez M.R., Flores-Ramírez R., Pérez-Vazquez F., García-Cruz N.U., Lizardi- Jiménez M.A. (2020). Rev. Mex. Ing. Quím. 19 (1) 71-80.
(4) Ali Khan A. H., Tanveer S., Alia S. Anees, M., Sultan A., Iqbal M., Yousaf S. (2017). Ecol. Eng. 104 158-164.
(5) Nápoles-Álvarez J., Ábalos-Rodríguez A., Rodríguez-Pérez S., Sánchez-Vázquez V., Gutiérrez-Rojas M. (2017). Desalin Water Treat. 86 (OCT) 28-34.

TRATAMIENTO TERCIARIO DE AGUA RESIDUAL EN UN REACTOR DE MEMBRANA AIREADA: DETERMINACIÓN DE LA TASAS DE TRANSFERENCIA DE OXÍGENO Y DE REMOCIÓN DE AMONIO EN AGUA RESIDUAL REAL.

Sussete Nuche Cepeda*, Luis Alberto Arellano García
Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Av. Normalistas 800 Col. Colinas de la Normal Guadalajara, Jalisco, México, 44270
*sunuche_al@ciatej.edu.mx

Palabras clave: Reactor de membrana aireada, tasa de transferencia de oxígeno, tratamiento terciario de agua residual

Introducción. El estudio del tratamiento terciario de agua residual (remoción de nitrógeno y fósforo) contribuye a la protección del ambiente y la reutilización de agua tratada. En este trabajo se utilizó un reactor de membrana aireada (RMAB) para realizar el tratamiento terciario de agua residual real. El objetivo fue determinar la tasa de transferencia de oxígeno (kLa) a través de las membranas y la tasa de remoción de amonio experimental del RMAB y así evaluar su desempeño.

Metodología.

RMAB:19 membranas, V=9.7L, Q=1.6 y 0.4 L/h, Q_{recirc}=9.5L/h, TRH=6h (0-53 d) y 24 h (54-82 d), T= 26- 28ºC, pH=8 controlado con $NaHCO_3$ 1M.

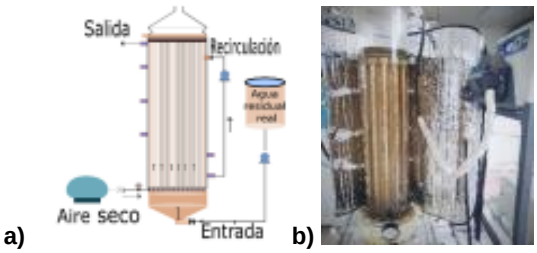


Fig.1. a) Esquema de reactor RMAB. b) Fotografía reactor RMAB

El kLa se evaluó midiendo oxígeno disuelto (OD) siguiendo el método ASCE 002-9 (1) y ajustando los datos de OD al modelo $C = C_{\infty}^{*} - (C_{\infty}^{*} - C_0)e^{(-k_La t)}$. Con el kLa se calculó la tasa de transferencia de oxígeno (OTR). El RMAB se inoculó con biomasa de un reactor de membrana donde se identificaron por secuenciación bacterias AOB, NOB y anammox. La carga de alimentación de amonio al RMAB (L_{NH4}) y el desempeño del RMAB se evaluó a través de mediciones de amoniaco (HACH, Método 1003), nitrito (APHA 4500-NO2) y nitrato (NO_3^-, cromatografía de iones) a la entrada y la salida.

Resultados. Se obtuvieron un valor de kLa de 0.05 h^{-1}, una OTR de 3.1 mg $O_2/L_r h$ y una tasa teórica de remoción de NH_4^+ de 0.9 mg NH_4/L_r h. Con TRH = 6 h la remoción de amonio ($q_{exp}NH_4$) fue de 6% por lo tanto se aumentó el TRH a 24 h para investigar el efecto en el desempeño del reactor.

Tabla 1. Resumen de desempeño en el RMAB.

	Días 41-51	Días 60-68
Conc ent→sal (mgN-NH_4^+/L)	64.5→60.6	61.9→28.7
LNH4 (mgN-$NH_4^+/L_r h$)	10.8	2.6
q_{exp}NH4 (mgN-$NH_4^+/L_r h$)	0.7	1.4
Remoción NH_4^+ (%)	6.0	53
Conversión NH_4^+ a NO_2^- (%)	-4.8	-3.0
Conversión NH_4^+ a NO_3^- (%)	-4.1	4.4

El aumentar el TRH en el RMAB duplicó la tasa de remoción de amonio de 0.7 a 1.4 mgN-$NH_4^+/L_r h$. La capacidad limitada de transporte de oxígeno restringiría la remoción de amonio por parte de las AOB. Sin embargo, la presencia de bacterias anammox, comúnmente encontradas en reactores de membrana (2), explicaría la remoción de amonio sin conversión a nitrito y una producción pobre de nitrato. La identificación por secuenciación de la biomasa del RMAB y pruebas bioquímicas adicionales se encuentran en proceso.

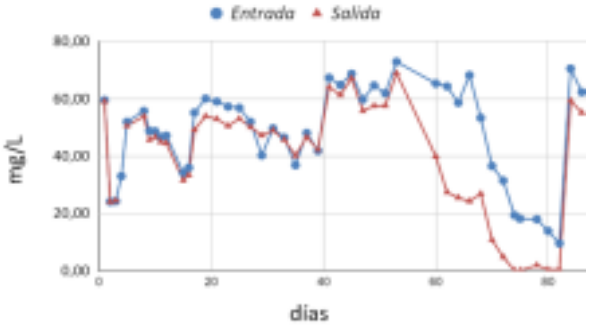


Fig. 2. Concentración de amonio en la entrada y salida en el RMAB. La línea vertical indica el cambio de TRH de 6 h a 24 h.

Conclusiones. La remoción de amonio en un RMAB puede optimizarse a través de los parámetros de operación y la consolidación de la población microbiana.

Agradecimientos. Proyecto 5023 Atención a Problemas Nacionales CONACYT, 2018-2021.

Bibliografía.

(1) ANSI/ASCE 2-91. (1992) *American Society of Civil Engineers Measurement of Oxygen Transfer in Clean Water*. Second Edition (2) Gong, Z., Yanga, F., Liua, S. Baob, H., Hua, S., Furukawa, K. (2007). *Chemospher,*. 69, 776–784

EFECTO DEL AGUA DE RIEGO Y TIPO DE PARCELA SOBRE LA GERMINACIÓN Y DESARROLLO DE ESPECIES VEGETALES CULTIVADAS EN SUELO DE ZONAS IRRIGADAS CON AGUA DEL RÍO ATOYAC

Sara Elizabeth Verdugo Gaxiola[1], Elizabeth García Gallegos[2], Josefina Pérez-Vargas[3], Armando Ariza-Castolo[4], Octavio Gómez Guzmán[1], Fernando Esparza García[1], Héctor Poggi Varaldo[1], Graciano Calva-Calva[*1]
[1]Biotecnología y Bioingeniería, CINVESTAV-IPN, Ciudad de México, 07360, [2]CIGyA, Universidad Autónoma de Tlaxcala, Tlaxcala 90120, [3]DIB, Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec, Ecatepec de Morelos, Estado de México 55210, [4]Química, CINVESTAV-IPN, Ciudad de México, 07360,
Email: *gcalva@cinvestav.mx*

Palabras clave: Biorremediación, Fenología, Contaminación

Introducción. El río Atoyac perteneciente a la cuenta del Alto Balsas, entre los estados de Puebla y Tlaxcala es crónicamente contaminado por efluentes urbanos y de industrias como la textil, automotriz, petroquímica y agrícola (1). Su agua se utiliza para irrigar cultivos de granos y hortalizas que con el tiempo han disminuido considerablemente su productividad. Diversos estudios sugieren que esa caída en la productividad puede ser debida a la acumulación de metales pesados en el suelo (3) y/o el alto contenido de algunos compuestos orgánicos en los efluentes de esas industrias (2), aunque la información en la literatura sobre este tema es escasa.

El objetivo de este trabajo fue investigar el efecto de la irrigación con agua del río Atoyac sobre la germinación y desarrollo de especies vegetales irrigadas con esa agua.

Metodología. Se usó agua del río Atoyac y suelo de zonas agrícolas de una región de Tepetitla de Lardizábal (19°16'44.3"N 98°22'04.0"W) crónicamente irrigadas con agua de ese río. El suelo se caracterizó fisicoquímicamente siguiendo los métodos descritos en la NOM 021. Se realizaron pruebas de fitotoxicidad suelo y agua según el protocolo OECD (2006) y lo reportado por Paradelo en el 2008 (4). Para suelo, se tomaron muestras de parcelas agrícolas divididas en tres secciones de riego y se sembraron con semillas de frijol (*Phaseolus vulgaris*), rábano (*Raphanus sativus*) y maíz (*Zea maíz*). Para agua se tomaron muestras del dren de riego y se usaron semillas de Alfalfa (*Medicago sativa*) que se germinaron *in vitro* en Medio mineral Murashige y Skoog (1962).

Resultados. El suelo presentó pH neutro (6.90±0.09), fue no salino (0.397±0.041 dS/m), con contenido de materia orgánica baja-media (0.7-1.7±0.1), de origen volcánico (0.99-1.30 ±0.16 g/cm³) y textura franco-arenosa. Los estudios de fitotoxicidad con suelo revelaron que la sección de la parcela es determinante para la germinación de algunas especies vegetales, pero para otras no. Fue determinante para frijol (87%) y maíz (97%), observándose una mayor frecuencia en la sección 3, que fue la más alejada del sitio de entrada del agua de riego. Sin embargo, no afectó la germinación de rábano (79%). La fitotoxicidad del agua de riego fue notoria para alfalfa, durante la germinación y las primeras etapas de desarrollo de la planta. La frecuencia de germinación y de sobrevivencia en medio MS preparado con agua del río Atoyac fueron 21% y 64% menor, respectivamente, que en el control preparado con agua desionizada. Aunque el agua de río afectó la longitud de raíz y tallo de plantas de alfalfa, las que germinaron lograron sobrevivir y desarrollarse. En estos, la longitud de la raíz y tallo de alfalfa fue de 7.5 y 5.8 cm (SD=6.4 y 5.2), en comparación con el control preparado con agua desionizada, en el que mostraron longitudes de 11.14 y 8.5 (SD=6.5 y 4.5), respectivamente. El efecto tóxico del agua fue confirmado también con los resultados de crecimiento de las plantas *in vitro*, donde el peso seco de alfalfa en medio MS preparado con agua del río fue de 15 mg/planta, en comparación con 19 mg/planta del tratamiento control.

Por otro lado, las especies vegetales sembradas previamente en cada parcela, denominado aquí como "tipo de parcela" (alfalfa, cebolla y haba) de donde fue muestreado el suelo, fue determinante en el desarrollo de algunas especies vegetales. La longitud de la radícula de las plantas de frijol (5.30±0.5mm) y rábano (3.84±0.28mm) fue mayor en el suelo de la parcela de haba, mientras que la longitud de la radícula de maíz (2.89±0.15mm) fue mayor en el suelo de la parcela de cebolla.

Conclusiones. El agua del río Atoyac afecta negativamente la germinación y desarrollo de algunas especies vegetales cultivadas comúnmente en la zona agrícola de Tepetitla. Este efecto puede deberse a los compuestos presentes en el agua y acumulados en el suelo.

Agradecimiento. Al CONACyT por la beca otorgada al primer autor.

Bibliografía.

1- 1. Hernandez-Ramirez, A.G., Martinez-Taver, E., Rodriguez Espinosa, P.F., Mendoza-Pérez J.F., Tabla-Hernandez, J., Escobedo-Urías, D.C, Jonathan, M.P., Sujitha, S.B. (2019). *Science of the Total Environment*. 669: 1019–1032

2- Castro-González, N.P., Moreno-Rojas, R., Calderón-Sánchez, F., Moreno-Ortega, A., Tamariz-Flores, J.V., (2018). *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. Vol 9, No. 3. https://doi.org/10.22319/rmcp.v9i3.4358

3- Méndez-García, T., Rodríguez-Dominguez, L., Palacios Mayorga, S. (2000). *Terra Latinoamericana*, vol. 18, núm. 4 4- Paradelo R., Moldes A. B., Rodríguez M. y Barral M. T. 2008. Relationship between heavy metals and phytotoxicity in composts. *Cienc. Tecnol. Aliment*. 6: 143-151.

PREVALENCIA DE NITRIFICACIÓN COMPLETA A BAJAS CONCETRACIONES DE OXÍGENO DISUELTO Y SU IMPACTO EN EL PROCESO DE NITRIFICACIÓN PARCIAL

Monserrat Aguilar-Pichardo, Edgardo I. Valenzuela, Guillermo Quijano, Instituto de Ingeniería Unidad Académica Juriquilla, Universidad Nacional Autónoma de México, Querétaro CP 76230.
MAguilarP@iingen.unam.mx.

Palabras clave: Carga de amonio, Nitrificación parcial, Oxígeno disuelto.

Introducción. La remoción de nitrógeno (N) en aguas residuales es un proceso imprescindible en el contexto de una planta de tratamiento de aguas residuales (PTAR), ya que una descarga excesiva de amonio en cuerpos de agua puede causar eutrofización. La remoción convencional de N por nitrificación desnitrificación presenta altos costos energéticos debido a los requerimientos de aireación y adición de materia orgánica, respectivamente [1]. Una alternativa es el proceso de nitrificación parcial (NP) que consiste en la oxidación selectiva de $N\text{-}NH_4^+$ a $N\text{-}NO_2^-$ por bacteria oxidadoras de amonio (AOB) evitando la oxidación completa a $N\text{-}NO_3^-$ al limitar la actividad de bacterias oxidadoras de nitrito (NOB) empleando como parámetro de control principal bajas concentraciones de O_2 disuelto (OD < 1.0 mg L^{-1}) [2]. Además, existen procesos novedosos de remoción de N que dependen del suministro estable y robusto de nitrito, como es el caso de la oxidación anaerobia de amonio (ANAMMOX). El objetivo del presente trabajo fue demostrar que además del control de OD, es necesario tener un control adecuado de la carga de $N\text{-}NH_4^+$ para establecer un proceso estable de NP.

Metodología. El proceso de NP se implementó en un biorreactor de tanque agitado operado en continuo, inoculado con lodo activado proveniente de una PTAR. Se alimentó agua residual sintética conteniendo 200, 400 y 800 mg$N\text{-}NH_4^+$ L^{-1}, entre otros nutrientes [3]. Las cargas de $N\text{-}NH_4^+$ utilizadas fueron de 2.5, 5.1 y 10.1 g$N\text{-}NH_4^+$ m^{-3} h^{-1}, bajo un TRH de 36 h. La operación se dividió en 6 etapas experimentales con diferentes concentraciones de OD (0.4, 0.15, 0.03, 0.3, 0.6 y 0.3 mgO_2 L^{-1}) y cargas de amonio (5.1 g$N\text{-}NH_4^+$ m^{-3} h^{-1} en las fases I-V y VII; 2.5 g$N\text{-}NH_4^+$ m^{-3} h^{-1} en la fase VI y 10.1 g$N\text{-}NH_4^+$ m^{-3} h^{-1} en las fases VIII-X). Se implementó un sistema de control de la dosificación de aire utilizando un sensor óptico de OD Vernier® con monitorización en línea durante todo el experimento. El pH y temperatura se controlaron a 7.5 ± 0.2 y 30 ± 2.8°C, respectivamente.

Resultados. La Figura 1 presenta la distribución de especies de nitrógeno en el biorreactor en las diferentes etapas de operación. En las fases I-VI se mantuvieron concentraciones promedio de OD de 0.2 a 0.7 mgO_2 L^{-1}, así como cargas de amonio de 2.5 y 5.1 g$N\text{-}NH_4^+$ m^{-3} h^{-1}. Se observó que bajo esas condiciones no se estableció una nitrificación parcial, incluso a bajas concentraciones de OD. En la fase X, la carga de amonio se incrementó a 10.1 g$N\text{-}NH_4^+$ m^{-3} h^{-1}, mientras que la concentración de OD se mantuvo en una concentración promedio de 0.9 mgO_2 L^{-1}. Bajo estas condiciones se observó un rápido incremento en la formación selectiva de nitrito hasta alcanzar valores cercanos al 100% a partir del día 137 de operación. Los resultados obtenidos confirmaron que bajas concentraciones de OD (<0.9 mg/L) no son suficientes para establecer un proceso estable de NP, siendo la carga de $N\text{-}NH_4^+$ otro parámetro de control necesario en el proceso.

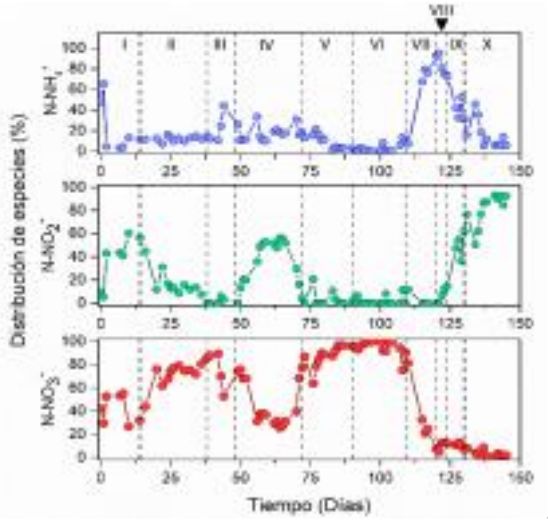


Fig. 1. Distribución de especies de nitrógeno en el efluente durante las diferentes etapas experimentales indicadas con números romanos.

Conclusiones. El presente estudio demuestra que además del control de la concentración de OD, la carga de $N\text{-}NH_4^+$ es un parámetro crítico para llevar a cabo de forma eficiente procesos de NP.

Agradecimiento. Proyecto DGAPA-UNAM PAPIIT TA100121 y CONACYT a través del Proyecto de Ciencias Básicas A1-S-10079.

Bibliografía.

[1] Ge S., Wang S., Yang X., Qiu X., Li B., Peng Y. (2015). *Chemosphere*. 140: 85–98.
[2] Liu X., Kim M., Nakhla G., Andalib M., Fang T. (2020). *J. Environ. Chem. Eng.* 8 (4): 103984.
[3] Vadivelu V.M., Keller J., Yuan Z. (2006). *J. Biotechnol.* 126 (3): 342–356.

ELIMINACIÓN SIMULTÁNEA DE CH_4 Y NO_3^- EN CONTINUO: ESTUDIO DEL DESEMPEÑO DEL REACTOR, EMISIONES DE N_2O Y MICROORGANISMOS INVOLUCRADOS.

Edgardo I. Valenzuela, María F. Ortiz-Zúñiga, Guillermo Quijano. Laboratorio de Investigación en Procesos Avanzados de Tratamiento de Aguas, Instituto de Ingeniería Unidad Juriquilla, UNAM, Blvd. Juriquilla 3001, Querétaro, 76230, México.
Correspondencia: EValenzuelaR@iingen.unam.mx

Palabras clave: gases de efecto invernadero, remoción de nitrato, metanotrofía.

Introducción. La oxidación anaerobia de metano (CH_4) acoplada a la reducción de nitrato (N-OAM, Eq. 1) es una opción para mitigar las emisiones de gases de efecto invernadero producidas en plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) debidas al CH_4 residual no utilizado en la producción de energía [1].

Eq. 1: $5CH_4 + 8NO_3^- + 8H^+ \rightarrow 5CO_2 + 8N_2 + 14H_2O$

Pocos trabajos han explorado el uso del proceso N-AOM en contínuo y a partir de inóculos ampliamente disponibles en la PTAR. Adicionalmente este proceso ha sido escasamente explorado bajo condiciones operacionales relevantes en la PTAR [2].
El objetivo de este trabajo fue implementar el proceso N AOM usando un consorcio bacteriano enriquecido a partir de lodo activado. Se evaluó el efecto de la carga de nitrato (NO_3^-), y la operación semi-contínua de la fase líquida en la remoción de CH_4, la producción de óxido nitroso (N_2O) y en la composición de la comunidad microbiana.
Metodología. Un reactor de tanque agitado fue inoculado con lodo activado aclimatado durante 90 días suministrando CH_4 y NO_3^- como donador y aceptor de electrones, respectivamente. Se controlaron los siguientes parámetros: pH = ~7.5, OD ≤ 0.007 ppm, TRH = 5.5 días. Se suministró CH_4 de forma continua como único donador de electrones. Cargas de NO_3^- de ~22 a 88 g NO_3^- m^{-3} h^{-1} fueron evaluadas a través de cinco etapas. Las concentraciones de CH_4, CO_2, NO_3^-, N_2O y proteína se monitorearon a través del tiempo. Se analizaron las comunidades microbianas mediante secuenciación del gen 16s (ILLUMINA MiSeq)[3].
Resultados. El proceso N-AOM se observó rápidamente registrándose capacidades de eliminación de CH_4 (CE) de ~21 a ~55 g CH_4 m^{-3} h^{-1} a la par de tasas de remoción de NO_3^- de ~6 a ~14 g NO_3^- m^{-3} h^{-1}. Durante ninguna etapa experimental, aún a cargas de NO_3^- tan altas como 88 g NO_3^- m^{-3} h^{-1}, se detectó la producción de N_2O. La adición de 2-bromoetanosulfonato (BES), un inhibidor de la metanotrofía catalizada por arqueas, reveló que la actividad de consumo de CH_4 fue realizada enteramente por bacterias. Esto se confirmó al analizar la comunidad microbiana que estuvo constituida por bacterias en un porcentaje mayor al 99%.

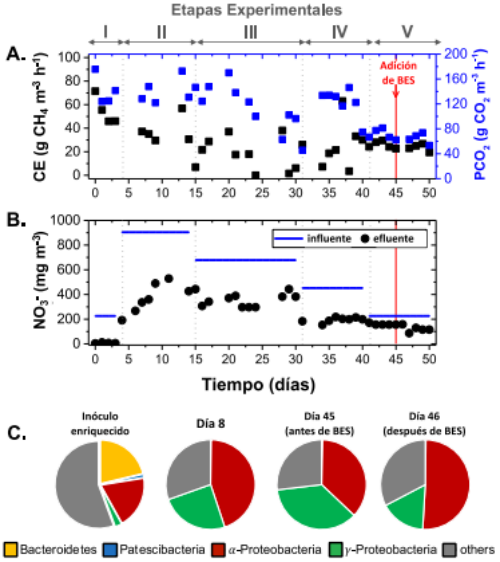


Fig. 1. Evolución del desempeño del reactor (Panel A: oxidación anaerobia de CH_4, Panel B: desnitrificación) y composición taxonómica de las comunidades microbianas a través del tiempo (Panel C).

Los géneros de bacterias predominantes fueron *Pseudomonas*, *Simplicispira* y *Comamonas*; y el género *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium* de las clases γ- y α- Proteobacteria respectivamente.
Conclusiones. Se demostró la factibilidad de implementar un proceso N-AOM catalizado por bacterias enriquecidas a partir de lodo activado. Las tasas de eliminación obtenidas fueron competentes para su aplicación bajo escenarios de operación realistas en PTAR y con nula emisión de N_2O.
Agradecimiento. Este proyecto fue financiado por los proyectos Ciencia Básica A1-S-10079 y PAPIIT DGAPA UNAM TA100121.
Bibliografía.
1. Wang Y., Wang D., Yang Q., Zeng G., Li X. (2017). *Bioresour. Technol.* 234, 799-802.
2. López J. C., Porca E., Collins G., Pérez R., Rodríguez-Alija A., Muñóz R., Quijano G. (2017). *Biotechnol. Bioeng*. 114, 665-673.
3. Valenzuela E. I., Ortíz-Zúñiga M. F., Carrillo-Reyes J., Moreno Andrade I., Quijano G. (2021). 278, 130441.

EVALUACIÓN DE LA FLEXIBILIDAD METABÓLICA DE UN CONSORCIO DESNITRIFICANTE-NITRIFICANTE DURANTE LA DEGRADACIÓN DE FENOL EN UN REACTOR SBR

Cinthya Caballero-Santuario, Omar Oltehua-López, Anne-Claire Texier, Flor de María Cuervo-López,
Departamento de Biotecnología, UAM-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco 186 México 09340 CDMX
fmcl@xanum.uam.mx

Palabras clave: Desnitrificación, nitrificación, flexibilidad.

Introducción. El éxito durante el tratamiento de aguas residuales se ha tratado de explicar a través de capacidades metabólicas específicas de los microorganismos presentes, considerando que las comunidades bacterianas tienen actividad metabólica monofuncional. Sin embargo, la función de las comunidades microbianas en el tratamiento de aguas residuales dependerá de las condiciones ambientales imperantes (1). Una característica de algunas especies de bacterias es la versatilidad metabólica que tienen para adaptarse a cambios abióticos (2).

En el presente trabajo, se evaluó la flexibilidad metabólica de un lodo con actividad fisiológica desnitrificante estable, para realizar la desnitrificación y la nitrificación en presencia de fenol.

Metodología. Se utilizó un reactor SBR inoculado con 2 g/L de sólidos suspendidos volátiles de lodo desnitrificante. En la primera etapa bajo condiciones desnitrificantes, el lodo fue alimentado con fenol y nitrato (20 mg C-C_6H_5OH/L, 20 mg N-NO_3-/L). En una segunda etapa, el mismo lodo fue sometido a cambios ambientales para realizar un proceso nitrificante en el reactor SBR (20 mg C-C_6H_5OH/L, 100 mg N-NH_4^+/L, 250 mg C-HCO_3-/L). Los ciclos de operación (24 h) se definieron con los siguientes tiempos: llenado (7 min), reacción (23 h), sedimentación (36 min), vaciado (17 min). En ambas condiciones ambientales se determinó el perfil respiratorio y se caracterizó la dinámica poblacional mediante la secuenciación de la región V3- V4 del gen 16S ARNr de bacterias. El análisis bioinformático se llevó a cabo utilizando los softwares QIIME2 y R.

Resultados. Bajo condiciones desnitrificantes, el lodo logró el consumo completo de ambos sustratos a partir del ciclo 52 y el proceso desnitrificante completo hasta el ciclo 57 (Fig. 1a). En la segunda etapa, bajo condiciones nitrificantes, el lodo logró después de 58 ciclos de operación un consumo total de fenol a las 4 h y amonio a las 24 h. Bajo estas condiciones, el amonio fue oxidado a nitrito como producto mayoritario. El proceso nitrificante fue mejorando paulatinamente a través de los ciclos y a partir del ciclo 100, la oxidación de amonio a nitrato se llevó a cabo durante las primeras 22 h, mientras que el consumo de fenol se mantuvo dentro de las 4 h (Fig. 1b). El género dominante en ambas condiciones fue *Thauera,* con una mayor abundancia bajo condiciones nitrificantes (>55%).

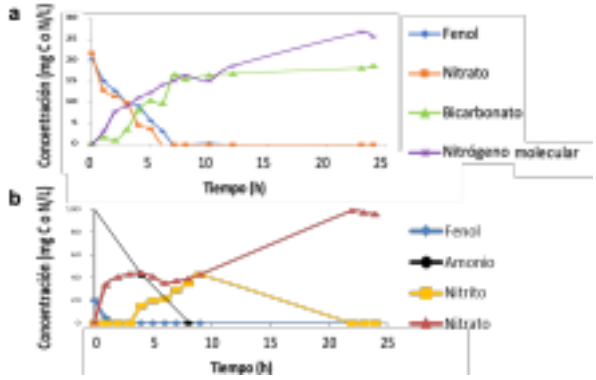


Fig. 1. Perfiles cinéticos. a) Condiciones desnitrificantes ciclo 57. b) Condiciones nitrificantes ciclo 100.

El género *Zooglea* tuvo el mayor porcentaje de abundancia durante el proceso desnitrificante (>15%) asociado a la presencia de posibles especies que contienen la enzima *napA* (3). Mientras tanto el género *Nitrosomonas* asociado con la oxidación del amonio a nitrito tuvo el mayor porcentaje (>15%) durante el proceso nitrificante (Fig. 2).

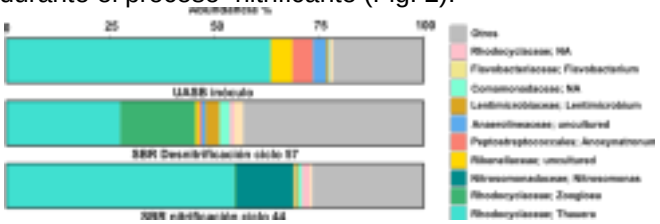


Fig. 2. Abundancia relativa bacteriana a nivel de género.

Conclusiones. La flexibilidad metabólica del lodo permitió la eliminación completa de nitrato en condiciones desnitrificantes y amonio bajo condiciones nitrificantes, procesos asociados a la presencia de los géneros dominantes *Thauera, Zooglea y Nitrosomonas.*

Agradecimiento. Consejo Divisional de la DCBS de la UAM-Iztapalapa y CONACYT (CB-2015-01-255740).

Bibliografía.

1. Och H, Lücker S, Albertsen M, Kitzinger K, Herbold C, Spieck E., et al. (2015). *Proc Natl Acad Sci U S A.*112:11371–6.
2. Rojo F., (2010). *FEMS Microbiol Rev*. 34:658–84.
3. Huang A, Chen H, Chen L., et al. (2008). *JES*. 20(6):745–52.

EVALUACIÓN FISIOLÓGICA Y CINÉTICA EN UN REACTOR POR LOTES SECUENCIADOS DURANTE LA REACTIVACIÓN POST-ALMACENAMIENTO A LARGO PLAZO DE UN LODO NITRIFICANTE.

Daniel Maturano Carrera; Omar Oltehua López; Flor de María Cuervo López; Anne-Claire Texier,
Departamento de Biotecnología, UAM-Iztapalapa. Av San Rafael Atlixco 186 México C.P. 09340 CDMX.
Correo-e: actx@xanum.uam.mx.

Palabras clave: Almacenamiento a largo plazo, Nitrificación, Reactivación.

Introducción. La nitrificación es un proceso biológico importante en la eliminación de NH4 + de aguas residuales (1). Es realizado por bacterias litótrofas a través de dos vías aerobias: la amonio y la nitrito oxidación (2). Es sensible a numerosos factores ambientales, capaces de ocasionar la pérdida de la actividad nitrificante (3). El estudio de lodos nitrificantes con capacidad simultánea de oxidar amonio y contaminantes orgánicos es de gran interés actualmente (1). Es necesario evaluar la posibilidad de almacenar lodos nitrificantes como fuente de inóculo para fines de bioaumentación o estudios básicos. El objetivo principal fue evaluar la capacidad de reactivación y estabilización de los procesos amonio y nitrito oxidantes en un lodo nitrificante después de su almacenamiento a largo plazo (1 año).

Metodología. Se utilizó un lodo proveniente de un reactor SBR con actividad nitrificante estable (eficiencia de eliminación de amonio (ENH4 +) de 100%, sin acumulación de nitrito y rendimientos de formación de nitrato (YNO3 -) de 0.87 mg N-NO3 − /mg N-NH4 + consumido) y capacidad para biodegradar ampicilina (AMP). El lodo fue almacenado a 4°C durante un año. Posteriormente, fue reactivado en un reactor SBR bajo condiciones nitrificantes. A través de los ciclos de operación, se evaluó el proceso biológico, fisiológica y cinéticamente, en sus etapas amonio y nitrito oxidantes.

Resultados. Después del almacenamiento a largo plazo, el lodo nitrificante fue capaz de reactivar, estabilizar y mejorar fisiológica y cinéticamente su capacidad metabólica a través de los ciclos, tanto en el proceso amonio oxidante como nitrito oxidante (Fig. 1 y Tabla 1). Además, el lodo conservó su capacidad metabólica para consumir 15 mg AMP/L, sin embargo, se afectó el proceso nitrito oxidante con acumulación de nitrito (Fig. 2 y Tabla 1).

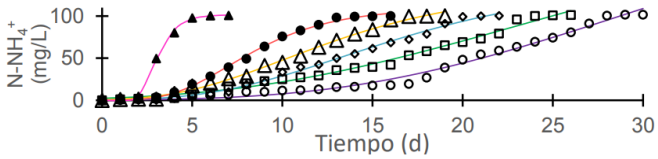


Fig. 1. Perfiles cinéticos durante la etapa de reactivación de la actividad nitrificante después del almacenamiento a largo plazo: incremento en el consumo de amonio. Ciclo 1 (○), Ciclo 2 (□), Ciclo 3 (◊), Ciclo 4 (Δ), Ciclo 5 (●), y Ciclo 6 (▲). Valores experimentales (símbolos) y datos ajustados por el modelo de Gompertz (línea continua).

Tabla 1. Evaluación fisiológica y cinética de la recuperación en la actividad nitrificante del lodo post almacenamiento

Fase	Ciclo	TRCA	YNO_2^-	YNO_3^-	qNH_4^+	qNO_3^-
Reactivación	1	28	NM	NM	0.014±0.001	NM
	2	24	0.84±0.02	0.14±0.01	0.012±0.001	0.007±0.001
	3	21	0.50±0.02	0.49±0.02	0.014±0.001	0.012±0.002
	4	17	0.05±0.02	0.94±0.01	0.016±0.001	0.024±0.004
	5	15	0	0.99±0.01	0.024±0.002	0.021±0.005
	6	6			0.201±0.002	0.165±0.001
Estabilización	7-17	0.4	0	0.98±0.01	1.2±0.1	1.2±0.1
Adición AMP	18	0.4	0.28±0.01	0.72±0.02	1.2±0.1	0.96±0.01
	21					

YNO_2^- = mg $N\text{-}NO_2^-$/mg $N\text{-}NH_4^+$ consumido, YNO_3^- = mg $N\text{-}NO_3^-$/mg $N\text{-}NH_4^+$ consumido, NM: no medido, qNH_4^+ = mg $N\text{-}NH_4^+$ consumido/mg proteína d, qNO_3^- = mg $N\text{-}NO_3^-$producido/mg proteína d, TRCA=Tiempo requerido para el consumo total de amonio (d).

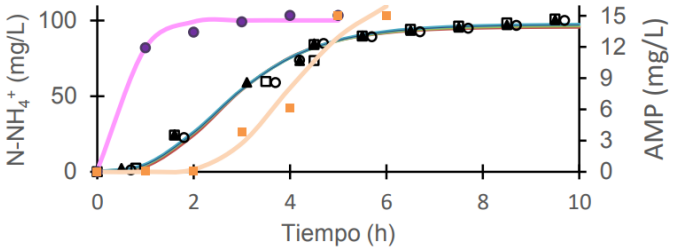


Fig. 2. Perfiles cinéticos del lodo nitrificante con 15 mg AMP/L: Incremento en el consumo de amonio: Ciclo 17, estabilización (▲), Ciclo 18 (○), Ciclo 21 (□). Incremento en el consumo de AMP: ensayo abiótico (■), eliminación de AMP por vía biológica (●). Valores experimentales (símbolos) y datos ajustados por el modelo de Gompertz (línea continua).

Conclusiones. El presente estudio muestra la recuperación de la actividad amonio y nitrito oxidante de un lodo, después de su almacenamiento a largo plazo, así como su posible uso como biosemilla para procesos nitrificantes o como inóculo para estudios básicos.

Agradecimientos. Consejo Divisional de la DCBS de la UAMIztapalapa y CONACYT (616220).

Bibliografía.

1.Lu J., Guo Z., Kang Y., Fan J., Zhang J. (2020). Ecotoxicol. Environ. Saf. 205: 111330.
2.Tang H.L. & Chen H. (2015). Bioresour. Technol. 190: 76-81.
3.Sahaya Sukeetha D., Dinesh Kumar S., Manikandan A., Akila V., Santhanam P., Rajakumar S. (2020). Arab. J. Sci. Eng. 45(1): 1-13.

ASOCIACIÓN DE *Vibrio cholerae* A VARIABLES FISICOQUÍMICAS DE LA LAGUNA DE CAJITITLÁN, JALISCO.

Osiris Díaz Torres, Nidia Zarai Martínez Gómez, Ofelia Yadira Lugo Melchor.
Unidad de Servicios Analíticos y Metrológicos. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A. C. Guadalajara, Jalisco, México. C.P. 44270.
E-mail: ylugo@ciatej.mx

Palabras clave: Cólera, Parámetros fisicoquímicos, Laguna de agua dulce subtropical

Introducción. *Vibrio cholerae* se encuentra típicamente en ambientes estuarinos o costeros, y la mayoría de las cepas toxigénicas residen en climas subtropicales. La transmisión del cólera desde fuentes de agua dulce ocurre, pero típicamente en regiones del mundo donde las cepas patógenas son endémicas (1) y las condiciones fisicoquímicas como el contenido de nutrientes, temperatura, pH, la presencia de fitoplancton, entre otros, son favorables para este microorganismo (2-4). El objetivo de este estudio fue asociar la prevalencia de *V. cholerae* a diversas variables fisicoquímicas analizadas en la Laguna de Cajititlán, Jalisco.

Metodología. Un total de 200 cepas de *V. cholerae* aisladas durante los meses de junio-septiembre de 2018,de cinco sitios y dos profundidades de muestreo de la Laguna de Cajititlán, se asociaron a parámetros fisicoquímicos: oxígeno disuelto (OD: mg/L^{-1}), temperatura del agua (WT: °C), conductividad eléctrica (EC: mS/cm^{-1}) turbidez (TUR: UTN), pH, ORP (mV), NH_4^+ (mg/L^{-1}), NO_3^-(mg/L^{-1}), algas verde-azules (BGA-PC: cell/mL^{-1}), clorofila-*a* (µg/L^{-1}), fósforo y nitrógeno total (TN, TP: mg/L^{-1}), analizados de la laguna en el periodo de muestreo de esta bacteria, utilizando una sonda multiparamétrica (YSI 6600 V2). La correlación entre estos parámetros con la prevalencia de *V. cholerae*, se explicó a través de un análisis de componentes principales (ACP) y una matriz de correlación.

Resultados.

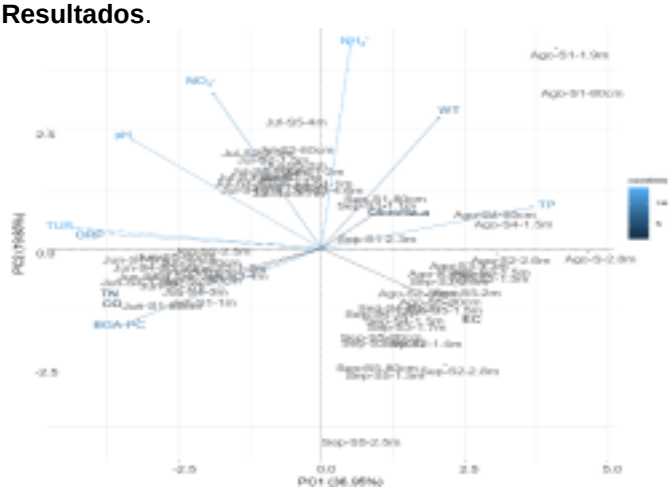


Fig. 1. ACP de las variables fisicoquímicas y la prevalencia de *V. cholerae* por mes, profundidad y sitio de muestreo.

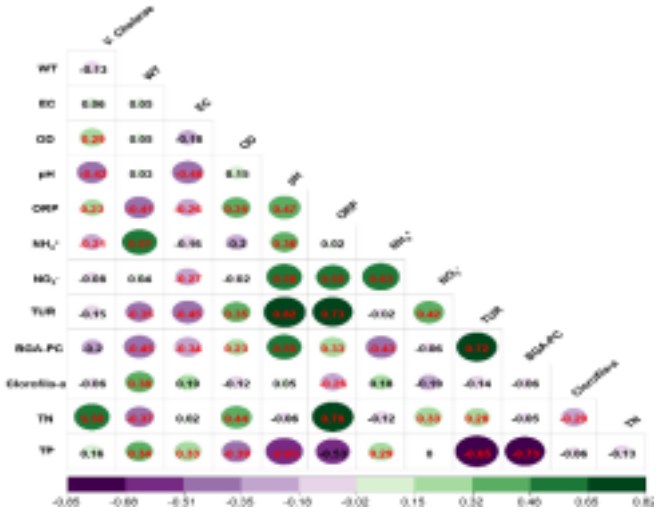


Fig. 2. Matriz de correlación de las variables fisicoquímicas y la prevalencia de *V. cholerae*. Letras rojas: p <0.05.

Las agrupaciones mensuales de los parámetros fisicoquímicos y la prevalencia de *V. cholerae* en el ACP sugieren que las variables significativas en PC1 (pH, ORP, TUR, BGA-PC y TP) y PC2 (WT, pH, NH4+, NO3-) varían entre los meses junio y julio; mientras que en agosto y septiembre no se observaron variaciones (**Fig 1).** La matriz de correlación sugirió que la prevalencia de *V. cholerae* durante el periodo de estudio se correlacionó negativamente con pH y NH4+, y positivamente con TN, ORP y OD (**Fig 2**).

Conclusiones. La prevalencia de *V. cholerae* se asoció a diferentes parámetros fisicoquímicos del agua de la Laguna de Cajititlán, Jalisco. Los resultados obtenidos contribuyen para una mejor comprensión del comportamiento de *V. cholerae* en un cuerpo de agua dulce subtropical.

Agradecimiento. Los autores agradecen al CIATEJ, A.C. por todo el apoyo económico proporcionado para la realización de este trabajo.

Bibliografía.

1. Nair G.B, Sarkar, B.L, De S.P. et al. (1988). *Microb Ecol Mar*. 15(2):203-15.
2. Huq A., Colwell R., Rahman R., et al. (1990). *Appl Environ Microbiol*. 56:2370-2373.
3. Nebel B., Wright R. (1993). *Environmental science: the way the world works*. 4a ed. New Jersey: Prentice Hall.1.
4. Tyler, M.J.G. (1991) *Environmental science*: *sustaining the earth*. 3a ed. San Francisco: Wadsworth Publishing Company.

PRODUCCIÓN DE ÁCIDOS CARBOXÍLICOS DE CADENA MEDIA A PARTIR DE RESIDUOS VITIVINÍCOLAS UTILIZANDO UN SISTEMA DE EXTRACCIÓN EN LÍNEA

Eduardo Hernández-Correa*, Flor de María Cuervo**, Francisco Cervantes*, Germán Buitrón*, *Laboratorio de Investigación en Procesos Avanzados de Tratamiento de Aguas, Unidad Académica Juriquilla, Instituto de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México, Querétaro 76230 ** Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana Iztapala pa, Ciudad de México 09340, GBuitronM@iingen.unam.mx.

Palabras clave: Ácidos carboxílicos de cadena media, elongación de cadena, extracción en línea

Introducción. La elongación de cadena (EC) es el mecanismo mediante el cual un cultivo puro o mixto produce ácidos carboxílicos de cadena media (ACCM). Los ACCM son compuestos de valor agregado que pueden ser producidos a partir de residuos que contengan donadores de electrones *e.g.* lactato o etanol. Las lías vitivinícolas contienen cercal del 13% de etanol por lo que es un residuo atractivo para este proceso (1). Los ACCM ocasionan la inhibición por producto en el reactor frenando el proceso de EC, sobre todo cuando el pH del reactor es cercano al pKa de los ACCM. La forma no disociada es la más tóxica para el cultivo y a pH bajos se encuentra en mayor proporción. Por esta razón, los ACCM deben ser extraídos conforme se da su síntesis con un sistema de extracción en línea (SEEL).

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto del pH (5.2 y 5.5) sobre la producción de ACCM a partir de efluentes vitivinícolas con o sin la integración al proceso de un SEEL de ACCM.

Metodología. Se operó un reactor CSTR como SBR y se inoculó con la comunidad nativa de sedimentos de vino tinto, de la cual se analizó la comunidad microbiana. El volumen de trabajo fue de 6 L y la duración del ciclo fue de 6 d. Durante los primeros 35 d de operación se mantuvo a pH 5.5 y los siguientes 26 d a pH 5.2. Para el día 61 se eligió el pH 5.5 y se implementó el SEEL (Fig. 1), el cual consistió en 2 membranas de contacto (2). Se calculó la tasa de extracción superficial específica ($t_{A,ext}$; $g_{DQO}/m^2/d$), la productividad ($g_{DQO}/L/d$), la eficiencia de extracción (%) y el rendimiento (%).

Resultados. La máxima productividad de caproato (C6) alcanzada a pH 5.5 y 5.2 sin SEEL fue de 0.45 y 0.03 $g_{DQO}/L/d$, respectivamente. Cuando se operó el reactor a pH 5.5 con el SEEL se logró una productividad de C6 de 1.7 $g_{DQO}/L/d$ a una carga de etanol de 2.3 $g_{DQO}/L/d$, un rendimiento de 74% y una $t_{A,ext}$ de 7.4 $g_{DQO}/m^2/d$. En el día 103 se reinoculó debido a la pérdida de biomasa en los filtros. La máxima eficiencia de extracción de C6 fue de 91% en el día 116 (Fig. 2). El CO_2 en el espacio de cabeza disminuyó de 55% a 20-30% una vez que se implementó el SEEL. Es posible que se esté asimilando el CO_2 por microorganismos productores de ACCM como *Caproiciproducens* y *Clostridium kluyveri*, los cuales se encontraron en el análisis del inóculo.

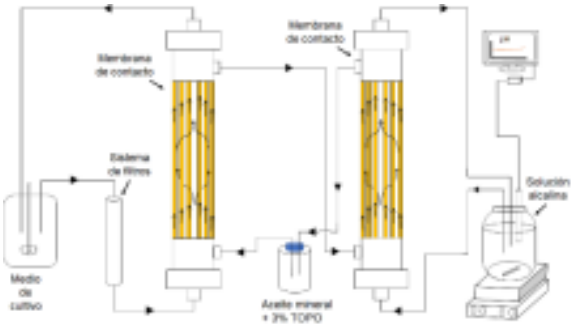


Fig. 1. Sistema de extracción en línea líquido-líquido utilizando dos membranas de contacto.

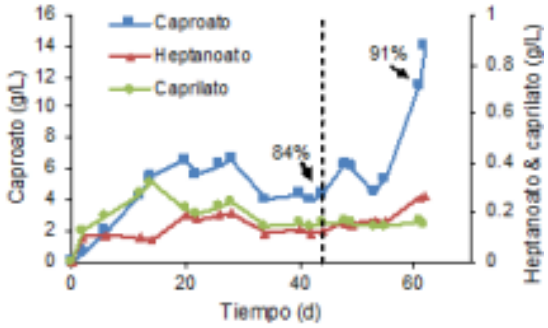


Fig. 2. Caproato, heptanoato y caprilato acumulado en la solución alcalina del sistema de extracción. La línea punteada representa una reinoculación del reactor con contenido ruminal.

Conclusiones. Al operar el reactor a pH 5.5 e implementar el SEEL se incrementa la productividad 3.8 veces y se alcanzan rendimientos de hasta el 74%. El inóculo utilizado contenía microorganismos productores de ACCM.

Agradecimiento. A DGAPA-UNAM por el apoyo a través del proyecto PAPIIT IN105119 y a CONACYT por una beca doctoral asignada a E. Hernández.

Bibliografía.

1. Villegas-Rodríguez S., Buitrón G. (2021). *J. Water Process Eng.* Vol 40: 101784.
2. Kucek L.A., Spirito, C.M., Angenent, L.T. (2016). *Energy Environ. Sci.*, *9*(11): 3482-3494.

INFLUENCIA DEL pH Y LA TEMPERATURA EN LA LA PRODUCCIÓN DE ÁCIDOS HEXANOICO Y OCTANOICO A PARTIR DE EFLUENTES VITIVINÍCOLAS

Sharon Villegas-Rodríguez*, Jorge Arreola Vargas**, Germán Buitrón*. *Unidad Académica Juriquilla, Instituto de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México, Blvd. Juriquilla 3001, Querétaro, 76230, gbuitronm@iingen.unam.mx

Palabras clave: ácidos carboxílicos de cadena media, efluentes vitivinícolas, ácido hexanoico.

Introducción. La elongación de cadena es una fermentación anaerobia que produce ácidos carboxílicos de cadena media (ACCM), como ácido hexanoico (C6), a partir de ácidos grasos volátiles y etanol (1). El pH y la temperatura son parámetros operativos clave que, dependiendo de las condiciones de fermentación, si se trabaja con valores bajos (<7) es posible mejorar la eficiencia del proceso al minimizar la competencia de las bacterias sulfato reductoras y de las arqueas metanogénicas sin elevar altamente los costos de producción por el uso de inhibidores (2). Aunque ya han sido descritas algunas rutas que siguen microorganismos productores de ACCM, solo se han realizado en cultivos puros, por lo que es posible que no se traduzcan en comunidades mixtas más complejas. En este estudio se llevó a cabo el estudio de la influencia del pH y la temperatura en la producción de ACCM, utilizando efluentes vitivinícolas como sustrato.

Metodología. La producción de ácidos carboxílicos de cadena media se estudió utilizando diferentes condiciones de pH (5-7.5) y temperatura (30-40 ºC). Las pruebas se realizaron en botellas serológicas con un volumen de trabajo de 80 mL. Como sustrato se utilizaron efluentes vitivinícolas, la concentración de etanol y ácido acético se ajustó a una relación de 23 g/ 5 g. Como amortiguador de pH se utilizó medio MES. La concentración de inóculo en cada botella fue de 20 g de ST/L, mezcla de micoorganismos nativos de efluentes vitivinícolas y microorganismos ruminales (80/20 %). Las botellas se colocaron en diferentes incubadoras según la temperatura correspondiente con agitación orbital a 150 rpm.

Resultados. La Figura 1 muestra que los microorganismos presentes en el proceso de elongación de la cadena presentan gran sensibilidad a las variaciones de pH, en donde en los cultivos con valores de pH cercanos a la neutralidad se obtuvieron mayores producciones de ACCC pares. La máxima producción de ácido hexanoico (13.6 g/L) y octanoico (6.24 g/L) se obtuvieron a pH 6 y una temperatura de 35 °C (Figura 1(B). Además, es posible observar que los microorganismos prefieren un rango de temperatura de 35-40 °C, lo cual puede estar justificado a la presencia de Clostridiales de los cuales ha sido reportada una temperatura óptima de crecimiento de 37 ºC (3). Por otro lado a pH 5 y 30 °C (Figura 1 A) se obtuvo la mayor producción de ácido heptanoico (5.97 g/L). Por lo que el control de parámetros del proceso como el pH y la temperatura, permite cierto control selectivo de la fermentación en cuanto al ACCM de interés.

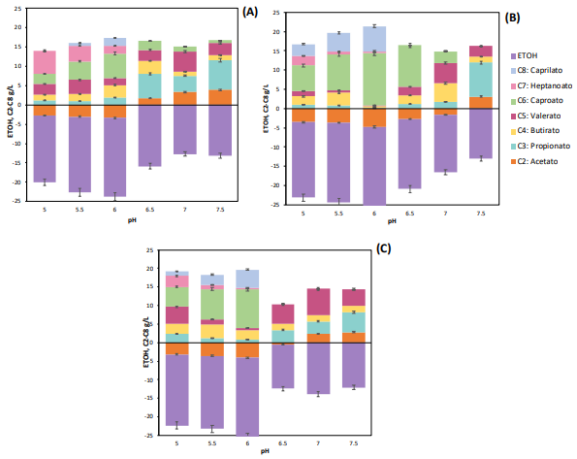


Fig. 1. Tasas netas de producción y consumo durante la fermentación por lotes: (A) 30 °C; (B) 35 °C; (C) 40 °C. Los valores negativos indican el consumo de sustrato, mientras que los valores positivos indican la formación de productos.

Conclusiones. Se encontró que la mayor productividad de ácido caproico y octanoico se obtiene bajo condiciones de pH 6 y 35 °C. Además que aunque la presencia de clostridiales es esencial para la formación de ACCM, es la temperatura y en mayor medida el pH quienes seleccionan los microorganismos y en consecuencia la ruta metabólica que se lleva acabo. Los análisis de la comunidad microbiana indicaron que las ASV para Clostridia y Negativivutes se correlacionaron positivamente con la producción de ACCM.

Agradecimiento. Dirección General de Asuntos del Personal Académico-Universidad Nacional Autónoma de México [Proyecto PAPIIT IN105119].

Bibliografía.

1. de Araujo Cavalcante, Leit˜ao, R.C., Gehring, T.A., Angenent, L.T., Santaella, S.T. (2017). Anaerobic fermentation for n-caproic acid production: a review, Process Biochem. 54: 106–119.
2. Candry, P., Radić, L., Favere J., Carvajal-Arroyo J.M., Rabaey, K., Ganigué R. (2020). Mildly acidic pH selects for chain elongation to caproic acid over alternative pathways during lactic acid fermentation. W. Research. 186: 116396.
3. Weimer, P.J., Stevenson, D.M., (2012). Isolation, characterization, and quantification of Clostridium kluyveri from the bovine rumen. Appl. Microbiol. Biotechnol. 94: 461-466.

DISEÑO DE UN SISTEMA DE CAPTURA DE UN BIOSENSOR PARA LA DETECCIÓN DE COMPUESTOS DISRUPTORES ENDOCRINOS EN AGUA EMBOTELLADA

Francisco Castañeda, Carlo Flores, Nayelhi Alcázar, Brenda Jiménez, Arturo Ortiz, Enrique Ramírez, Jossan Cardona, Aurora Antonio Pérez, Jesús Ismael Calzada, Ana Laura Torres Huerta. Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Campus Estado de México. Carretera Lago de Guadalupe Km.3.5 Atizapán de Zaragoza Col. Margarita Maza de Juarez. CP 52926, Atizapán de Zaragoza, Estado de México.
atorresh@tec.mx

Palabras clave: Biosensor, EDCs, hERα

Introducción. Los Disruptores Endocrinos (EDCs) son contaminantes inocuos y bioacumulables. Se ha reportado su presencia en muestras de agua embotellada y se sospecha que provienen del PET o bien de las instalaciones de embotellamiento del agua (1). Los EDCs se han relacionado con numerosos resultados adversos en la salud humana como anomalías en los órganos sexuales y esperma, endometriosis, pubertad temprana; función alterada del sistema nervioso, problemas de crecimiento neurológico y de aprendizaje; desarrollo de ciertos cánceres; problemas metabólicos, trastornos tiroideos, diabetes y obesidad; así como problemas cardiovasculares (2).

Este proyecto consiste en diseñar un biosensor para la detección y medición confiable de EDCs presentes en agua embotellada de consumo humano.

Metodología. El bisfenol A (BPA), compuesto disruptor endocrino se une a los receptores de estrógeno α (Erα) y β (Erβ) (3). Se planteó el desarrollo del biosensor mediante la inmovilización del receptor de estrógeno humano alfa (hERα) en un sensor piezoeléctrico (4) para establecer un mecanismo de detección confiable, barato y fácil de usar. Para evaluar las capacidades de este receptor en el biosensor, se comenzó a trabajar con el modelado in silico, generándose la estructura de hERα mediante el modelador Robetta. Posteriormente se realizaron los dockings moleculares en SwissDock para determinar la afinidad de diversos ligandos (EDCs) con el hERα (Tabla I). La energía de las interacciones establecidas entre los diversos ligandos y hERα fue evaluada por CHARMM (Chemistry at Harvard Macromolecular Mechanics).

Resultados. Se corroboró, acorde a los parámetros de interacción determinados (ΔG), que los diversos ligandos probados (EDCs en tabla 1) presentaron afinidad de interacción con hERα, de manera similar a su ligando natural (estradiol). Estos resultados demuestran el potencial de hERα como receptor de captura del biosensor para la cuantificación de ECDs. Adicionalmente son una fuerte evidencia de la interrupción y modificación de mecanismos de señalamiento hormonal de los cuales se derivan las problemáticas de salud anteriormente mencionadas y derivadas de la ingesta de EDCs. En la Figura 1(A-D) se muestran las representaciones de los ligandos embebidos en la estructura de hERα, así como sus interacciones en el arreglo con menor energía libre de Gibbs predicho.

Tabla I. Tipo de interacción entre la proteína y el ligando, energía libre de Gibbs mínima detectada y enlaces de hidrógeno detectados.

Ligando	¿*Pocket* o canal?	Energía libre de Gibbs mínima [kcal/mol]	Enlaces de hidrógeno detectados (receptor-ligando)
Ácido perfluoro-octanoico	Canal	-6.3462105	1, Glu65 (1.9627 Å)
Benceno	Canal	-5.3378663	0
BPA	Canal	-6.842196	1, Glu65 (1.8052 Å)
Cloropreno	*Pocket*	-5.5648704	0
Dimetil ftalato	Canal	-6.592853	0
Estradiol	Canal	-7.004971	1, Glu65 (1.8235 Å)
Etilenglicol	Canal	-5.4720025	2, Glu65 (1.8134 Å) y Lys3 (2.2300 Å)
Fenol	Canal	-5.9154863	1, Glu65 (1.8468 Å)

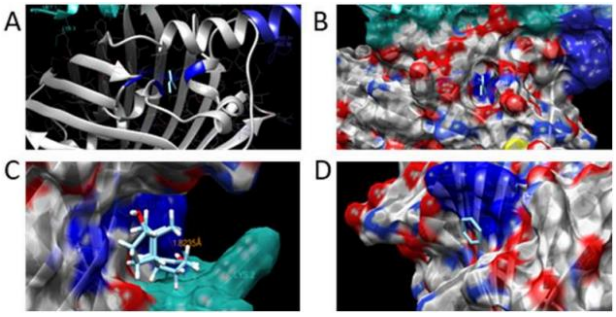


Fig. 1. Interacciones de EDCs con hERα. En azul marino se muestran los aminoácidos cercanos al ligando. (A) Cloropreno-hER*α*. Thr71, Cys103 y Lys118. (B) Cloropreno-hER*α*. La superficie de la proteína se muestra con el ligando en un pocket. (C) Estradiol-hER*α*. Glu65, Thr76 y Leu77. (D) BencenohER*α*. Arg142 y Glu157. Para C y D se muestra la superficie de la proteína se muestra con el benceno en un canal.

Conclusiones. Se determinó una alta espontaneidad y afinidad de interacción de los EDCs evaluados al hERα, validándose su factibilidad como sistema de captura en el biosensor para la cuantificación de contaminantes EDCs.

Agradecimiento. Al apoyo de la jefatura departamental de Bioingeniería de la EIC, ITESM-CEM. Así como al equipo representativo iGEM TecCEM 2021.

Bibliografía.

1. Sax L. (2010). Polyethylene terephthalate may yield endocrine disruptors. Environmental health perspectives, 118(4), 445–448. https://doi.org/10.1289/ehp.0901253
2. Hormone Health. (2018). Endocrine Disrupting Chemicals EDCs. Health tools for patients and caregivers provided by Endocrine Society, 5-10
3. Perez-Lobato, R., Mustieles, V., Calvente, I., Jimenez-Díaz, I., Ramos, R., Caballero-Casero, N., López-Jiménez, F., Rubio, S., Olea, N. & Fernandez, M. (2016) Exposure to bisphenol A and behavior in school-age children. Neurotoxicology 53. 12-19.
4. De Sousa, C. & Manganaiello, L. (2018) Estado del Arte: Aplicaciones de los sensores piezoeléctricos en la detección de elementos contaminantes en alimentos. Universidad de Carabobo, Venezuela.

HIDRÓLISIS ANAEROBIA DE RESIDUOS DE FRUTAS Y HORTALIZAS.

Andrea Nayeli Fonseca Alfaro[1], Jaime Enríquez Arroyo[1], Sergio Esteban Vigueras Carmona[2], Giovanny de Jesús Gutiérrez García [3], María Monserrat Montes García[1], 1. Universidad Mexiquense del Bicentenario, UES Tultitlan, Tultitlán de Mariano Escobedo 54910. 2.Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec, División Ingeniería Química y Bioquímica, Ecatepec de Morelos 55210. 3. Universidad Veracruzana, facultad de Ciencias Químicas, Orizaba 94340,
maria.montes@umb.mx

Palabras clave: Digestión anaerobia, residuos sólidos orgánicos, tamaño de partícula.

Introducción. Durante la degradación anaerobia de residuos sólidos orgánicos se tiene como etapa limitante la conversión de polímeros orgánicos a sus monómeros y dímeros, también llamada hidrolisis, así que es necesario conocer la cinética de la hidrolisis durante la digestión anaerobia. Sanders et al.,(2000) revela que la superficie disponible para la hidrolisis está directamente relacionada con la velocidad de hidrolisis cuando la digestión se lleva a pH y temperaturas constantes, esto para sólidos suspendidos (1). Por lo que el objetivo de este este trabajo es determinar la constante cinética asociada a la superficie para la degradación anaerobia de residuos de frutas y hortalizas.

Metodología. Para los cálculos se asumió que las partículas del sustrato son esféricas y son degradadas por su superficie. El decremento del radio de la partícula con respecto al tiempo se modela con la Ecuación 1

$$R_t = R_0 - \frac{K_{SBK} * t}{\rho} \qquad Ecuación\ 1$$

En donde: Rt es el radio medio de la partícula al tiempo t, en cm, R0 es el radio medio de la partícula al tiempo t=0 en cm, t= tiempo en d, K_{SBK} es la constante de hidrolisis basada en la superficie en g/cm^2 /d, ρ es densidad en g/cm^3 . La eficiencia de degradación (Ef) al tiempo t fue calculada con la Ecuación 2, parte izquierda y el valor de KSBK fue calculado con la sección derecha de la ecuación 2.

$$E_f = \frac{DQO_0 - DQO_t}{DQO_0} = \left\{1 - \left[\frac{\left(R_0 - \frac{K_{SBK} * t}{\rho}\right)^3}{{R_0}^3}\right]\right\} * 100 \qquad Ecuación\ 2$$

En donde: DQO0–DQOt es la demanda química de oxígeno removida, DQO0 es la demanda química de oxígeno a t=0; (4000 mg/L). Se realizaron cinéticas de biodegradabilidad y se calcularon las constantes de hidrólisis anaerobia de residuos de frutas y hortalizas (RFH) a tres tamaños de partícula, θ, (θ = 1 mm,1 mm > θ > 0.5 mm y θ = 2.0 µm). Una vez obtenidas estas contantes se analizaron con el método de Tukey para determinar si existen diferencias significativas entre las medias de las K_{SBK} calculadas.

Resultados. Los resultados obtenidos muestran que la hidrólisis anaerobia de los RFH cambia significativamente con el tamaño de la partícula, Tabla 1. Se observa además que cuando el tamaño de partícula es menor (a 2 µm) hay un descenso en la producción de metano esto debido a la acumulación de AGV que pudieran estar inhibiendo la metanogénesis al mismo tiempo que la hidrólisis, esto asociado a mayores proporciones de propionato en los AGV

Tabla 1. Eficiencia de hidrólisis anaerobia de RFH

Θ (cm)	CH_4 (cm^3) acumulado	AGV (mg)	DQO (mg) removida	Ef (%)
0.10	135±10	34±5	239±29	75±9
0.05	120±35	26±3	233±69	73±22
0.0002	73±4	61±4	175±8	55±3

El metano acumulado se transforma a mg de DQO utilizando el factor de conversión de 418 mL CH4/g DQO (2)

También se observa que la constante de hidrólisis es función del tamaño de partícula, Tabla 2. Sin embargo, se observa que se pierde la proporcionalidad: tamaño de partícula -K_{SBK} cuando el tamaño de partícula es menor a 2 µm, aumentando hasta en un orden de magnitud el valor de K_{SBK}. Cuando se va de 0.05 a 0.1 cm de tamaño de partícula el valor de KSBK aumenta en dos veces. Esto puede implicar que para tamaños de partícula menores a 2 µm el sustrato se comporta como sustrato soluble.

Tabla 2. Valores de K_{SBK} y Biodegradabilidad

Θ (cm)	K_{SBK} g/cm^2/d	Biodegradabilidad (%)
0.10	2.42E-2	78
0.05	1.31E-2	76
0.0002	6.41E-6	70

Conclusiones. Los valores de K_{SBK} permiten concluir que el tamaño de partícula está relacionado directamente a la velocidad de hidrólisis de RFH, hasta cierto tamaño de partícula. Trabajos futuros permitirían establecer cuál es el valor del tamaño de partícula para el cual el sustrato de RFH se empieza a comportar como un sustrato soluble.

Bibliografía.

1. Sanders, W., Geerink, M., Zeeman, G., & Lettinga, G. (2000). Anaerobic hydrolysis kinetics of particulate substrates. Waters Sci and Tech., 41(3), 17–24.

2. Field, J., Sierra, R., & Lettinga, G. (1986). Ensayos Anerobios, Proc of Wastewater Anaerobic Treatments. Valladolid, Spain

PROTEÍNAS DESPLEGADAS EN LA SUPERFICIE DE HONGOS FILAMENTOSOS COMO UN MEDIO PARA ELABORAR BIOFILTROS VERSÁTILES

Francisco Anguiano-Melendrez[1,2], Paul Montaño-Silva[1], Leticia Casas-Godoy[1], Luis Arellano-García[2], Jorge Verdín[1]
Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, [1]Biotecnología Industrial, Zapopan, JAL, México 45019, [2]Tecnología Ambiental, Guadalajara, JAL, México 44270,
Franguiano_al@ciatej.edu.mx

Despliegue de proteínas, biofiltración, N. crassa

Introducción. La contaminación de los principales cuerpos de agua es una de las grandes problemáticas de nuestros días. Entre los principales residuos peligrosos que se vierten por las industrias destacan los metales[1]. Los procesos convencionales actuales no logran removerlos con eficacia, normalmente son de alto costo y difícil instalación. Una alternativa es el uso de sistemas biológicos y su mejoramiento por ingeniería genética.

Los hongos filamentosos son una opción idónea por la composición de su pared celular, además que, el despliegue de proteínas, que consiste en fusionar proteínas funcionales al exterior del microorganismo, promete aumentar su capacidad de remoción de metales.

En este trabajo pretendemos diseñar biofiltros versátiles que contengan al hongo *Neurospora crassa* desplegando en su superficie péptidos afines a Al, Cu y Zn, utilizando PIR-1(NCU04033), una proteína residente de la pared celular, como ancla por su capacidad de escisión bajo condiciones alcalinas. El sistema será expresado bajo el control del promotor constitutivo *Ptef 1* y dirigido al locus *his-3*. Además, el sistema estará acoplado a la producción de virtualmente cualquier metabolito de interés para hacerlo económicamente sostenible.

Metodología. Las cepas de *N. crassa* se transformaron mediante la técnica de Margolin[2]. Los plásmidos utilizados son producto de edición de plásmidos preexistentes [3], donde se insertó la secuencia codificante para el péptido afín al metal mediante PCR, digestión y ligación enzimática. La cuantificación de lípidos acumulados se hará según lo descrito por Roche[4] y la cantidad de metales removidos se determinará por absorción atómica[5].

Resultados.

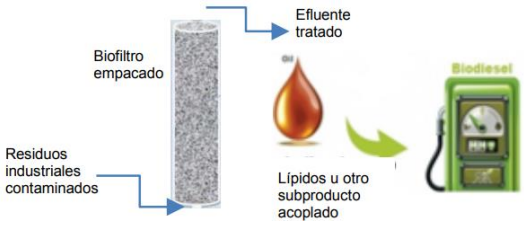


Fig. 1. Sistema propuesto de biofiltración de efluente industrial acoplado a producción de bioproducto.

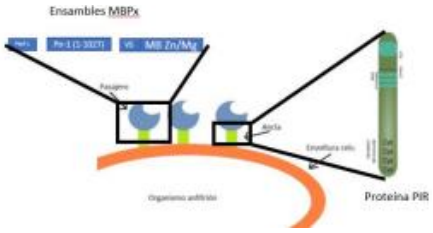


Fig. 2. Diseño del sistema de despliegue en el organismo anfitrión *N. crassa*

Conclusiones. El despliegue de proteínas funcionales en la superficie, sobre todo de hongos filamentosos, es una opción prometedora y una alternativa a procesos convencionales de remoción de metales, que al mismo tiempo puede producir metabolitos de interés. Se presentarán los resultados obtenidos hasta el momento.

Agradecimiento. FODECIJAL-COECYTJAL (proyecto 8186-2019)

Bibliografía.

1. C. E. A. Jalisco (2012). Resultados del monitoreo río Santiago, río Zula y arroyo el Ahogado de junio de 2012.
2. Margolin, B. S. (1997). Improved plasmids for gene targeting at the his-3 locus of Neurospora crassa by electroporation. Fungal Genetics Reports,34-36.
3. Montaño-Silva, P. (SP). Tesis de maestria.
4. Roche, C. M., Glass, N. L., Blanch, H. W., and Clark, D. S. (2014). Engineering the _lamentous fungusNeurospora crassafor lipid production from lignocellulosic biomass. Bio-technology and Bioengineering, 1097-1107.
5.Ueda, M. (2016). Establishment of cell surface engineering and its development. Bioscience, Lípidos u otro Biotechnology, and Biochemistry, 1243-1253

GENERACIÓN DE BIOGÁS A PARTIR DE SARGAZO

Angie Labarrios[1], Kenia Ortíz[1], Reyna I. Rodríguez[1] y Florina Ramírez[2]
[1]*Universidad Tecnológica de Nezahualcóyotl, Circuito universidad tecnológica S/N Col. Benito Juárez, Cd. Nezahualcóyotl, Edo. México. (55) 80872573*
e-mail: angiee1sanchezz1@gmail.com

[2]*Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, 09340 Iztapalapa*

Introducción. El Sargazo fue utilizados como sustrato ya que por su composición de carbohidratos esta materia es accesible para que microorganismos puedan interactuar con los polisacáridos1 en un sistema de digestión anaerobia de dos etapas, es eficaz cuando se tratan residuos con alta carga orgánica2 ; hidrólisis y acidogénesis en un reactor de lecho escurrido (RHALE) y metanogénesis de los lixiviados en un reactor UASB. De acuerdo con su origen y por la alta intervención de la sal se aplicaron dos tratamientos para la fermentación; el sargazo lavado y con presencia de sal. Por lo que el objetivo de este trabajo es evaluar la producción de biogás del sargazo mediante la digestión anaerobia en dos etapas: la fermentación en un Reactor Hidrolítico Anaerobio de Lecho Escurrido (RHALE) y la metanización de los lixiviados generados en un reactor UASB.

Metodología. La planta del Sargazo fue extraída directamente de Playa del Carmen al sur de Cancún, Quintana Roo y trasladada de manera seca y por paquetería hacía la Ciudad de México. Cada planta fue cortada en trozos y molida a un tamaño de partícula de 1 cm en un molino marca TORREY-M12-FS. Los reactores consistieron en columnas de vidrio de 200 mL de volumen, en la parte inferior de forma de cono invertido para la recolección del lixiviado drenado, y en la parte superior el reactor cuenta con una manguera para la adición del influente que ayuda como volumen de escurrimiento de los compuestos solubles del reactor. Los experimentos se conformaron como se muestra en la siguiente tabla:

Tabla 1. Diseño experimental de la digestión anaerobia en lote de la fracción sólida de sargazo

Tratamiento	Sargazo (g)	Efluente (mL/d)
Con sal	55	8.5
Lavado	85	8.5

El Sargazo molido y seco se mezcló con inóculo de la planta de tratamiento de aguas de la UAM Iztapalapa, y lodos de reactor UASB que trata la FORSU aplicando dos tratamientos por duplicado (en presencia de sal R1, R3 y en presencia de poca sal R2 y R4). El estudio se realizó durante 23 días y con una temperatura de 35°C, donde la fracción sólida (Sargazo) se caracterizó al inicio y final. El lixiviado generado producto de la fermentación del Sargazo fue caracterizado diariamente, DQO, pH y conductividad. los cuales se inocularon en botellas serológicas, manteniendo los 2 mismos tratamientos (sargazo en presencia de sal y sargazo en poca presencia de sal) el cual tuvo una duración de 15 días donde se midió el volumen de biogás producido diariamente.

Resultados. Los resultados de las variables analizadas en los dos tratamientos de los RHALE al inicio y final de las cinéticas, dan como resultados los siguientes:

Tabla 3. Reducción de SV y eficiencia de la DQO

Tratamiento	Reducción SF (%)	Reducción SV (%)	Eficiencia DQO (%)
En presencia de sal	64.1	54.4	17.7
Lavado	22.22	15.38	35.08

Durante la fermentación se puede observan una considerable disminución de sólidos, sobre todo en el tratamiento sin lavar esto debido al arrastre de las sales al momento de agregar el influente.

En la siguiente figura se observa en el sargazo lavado (RHALE) en el día 17 y 23 mostro un alto porcentaje de metano 61.56% y 51.21% respectivamente, esto gracias a las condiciones favorables y al retiro de sal con cada lavado que se le dio (A) y los mL de biogás producidos por ambos tratamientos(UASB); sargazo lavado y sargazo sin lavar, en donde se aprecia claramente que el sargazo sin lavar tuvo una producción máxima de 17 mL de biogás en el octavo día mientras que en el sargazo lavado se aprecia que tuvo un punto máximo de 178 mL de metano en 15 días(B). Esto quiere decir que la cantidad de sal que hay en el sargazo tiene una gran influencia en la producción de biogás.

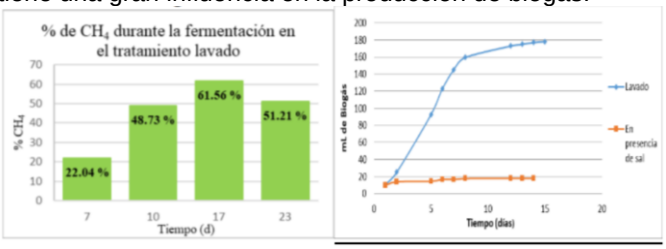


Figura 1. % y mL de biogás producidos en el sargazo lavado

Conclusiones. La sal de mar influye en la producción de biogás y en la determinación de las técnicas empleadas como la DQO, debido a que no se lograron encontrar diluciones estables. En el sargazo sin lavar la sal fue saliendo en los lavados que se hacían para agregar el lixiviado a los reactores de lecho escurrido (RHALE). En el sargazo lavado se obtuvo 178 mL de metano en el UASB en 15 días, por lo que es el mejor tratamiento.

Bibliografía.

1. Alevelo, J. (2015). Recomendaciones para el uso de sargazo en biocombustibles. Universidad de Massachusetts Amherst. Extraído de: http://www.miprv.com/recomendaciones-para-el-uso-de-sargazo-enbiocombustibles-en-puerto-rico/

2. Bouallagui, H., Touhami, Y., Ben Cheikh, R., Hamdia, M., 2005. Bioreactor performance in anaerobic digestion of fruit and vegetable wastes. Process Biochemical (40), 989–995.

EFECTO DEL XOCONOSTLE (*OPUNTIA* SPP) SOBRE LA PRODUCCIÓN DE METANO ENTÉRICO EN UNA FERMENTACIÓN *IN VITRO* DE RASTROJO DE MAÍZ (*ZEA MAYS*) CINÉTICA Y MODELADO

Isaac Almaraz-Buendía, Rafael G. Campos-Montiel, Uriel González-Lemus, Maribel López-Tolentino, Lucio González-Montiel, José J. Espino-García
Instituto de Ciencias Agropecuarias, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo Tulancingo de Bravo, Hidalgo, México, 43600
es010437@uaeh.edu.mx

Palabras clave: metano-entérico, xoconostle, modelo-Logístico.

Introducción. De las principales fuentes antropogénicas de gases efecto invernadero (GEI) destaca el sector agropecuario. Los rumiantes, como resultado de su proceso digestivo, expelen alrededor de 100 millones de toneladas de metano (CH4) por año, que corresponde aproximadamente al 20% de las emisiones mundiales contribuyendo al cambio climático [1]. Se ha demostrado que los compuestos fenólicos contenidos en algunos vegetales mejoran la fermentación ruminal y disminuyen la producción de gas [2]. El xoconostle es un fruto con características benéficas para la salud y una fuente importante de compuestos fenólicos con actividad antimicrobiana [3], pero con bajo valor comercial. El presente trabajo evalúa si la adición de xoconostle reduce la emisión de CH4 entérico en una fermentación in vitro de rastrojo de maíz utilizando un modelo matemático.

Metodología. Rastrojo de maíz con 0, 2, 4 y 6% de xoconostle (Opuntia matudae Sheinvar) deshidratados a 60°C por 48 h y reducidos a un tamaño de partícula de 2 mm, se fermentaron durante 92 h siguiendo la metodología descrita por Theodorou y otros (1994) [4]. El volumen de CH4 producido (mL) a diferentes tiempos de incubación se determinó de acuerdo con Torres-Salado y otros (2018) [5]. Los conjuntos de datos experimentales fueron ajustados uno a la vez al modelo Logístico de tres parámetros (Ecuación 1) mediante regresión no lineal utilizando el programa Sigma Plot 12©. En la ecuación 1, ***y*** es el volumen de CH4 acumulado (mL g-1 MS) al tiempo ***t*** (h), ***A*** es el volumen máximo de gas producido (mL g-1 MS) cuando ***t*** ∞; ***t***0 es el tiempo para producir ***A***/2 y ***b*** es una constante cinética [6]. Las tasas de consumo de sustrato (S); su valor máximo (S_{max}); el tiempo para alcanzar S_{max} (t_{Smax}) y la fase de retardo (L) se determinaron de acuerdo con lo propuesto por Groot y otros (1996) [6]

$$y = \frac{A}{1+\left(\frac{t0}{t}\right)^{b}} \qquad (1)$$

Los resultados fueron analizados usando análisis de varianza (ANOVA); y la prueba de comparaciones múltiples de Tukey (α = 0.05) fue utilizada para comparar los valores promedios de los datos.

Resultados. Los perfiles de producción de CH4 generado (Fig. 1) muestran un comportamiento similar entre los tratamientos, ajustándose de manera muy aceptable al modelo seleccionado. Los parámetros cinéticos resultantes se muestran en la Tabla1.

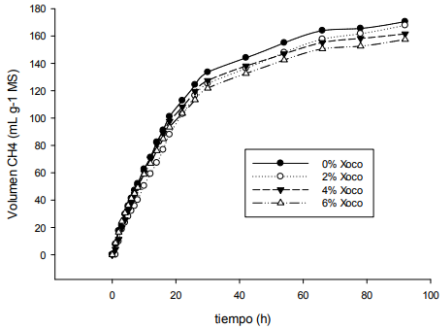


Fig. 1. Cinética del volumen acumulado de CH4

Tabla 1. Parámetros cinéticos derivados del ajuste al modelo Logístico para producción de gas metano

	0% Xoco	2% Xoco	4% Xoco	6% Xoco
A (mL gMS^{-1})	193.6^{a}	188.7^{a}	177.2^{a}	184.3^{a}
b (-)	1.23^{a}	1.361^{b}	1.34^{b}	1.13^{c}
to (h)	$17.48^{a,b}$	$20.03^{a,b}$	15.83^{a}	$18.41^{a,b}$
S_{max} (h^{-1})	0.044^{a}	0.038^{b}	0.048^{c}	0.043^{d}
t_{Smax} (h)	5.39^{a}	9.46^{b}	7.12^{c}	3.15^{d}
L (h)	2.81^{a}	5.03^{b}	3.78^{c}	1.61^{d}
R^2	0.9978	0.9963	0.9990	0.9977

$^{a,b,c,d.}$ Medias en la misma fila sin letra común difieren a $p<0.05$

Conclusiones. Es posible modelar la producción de CH4 mediante el modelo Logístico con R2>0.99. La adición de 4% xoconostle reduce la producción de CH4 en un 8.5%.

Bibliografía.

[1]Duin EC, Wagnerb T, Shimab S, Prakasha D, Cronina B, Yáñez DR, Kindermanne M.(2016).www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1607088113
[2]Khang DN, Ngoc AD, Preston R (2019).LRRD Vol 31: Art. 128.
[3]Espinosa V,Roldán C,Hernández AD, Quintero A, Almaraz I,Campos RG (2017) Journal of Food Process Engineering, 40 (2): e12358
[4]Theodorou MK, Williams BA, Dhanoa MS, McAllan AB, France J (1994) Animal Feed Science and Technology, 48: 185-197.
[5]Torres N,Sánchez P,Rojas A,Herrera J,Hernández J (2018) Archivos dezootecnia, 67 (257): 55-59.
[6]Groot J, Cone J, Williams BA, Debersaques F, Lantinga, E (1996) Animal Food Science Technology, 64: 77-89.

COMUNIDAD MICROBIANA DE UN BIORREACTOR CONTAMINADO CON Ni, Cu Y Zn.

Aceves-Suriano CE, Hernández-Martínez GR, Navarro-Noya YE, Thalasso F y Dendooven L.
Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, Av. Instituto Politécnico Nacional No. 2508, San Pedro Zacatenco, Gustavo A. Madero, 07360, Ciudad de México, México.
claudiae.aceves@cinvestav.mx

Palabras Clave: Biorreactor, metales pesados, 16S rRNA.

Introducción. Las actividades industriales, agrícolas y mineras son algunas de las fuentes antropogénicas generadoras de metales pesados como residuos de los procesos de producción a altas concentraciones, que usualmente son descargadas al medio sin tratamiento previo. Los metales pesados son elementos que a bajas concentraciones son favorables para realizar funciones vitales en los seres vivos, sin embargo, a concentraciones altas puede resultar perjudicial para los seres vivos debido a su naturaleza no biodegradable.
El objetivo del presente proyecto es investigar los cambios en las comunidades microbianas en un biorreactor contaminado con Ni (II), Cu (II) y Zn (II) a diferencia a un biorreactor no contaminado operado bajo las mismas condiciones.

Metodología. Se pusieron en marcha dos biorreactores, uno considerado como control y el segundo considerado como contaminado. El biorreactor considerado como control fue inoculado con 1L de lodos activados proveniente de una planta de tratamientos de aguas residuales en la CDMX y se agregó agua desionizada, mientras que el biorreactor considerado como contaminado fue inoculado con 1L de lodo extraído del biorreactor control. Ambos biorreactores se alimentaron continuamente con agua residual sintética y operaron por 141 días divididos en 6 fases. La IC_{50} de Ni, Cu y Zn que se añadieron al biorreactor contaminado fue aumentando con cada fase, desde 0% hasta llegar a una IC_{50} de 100% anteriormente reportada[1,2]. El biorreactor control no se le añadieron metales pesados. Se tomaron muestras en ambos biorreactores en días específicos en todo el experimento para amplificación del gen 16S rRNA (regiones V3-V4) y medición de Demanda Química de Oxígeno (DQO) total mediante método colorimétrico[3]. La DQO soluble se determinó mediante centrifugación de las muestras a 500g por 15 min. Se consideró como biomasa a la DQO insoluble, resultante de la diferencia de la DQOtotal menos la DQOsoluble.

Resultados. La remoción de DQO en el biorreactor contaminado fue en general menor que en el biorreactor control. En el biorreactor contaminado la biomasa disminuía al inicio de cada fase y después se recuperaba, hasta la última fase (VI) donde no se observó este patrón, cuando la IC_{50} era al 100%. Los resultados arrojados por la amplificación del gen 16S rRNA en el biorreactor contaminado muestran que la clase Alphaproteobacteria fue dominante al inicio del estudio y Gammaproteobacteria fue la clase más abundante al final del estudio cuando la IC_{50} máxima. El Género más abundante fue *Stenotrophomonas* en el biorreactor contaminado seguido por *Sphingobacterium* al final del estudio. Se ha reportado que el género *Stenotrophomonas* ha sido encontrado en ambientes contaminados con hidrocarburos policíclicos aromáticos[4]. El género *Sphingobacterium* ha sido encontrado en lodos contaminados con 4-clorofenol[5], lo cual sugiere que puede sobrevivir a ambientes contaminados.

Conclusiones. La remoción de DQO es afectada por la presencia de Ni, Cu y Zn en el sistema. La biomasa es capaz de adaptarse a la adición continua de metales pesados hasta un IC_{50} del 40%. Las bacterias que sobrevivieron al final del estudio en el biorreactor contaminado se ha reportado que pueden vivir en ambientes contaminados.

Agradecimientos. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el financiamiento de este proyecto, al CINVESTAV. A mis asesores y a mi equipo de trabajo.

Bibliografía.

[1]Esquivel-Rios, I., González, I., & Thalasso, F. (2014). *Biodegradation*, *25*(6), 867-879.
[2] Hernandez-Martinez, G. R., Ortiz-Alvarez, D., Pérez-Roa, M., Urbina Suarez, N. A., & Thalasso, F. (2018). *Journal of hazardous materials*, *351*, 63-70.
[3] APHA (1999). American Publishers Health Association, Washington DC
[4]Kuppusamy, S., Thavamani, P., Megharaj, M., Venkateswarlu, K., Lee, Y. B., & Naidu, R. (2016). *Journal of hazardous materials*, *317*, 169-179.
[5] Zhao, J., Chen, X., Bao, L., Bao, Z., He, Y., Zhang, Y., & Li, J. (2016). *Chemosphere*, *153*, 138-145.

ACOPLAMIENTO DE LOS PROCESOS SULFAMMOX Y DESNITRIFICACIÓN AUTOTRÓFICA PARA LA REMOCIÓN SIMULTÁNEA DE COMPUESTOS NITROGENADOS Y DE AZUFRE DEL AGUA

E. Emilia Rios-Del Toro, H. J. Amézquita García, Centro de Investigación en Biotecnología y Nanotecnología (CIBYN), Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Apodaca,N.L. 66629, emiliarios.t@gmail.com.

Palabras clave: sulfammox, tratamiento de agua, ciclo del nitrógeno

Introducción. Es conocido que el sector industrial y agrícola consumen el 80% del recurso hídrico en México. Es por ello que sistemas de tratamiento de agua terciarios permitan la remoción de micro-contaminantes y, por lo tanto, la reutilización y el cumplimiento de las normas en la descarga de efluentes. En este proyecto se propone la implementación de los procesos desnitrificación autotrófica, y sulfammox para la remoción de compuestos de nitrógeno y de azufre del agua. Ambos procesos biológicos anaerobios eliminan los costes de aireación en reactores y proporcionan un sistema eficiente con los beneficios de un sistema anaerobio. El objetivo general fue la eliminación total de nitrógeno inorgánico de agua mediante los procesos sulfammox y desnitrificación autotrófica utilizando una fuente de inóculo local que fuera capaz de llevar a cabo dichos procesos.

Metodología. Para el estudio de ambos procesos (desnitrificación autotrófica y sulfammox), se utilizaron botellas serológicas de 120 mL de capacidad, un volumen de trabajo de 90 mL y una concentración de 10 g SSV/L de inóculo. El amonio, nitrito y nitrato se agregaron en las formas de NH_4Cl, $NaNO_2$ y $NaNO_3$ y el sulfuro como $Na_2S•9H_2O$. La anaerobiosis se promovió a través del gaseo de las botellas con argón. Las concentraciones de nitrógeno utilizadas fueron de 100 mg/L y el equivalente estequiométrico de sulfuro de acuerdo con las siguientes ecuaciones [1]:

$$S_2^{-} + 1.6NO_3^{-} + 1.6H^{+}\ 0.8N_2 + SO4^{2-} + 0.8H_2O$$

$$8NH_4 + + 3SO_4^{2-}\ 4N_2 + 3HS^{-} + 12H_2O + 5H^{+}$$

Resultados. Los principales resultados obtenidos para los experimentos de desnitrificación autotrófica se resumen en la siguiente Tabla 1. Al final del periodo de enriquecimiento de 110 días, las tres fuentes de inóculo fueron capaces de llevar a cabo el proceso de desnitrificación autotrófica. Este proceso ha sido reportado en reactores anaerobios con fuentes de inoculo similares [2,3].

Tabla 1. Comparación del proceso de desnitrificación autotrófica utilizando NO_3^- y NO_2^- como aceptor final de electrones con tres inóculos diferentes.

Inóculo	DA con NO_3^- como AFE		DA con NO_2^- como AFE	
	mM NO_3^- reducido	mM HS^- consumido	mM NO_2^- reducido	mM HS^- consumido
Lodo anaerobio	9.82	1.66	6.29	0.18
Lodo activado	1.23	1.66	4.44	1.43
Sedimento	4.45	1.47	6.80	1.50

Donde DA= Desnitrificación autotrófica, AFE= Aceptor final de electrones. Los resultados fueron obtenidos al final de experimento (consumo de más del 80% de amonio) a los 110 días sin enriquecimiento.

Para los experimentos sulfammox previamente se realizó el enriquecimiento de los inóculos. Este procedimiento se llevó a cabo en 3 ciclos, cada uno de ellos de un promedio de 25 días. Posteriormente se realizó una cinética, la cual duró un periodo de 12 horas. Los resultados con los tres inóculos se muestran en la Tabla 2.

Tabla 2. Concentraciones de amonio oxidado y sulfuro producido por tres inóculos diferentes.

Inóculo	Sulfammox	
	mM NO_4^+ oxidado	mM HS^- producido
Lodo anaerobio	10.70	4.27
Lodo activado	7.32	1.99
Sedimento	6.14	5.72

Conclusiones. Las tres fuentes de inóculo utilizadas fueron capaces de llevar a cabo el proceso de desnitrificación autotrófica. Por el contrario, el proceso sulfammox lo llevaron acabo solamente el lodo anaerobio y el sedimento.

Agradecimiento. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca de Posdoctorado asociada al CVU 375938.

Bibliografía.

1. Rios-Del Toro, E. E. et al. Biodegradation 29, 429–442 (2018).
2. Sahinkaya, E., Kilic, A. & Duygulu, B..Water Res. 60, 210–217 (2014).
3. Shao, M. F., Zhang, T. & Fang, H. H. P. Appl. Microbiol. Biotechnol. 88, 1027–1042 (2010).

EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD de *Achromobacter spanius, Peribacillus Simplex y Bacillus pseudomycoides* PARA DEGRADAR ENDOSULFAN

Adriana Casanova[1] Sonia Cabrera[2] Marta Zubillaga[2] Carmen Wacher[3] Gloria Díaz-Ruiz[3] Sergio Hernandez[4] Irmene Ortiz[4], [1] Licenciatura en Ingeniería Biológica. Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa [2] Depto. de Ingeniería Agrícola y uso de la tierra. Universidad de Buenos Aires [3] Depto. de Alimentos y Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México [4] Depto. Procesos y Tecnología. Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa, CP 05348, Ciudad de México,
irmene@cua.uam.mx

Palabras clave: Endosulfan, biodegradación, plaguicida, compuestos orgánicos persistentes

Introducción. El endosulfan es un plaguicida organoclorado de amplio espectro. El cual, está incluido en el convenio de Estocolmo por ser persistente en el ambiente. De los dos isómeros que lo conforman (α y β), el b-endosulfan se caracteriza por ser más persistente (hasta 800 días) (1). Para la degradación de endosulfan existen dos mecanismos principales: hidrólisis y oxidación, generándose como metabolitos, endosulfan diol y endosulfan sulfato, respectivamente. El primer metabolito es menos tóxico que el endosulfan mientras que el segundo tiene una mayor toxicidad (2). Una estrategia para la eliminación de endosulfan del ambiente involucra microorganismos que puedan utilizar al contaminante como fuente de carbono o energía. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad de cepas bacterianas aisladas de un suelo hortícola con historial de uso de endosulfan para degradarlo.

Metodología. A partir de muestras de suelo provenientes del Cinturón hortícola Platense (Argentina) se realizó el aislamiento, purificación, selección y aclimatación de las cepas de estudio y se identificaron a partir de la secuenciación del gen 16S rRNA. Las pruebas de degradación se realizaron en sistemas que contenían 20 mg/L de endosulfan (150 rpm, 30°C). Como variables de respuesta, se cuantificaron la producción de CO_2 y el endosulfan residual mediante cromatografía de gases, así como la identificación de metabolitos, mientras que la biomasa final se cuantificó por peso seco, de acuerdo con Hernández-Ramos y col., 2019 (3).

Resultados. *Achromobacter spanius, Peribacillus Simplex, Bacillus pseudomycoides, Pseudomonas putida, Enterobacter cloacae y Bacillus subtilis* fueron identificadas en este estudio, las primeras tres no habían sido reportadas con anterioridad para la degradación de endosulfan. La degradación de a-endosulfan (concentración inicial 14 mg/L) fue del 76% para *B. subtilis* y mayor al 95% para las demás cepas. Por otro lado, para el b-endosulfan la degradación (concentración inicial 6 mg/L) con *P. putida, E. cloacae y A. spanius* fue de 95% y del 86% para *B. subtilis, B. simplex* y *B. pseudomycoides*. Las tasas específicas de degradación de a- y b- endosulfan de *P. putida* (11.01 mg/L mg $_{biomasa}$) fueron cuatro veces mayores que las de *E. cloacae*. Mientras que la mayor tasa de degradación volumétrica observada fue para *E. cloacae* (5.58 ±0.08 mg/L día), cerca de dos veces mayor que las de *P. putida y B. pseudomycoides*. La actividad microbiana relacionada con la producción de CO*2* fue mayor (P=0.05) en las pruebas de degradación que en los controles endógenos (Fig. 1a-e), lo cual indica el uso de endosulfan como fuente de carbono y su mineralización, excepto para *B. pseudomycoides* (Fig. 1f)

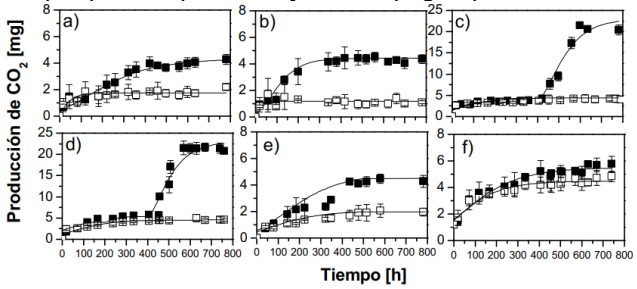


Fig. 1. Producción de CO_2: a) *P. putida*; b) *E. cloacae*; c) *A. spanius*; d) *B. subtilis;* e) *P. simplex*; f) *B. pseudomycoides.* (■) con endosulfan □ control endógeno (sin endosulfan).

Como resultado de la degradación, el diol y éter de endosulfan fueron encontrados en las muestras finales en los cultivos con *P. putida y B. pseudomycoides*. Mientras que la endosulfan lactona se detectó en las muestras de *P. simplex. B. pseudomycoides y B. simplex*.

Conclusiones. A. spanius, P. simplex y B. pseudomycoides no habían sido reportadas con capacidad para degradar endosulfan. La presencia de endosulfan lactona indicó que B. subtilis, B. pseudomycoides, P. simplex A. spanius y P. putida degradaron endosulfan por vía hidrolítica.

Agradecimiento. Proyecto fue parcialmente financiado por la UAM mediante el proyecto 47401023.

Bibliografía.

(1) US Enviromental Protection Agency (2010) Endosulfan Phase-out. Washington, DC: US EPA.
(2) Jimenez-Torres C, Ortiz I, San-Martin P, Hernandez-Herrera RI (2016). J Environ Sci Health 51:853-859.
(3) Hernández-Ramos AC, Hernández S, Ortíz I (2019) Bioremediation J 23:251-258.

AISLAMIENTO DE BACTERIAS CON POTENCIAL PARA DEGRADAR PLÁSTICOS DE SUELOS CONTAMINADOS CON RESIDUOS SÓLIDOS URBANOS EN YUCATÁN.

Cristina América Morando-Grijalvaa , Ana Ramos-Díaza , Neith Pachecoa , Soledad Cecilia Pech-Cohuoa , Juan C. Cuevas-Bernardinob . Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C, subsede surestea . CONACYT-Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A. C., subsede suresteb , Mérida 97302,
aramos@ciatej.mx.

Palabras clave: residuos plásticos, aislamiento, bacterias filamentosas

Introducción. La naturaleza no biodegradable de los residuos plásticos conduce a su acumulación continua en el ambiente representando una amenaza para casi todas las formas de vida (1). Actualmente se emplean distintos métodos físicos, químicos y biológicos para el uso y manejo de estos residuos, sin embargo, los primeros requieren altas temperaturas y producen sustancias tóxicas. Por otro lado, los métodos biológicos son una alternativa prometedora donde mediante la biodegradación los microorganismos utilizan el plástico como fuente de energía, se han estudiado Actinomicetos como *Streptomyces* aislados de suelo quienes han presentado capacidad para degradar PET (2). El objetivo del trabajo fue aislar, identificar y caracterizar bacterias aisladas de suelos contaminados con residuos plásticos con potencial para la degradación de plásticos.

Metodología. Se realizó el muestreo de suelo en sitios con visible acumulación de residuos plásticos Yucatán (Tabla 1). Para el aislamiento de los microorganismos se siguió la metodología reportada por (5) sin pretratamiento, utilizando medio ISP2 adicionado con antimicrobianos y manteniéndose a temperatura ambiente; y el protocolo para activación de esporas, donde el suelo fue pretratado mediante secado en horno a 45°C por 3 h, posteriormente se adiciono CaCO3 como antimicrobiano y se mantuvo a 37°C, por último, se realizaron diluciones seriadas y se inoculo en placas con medio ISP manteniéndose a 28°C (3). Las presuntas colonias se identificaron con base en la morfología y tinción Gram.

Tabla 1. Fuente de las muestras de suelo usadas para el aislamiento de microorganismos

Zona de muestreo	Aislados	Nombre	Coordenadas
1PCTY	S1B1	CAMG1	21°08'03.6"N 89°46'54.3"W
	S1B2	CAMG2	
	S1B3	CAMG3	
2PCTY	S2A1	CAMG4	21°08'03.6"N 89°46'54.2"W
	S2A2	CAMG5	
	S2A3	CAMG6	
	S2C1	CAMG7	
	S2C2	CAMG8	
1PC	S1PC1	CAMGB	21°02'20.5"N 89°42'38.8"W
	S1PC21	CAMGB1	
	S1PC22	CAMGB2	
	S1PC23	CAMGB3	
	S1PC24	CAMGB4	
3PC	S3PC2	CAMGB5	21°03'15.0"N 89°42'36.7"W

Resultados. Se aislaron 14 cepas bacterianas, se seleccionaron las colonias que presentaban crecimiento característico de actinomicetos, colonias con morfología pequeña, opaca, rugosa y crecimiento filamentoso (4). Al microscopio se pudo observar células con forma de hifas ramificadas, similar a lo reportado por (5) quienes aislaron *Streptomyces* de suelo y evaluaron su potencial para producir compuestos antimicrobianos (Fig. 1).

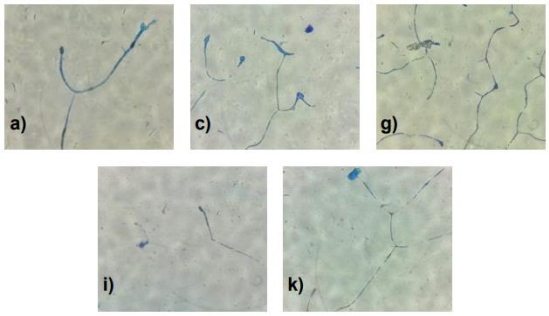


Fig. 1. Observación al microscopio de las cepas aisladas a) S1PC1, b) S1PC21, c) SIPC23, d) S1PC24, e) S3PC2, donde se pueden observar hifas ramificadas y alargadas

Conclusiones. Las cepas microbianas aisladas relacionadas morfológicamente con actinomicetos podrían tener potencial para degradar residuos plásticos, además de producir metabolitos secundarios de interés como antibióticos.

Agradecimiento. Se agradece a CONACYT por la beca otorgada con No. 766137 y por el financiamiento del proyecto “Convocatoria 2017-10, del Fondo Institucional de Fomento Regional para el Desarrollo Científico Tecnológico y de Innovación (FORDECYT), titulada Valor agregado a las cadenas productivas del café, frijol, mango, agave mezcalero y productos acuícolas (tilapia) de la Subregión Pacífico Sur a través de la ciencia, la tecnología y la innovación”

Bibliografía.

1. Gupta, K., Devi, D. (2020) Heliyon. 6 (7): 1-15
2. Farzi, A., Dehnad, A., Fotouhi, A. (2019) Biocatal. Agric. Biotechnol 17, 25–31.
3. Jaafar, A., Al-manhel, A., Al-asady, A. (2021) Annals of R.S.C.B. 25, 13954–13965.
4. Gopalakrishnan, S., Srinivas, V., Prasanna, S.L. (2020) Streptomyces. En: Beneficial Microbes in Agro-Ecology. Amaresan, N., Annapurna, K., Sankaranarayanan, A., Kumar, M., Kumar, K. Elsevier Inc., India. 55–71
5. Quinn, G., Abdelhameed, A., Alharbi, N., Cobice, D., Adu, S., Swain, M., Castro, H., Facey, P., Bakshi, H., Tambuwala, M. y Banat, I. (2021) Appl. Sci 11 (173): 1-13

REDUCCIÓN DE LA SALINIDAD EN SUELOS AGRÍCOLAS MEDIANTE LA APLICACIÓN DE UN BIOFERTILIZANTE A BASE DE CÁSCARA DE NARANJA.

Karen Andrea Molina Sánchez, Refugio Rodríguez Vázquez. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, Av. Instituto Politécnico Nacional No. 2508, San Pedro Zacatenco, Gustavo A. Madero, 07360, Ciudad de México, México.
karen.andrea@cinvestav.mx

Palabras Clave: Salinidad, Cáscara de naranja, Suelo.

Introducción. La agricultura chinampera se ha visto perjudicada debido a la expansión de la urbanización, desecación de manantiales naturales por causas antropogénicas, la acumulación de sales, metales tóxicos, la introducción de nuevas técnicas de cultivo y utilización de fertilizantes artificiales[1]. La salinidad resultante de estos procesos físicos y químicos ocasionan estrés fisiológico para las plantas lo que ocasiona que disminuya la capacidad agrícola de las chinampas[2].

El objetivo del proyecto es conseguir reducir la salinidad del suelo agrícola chinampero, por medio de la cáscara de naranja, utilizándolo como biofertilizante, así como evaluar el efecto de los riegos en los suelos agrícolas de la zona chinampera de la Ciudad de México.

Metodología. El suelo agrícola salino para remediar fue del área de la zona chinampera de Xochimilco, CDMX, con una superficie de 325 m^2, (coordenadas 491187.292°N y 2130534.519°W). En dicha área se realizó la caracterización del suelo, de acuerdo con la NOM-021-RECNAT (Metodologías de Análisis de Suelo en México). Se seleccionaron las condiciones de biorremediación del suelo a través de un diseño factorial fraccionado 2^{4-1}, y se evaluó; el número de riegos (1 y 2 riegos por día), el inóculo (0 y 0.5), la cáscara de naranja y zacate (1:1), humedad (60% y 80%). Posteriormente se aplicó el tratamiento al suelo bajo las condiciones seleccionadas.

Resultados.

Se encontró una salinidad heterogénea en el área 325 m^2, encontrándose un máximo valor de 12 dS/m y un valor mínimo de 5.5 dS/m (Figura 1).

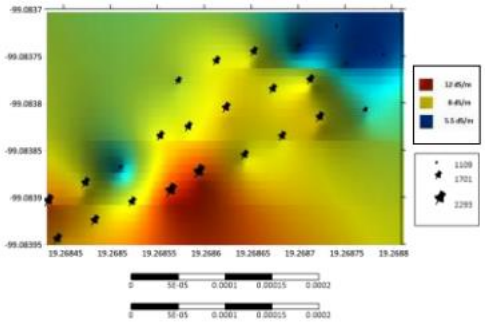


Figura. 1 Perfil de distribución de la salinidad en el área de 325 m2 de la "Chinampa-granja Aurora", Barrio de Texhuilo, Xochimilco. Diagrama obtenido por el software Surfer®.

La reducción de la salinidad de los 8 tratamientos del suelo regado con el agua libre de sales y con el agua del canal con una salinidad de 11.50 dS/m, mostradas en las figuras 2 y 3, respectivamente.

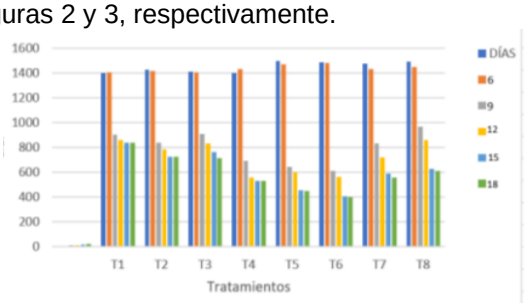


Figura. 2 Reducción de la salinidad del suelo regado con agua sin sales, en los diferentes tratamientos.

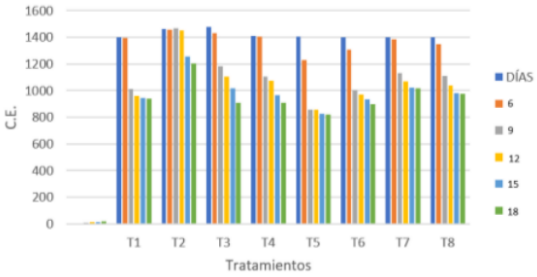


Figura. 3 Reducción de la salinidad del suelo regado con agua del canal (salinidad 11.50 dS/m), en los diferentes tratamientos

Conclusiones. La salinidad que se presenta en algunos de los suelos agrícolas tratados con la tecnología de adición de residuos cítricos, se debe a la falta de riego, para mantener la actividad metabólica de los microorganismos. Además de realizar el riego con el agua salina del canal, así como el uso continuo de fertilizantes. Una alternativa para reducir la salinidad es que se sigan los protocolos de aplicación, incluyendo el uso del agua de lluvia.

Agradecimientos. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el financiamiento de este proyecto, al CINVESTAV. A la "Chinampa-granja Aurora".

Bibliografía.

1Narchi, E. (2013). Veredas, 27(1): 177-197.
2 Rozema, J., Schat, H. (2013). Environ. Exp. Bot. 92(1): 83-95.

CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS OXIDANTES DE AZUFRE AISLADOS DEL SUELO Y AGUAS TERMALES AZUFRADAS "TANINUL".

Christian Iván Cano-Gómez, Perla Yanet González-Purata, Pedro Aguilar-Zárate, Jorge Enrique Wong-Paz, Diana B. Muñiz-Márquez, Fabiola Veana, Tecnológico Nacional de México/IT de Ciudad Valles, Departamento de Ingenierías, Cd. Valles, S. L. P. C.P 79020.
fabiola.veana@tecvalles.mx

Palabras clave: aguas termales, biogás, oxidación de azufre

Introducción. Los microorganismos oxidantes de azufre (SOM) se han utilizado en el área de las energías renovables para resolver la problemática del sulfuro de hidrógeno presente durante la producción de biogás por fermentación anaerobia de residuos agroindustriales. (1). Las bacterias con mejores ventajas biotecnológicas para la oxidación de sulfuro a sulfato (SO_4^{2-}) o azufre elemental (S^0) son las quimiolitotróficas por su alta afinidad a los compuestos del azufre (2). En la Huasteca Potosina se encuentran las aguas termales azufradas "Taninul"; cuya diversidad microbiana no ha sido descrita y que debido a las condiciones fisicoquímicas que ahí imperan pudiera ser una fuente de SOM. El objetivo de este trabajo es aislar SOM del suelo y aguas termales azufradas "Taninul".

Resultados. Las concentraciones celulares de las cinco comunidades SOM aisladas reportaron valores de 3.59-6.61 x 107 cel/mL entre los días 34-43 de las cinéticas de crecimiento, siendo las comunidades SOM Z_A y A_C las que presentan el mayor crecimiento (Fig 1a). En todas las comunidades SOM se observó un descenso de pH, desde 7.8 hasta valores en el intervalo de 2.0-5.0. Algunos SOM tienen estos intervalos de preferencia, como el género *Thiobacillus Paracoccus, Thiomonas, Thioploca, Beggiatoa, Thiovulum, Sulfurimonas, Acidiphylum, Acidothiobacillus*, entre otros (4). Después del ensayo en placa Petri de la oxidación de azufre, se observó un cambio de color en estas debido al indicador púrpura de bromocresol, el cual ocurre en un intervalo de pH de 6.8 a 5.2, evidenciando que las comunidades SOM aisladas son oxidantes de azufre cuando crecen en medios selectivos ATCC-125 (Fig. 1b) y tiosulfato (Fig. 1c). Finalmente, la cuantificación de la concentración de sulfatos al final de las cinéticas de crecimiento confirma el hecho anterior, presentando concentraciones en intervalo de 40.61-46.20 mg/L para comunidades A_C, S2 y Z_A, respectivamente; y valores < 20 mg/L para comunidades ZM y ZB. Estos valores son inferiores a los reportados previamente para cepas aisladas de muestras medioambientales (2).

Metodología. Se tomaron muestras de suelo y agua de acuerdo con la norma NOM-021-RECNAT-2000. Las muestras se inocularon en medio selectivo ATCC-125 enriquecido con S^0 (10 g/L) con un pH inicial de 7.8, incubado a 37°C con agitación moderada. Las comunidades se purificaron por resiembras sucesivas bajo las mismas condiciones de incubación. Se realizaron cinéticas de crecimiento monitoreando la concentración celular (cel/mL) y los cambios de pH por 52 días. Simultáneamente se realizó un ensayo cualitativo en placa Petri para evidenciar la oxidación del azufre utilizando como indicador púrpura de bromocresol 0.4% p/v, tal como indica la literatura (3). Al final de las cinéticas de crecimiento se cuantificó la concentración de SO_4^{2-} en el medio de cultivo libre de células según la norma NMX-AA-074-SCFI-2014.

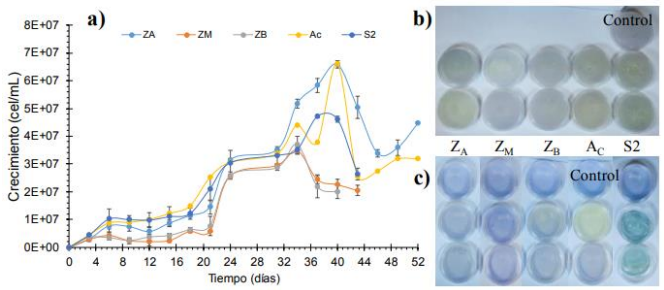


Fig. 1. Cinéticas de crecimiento de las comunidades SOM (a) y ensayo cualitativo de la oxidación de azufre en placa Petri en medios de cultivo ATCC-125 (b) y tiosulfato (c).

Conclusiones. Se aislaron seis comunidades SOM de las aguas termales azufradas del "Taninul" que tras los ensayos realizados demostraron tener la capacidad de oxidar el azufre.

Agradecimiento. Los autores agradecen al Tecnológico Nacional de México por el financiamiento de este proyecto (clave 6694.18-P).

Bibliografía.

1.Guo M, Song W, & Buhain J. (2015). Renew Sustain Energy Rev. 42: 712–725.
2.Madigan M, Martinko J, Bender K, et al. (2019). Brock. Biología de los microorganismos. Pearson,14: 478-482.
3.Veerender K, Dharshana S, Sridar R & Sivaji M. (2015). Int J Ext Res. 12: 1–7.
4.Arellano L, Dorado AD, Fortuny M, et al. (2017). Purificación y usos del biogás. Universitat Autònoma de Barcelona. España.

USO DE NEJAYOTE Y LIXIVIADO ALIMENTICIO COMO MEDIO DE ENRIQUECIMIENTO PARA LA PRODUCCIÓN DE MICROALGA *Scenedesmus obliquus*

Celestino García Gómez, Elizabeth Garza Valverde, Andrea Lizeth Sandoval Suárez, Julia Mariana Márquez Reyes, Juan Nápoles Armenta.
Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Agronomía, Francisco Villa S/N, General Escobedo, Nuevo León, México, C. P. 66050.
Autor para correspondencia: celestino.garciagm@uanl.edu.mx

Palabras clave: Nejayote, lixiviado alimenticio, microalga.

Introducción. El lixiviado alimentario es un líquido que se genera por la descomposición de alimentos, el cual es rico en fuente de carbono y nutrientes (1). El nejayote es el líquido residual obtenido del proceso de nixtamalización, la cual posee un pH alcalino, altas concentraciones de materia orgánica disuelta y suspendida, por lo tanto, se considera altamente contaminante (2). Debido a esto, la ecotecnología de las microalgas es prometedora por su doble labor: generación de subproductos sostenibles y mejorar la calidad del agua. Aunque las microalgas en el uso de residuos líquidos bajo el concepto de una bioeconomía circular tienen una dirección sostenible y rentable, todavía hay retos por superar. El objetivo de este trabajo fue determinar la combinación de nejayote y lixiviado alimenticio óptima como medio de cultivo para la microalga *Scenedesmus obliquus.*

Metodología. En este estudio se utilizó dos residuos líquidos para crecimiento de *Scenedesmus obliquus*. Las condiciones de crecimiento de las microalgas fueron pH de 9.0, intensidad de luz de 10000 lx y tiempo de iluminación de 16 h. Bioreactores con 500 ml fueron operados a 25±1°C con un suministro de aire de 0.5 vvm por 20 días. La producción de biomasa, clorofila, lípidos, carbohidratos y la eliminación de DQO, amonio y ortofosfato por microalga *Scenedesmus obliquus* fue evaluada a concentración inicial de biomasa de 0.5 g/l. Se analizó el efecto de la concentración de los residuos líquidos por medio de un diseño experimental mixto de vértices extremos con cinco combinaciones, esto con el propósito de encontrar la mejor mezcla con potencial de crecimiento de biomasa y captación de nutrientes. El residuo Nejayote fue recolectado de la empresa Maseca planta Norte y el lixiviado de alimentos de la central de abasto la Estrella, ambos del estado de Nuevo León.

Resultados. Los resultados de la caracterización de ambos residuos líquidos utilizados fueron los siguientes: en el caso de Nejayote, ST (10042.50 ± 88.84 mg/L), Nitratos (146.25 ± 17.78 mg/L), Nitritos (1927.73 ± 59.44 mg/L), Ortofosfatos (0.6189 ± 0.0316 mg/L), Amonio (133.91 ± 8.66 mg/L), Sulfatos (473.39 ± 14.77 mg/L), DQO (4598.33 ± 43.03 mg/L) y para el residuo lixiviado, ST (7806.66 ± 212.21 mg/L), Nitratos (125.51 ± 3.42 mg/L), Nitritos (586.82 ± 16.39 mg/L), Ortofosfatos (78.23 ± 2.19 mg/L), Amonio (2607.44 ± 36.94 mg/L), Sulfatos (1106.44 ± 70.04 mg/L), DQO (4602.50 ± 110.87 mg/L). Los tratamientos consistieron en 5 corridas experimentales en triplicado, resultado un total de 15, con diversos niveles de Nejayote (0, 10, 25 y 90 %), lixiviado de alimentos (0, 10, 25 y 90 %), medio bold (10, 50 y 90%).

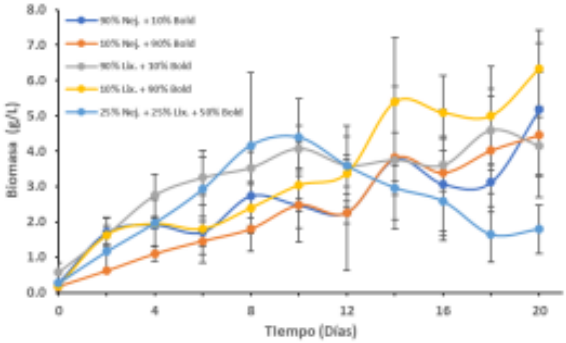


Fig. 1. Cinéticas de crecimiento de biomasa de los tratamientos.

El tratamiento de 10% lixiviado y resto de medio bold resultó con la mayor producción de biomasa con 6.34 ± 1.07 g/L con un buen rendimiento en concentración de clorofila a (0.9 mg/ml), lípidos (23%), carbohidratos (22%) y la eliminación de DQO (65%), amonio (92%) y ortofosfatos (79%).

Conclusiones. La mejor opción para el crecimiento celular de *Scenedesmus obliquus* es el uso de lixiviado alimenticio, una combinación con Nejayote disminuyó el crecimiento celular en la valorización de residuos analizada. Con esto se ha demostrado una opción sostenible hacia la reducción de los contaminantes y el crecimiento de las microalgas para la obtención de productos de alto valor.

Agradecimiento. Los autores agradecen la beca otorgada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT).

Bibliografía.

1. Destro G, Braga S, Tadayozzi Y, Almeida A, Chaves A & Forti J. (2020). *Environ Qual Manage*. 1-9.
2. Vacio-Muro K, Lozano-Álvarez J, Sánchez-González M, Chávez N, Torres-Ramírez E & Jáuregui-Rincón J. (2020). Rev. Int. Contam. Ambient. 36 (3): 497-515.

COMPARACIÓN DEL DESEMPEÑO AMBIENTAL DEL MANEJO ACTUAL DE LOS RESIDUOS ORGÁNICOS DOMICILIARIOS GENERADOS EN LA COLONIA SAN BARTOLO ATEPEHUACAN CONTRA UNA PROPUESTA DE VALORIZACIÓN CERCANA A LA FUENTE MEDIANTE LA DIGESTIÓN ANAEROBIA ACOPLADA A COGENERACIÓN

Iván Rodríguez Farfán, Celestino Odín Rodríguez Nava, Instituto Politécnico Nacional Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Ciudad de México 07738
irodriguezf1500@alumno.ipn.mx

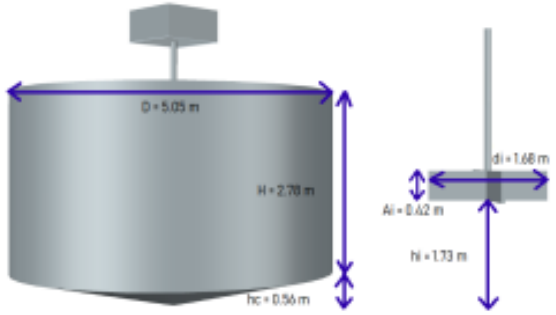
Palabras clave: digestión anaerobia, residuos de alimentos, análisis de ciclo de vida.

Introducción. En la Ciudad de México (CDMX) se generan diariamente más de trece mil toneladas de residuos sólidos urbanos, de los cuales los residuos orgánicos son la fracción más abundante. A pesar de que se han implementado políticas para fomentar el aprovechamiento de los residuos orgánicos, la mayor parte de estos todavía es enviada a sitios de disposición final, donde originan problemáticas ambientales, sociales y económicas. La digestión anaerobia (DA) de residuos orgánicos es una tecnología atractiva que ha sido aplicada ampliamente en Europa y Asia. Su implementación permite valorizar los residuos biodegradables obteniendo dos productos de valor agregado: biogás y digestato. El análisis de ciclo de vida es una herramienta que cuantifica los potenciales impactos ambientales derivados de todo el ciclo de vida de un producto o servicio, permitiendo comparar el desempeño ambiental de los sistemas de productos que se analicen.

El objetivo del presente trabajo es comparar el desempeño ambiental del manejo actual de los residuos orgánicos domiciliarios de la colonia San Bartolo Atepehuacan (SBA) y de un escenario propuesto que contemple la valorización cercana a la fuente mediante DA acoplada a cogeneración.

Metodología. Se realizó un muestreo de residuos orgánicos domiciliarios en la colonia SBA para calcular la generación per cápita y obtener una muestra representativa siguiendo la metodología del cuarteo. Se realizó una revisión bibliográfica para obtener el valor de productividad de metano de los RA y se seleccionó un cogenerador comercial de bajo consumo. Se caracterizó la muestra mediante un análisis proximal siguiendo la metodología de la NMX-AA 016-1984. A partir de los datos anteriores, se calculó la demanda de RA necesaria para cubrir la demanda de biogás, y se comparó con la cantidad generada diariamente en la colonia SBA para saber si era suficiente. Se realizó el dimensionamiento del digestor considerando las variables de operación típicas, se obtuvieron los volúmenes de operación y las medidas geométricas siguiendo la metodología descrita por Ale (2019), mientras que el sistema de agitación se dimensionó según Pietranski (2012). Para tener definido el escenario de valorización, se realizó el balance de masa en el reactor y se calcularon las pérdidas de calor de acuerdo con la metodología utilizada por Zupančič & Roš, (2003). Una vez definido el sistema de manejo propuesto, se comparó con el sistema actual mediante un análisis del inventario del ciclo de vida (ICV) siguiendo la metodología establecida por la ISO 14044:2006.

Resultados. A través del muestreo en la colonia SBA; se obtuvo una generación per cápita promedio de 0.1630 kg de RA/hab/d . Derivado del análisis proximal se obtuvo que los RA presentan valores de %H del 83.2609, %ST= 16.7391, %SV (base húmeda) = 13.7153 y %cenizas= 3.0238. Se determinó que el promedio del rendimiento metanogénico de RA fue de 442.82 mL CH4/g SV, el cogenerador seleccionado fue el modelo Micro QB-7500 (Simons Green Energy) con consumo de 0.13 MMBTU/h a carga plena. Se calculó una alimentación al digestor de 1516.0261 kg de RA/día mientras que la generación diaria estimada de la colonia resultó de 1086.5 kg de RA/día. Partiendo del flujo de RA y de una carga orgánica volumétrica de 7 kg SV/m^3/d, se dimensionó el siguiente digestor:



Se estimaron valores de demanda energética diaria de 53.03 kWh considerando la agitación y alimentación; así como una demanda térmica de 144.72 MJ considerando el calentamiento del sustrato y las pérdidas de calor. Por último, se realizó una comparativa a través del análisis del ICV, incluyendo un tercer escenario con eficiencia de separación del 100% para poder compararlo con la alternativa propuesta. Se obtuvo que el escenario actual presenta el peor desempeño ambiental principalmente por el envío a disposición final de 894 kg de RA diariamente, mientras que el escenario propuesto genera 126.9 kWh excedentes al día.

Conclusiones. La generación de residuos en la colonia SBA no cubre la demanda mínima para producir el biogás que alimente al cogenerador. Se dimensionó un digestor con un tiempo de retención hidráulica de 20.72 días, un volumen total de 37.13 m^3 con las dimensiones presentes en la figura anterior, cuyos requerimientos energéticos (eléctricos y térmicos) pueden ser cubiertos por la energía entregada por el cogenerador. El ICV de los sistemas no fue contundente respecto a cuál escenario presenta mejor desempeño ambiental, para ello es necesario estudiar el efecto de la aplicación de la composta obtenida.

Bibliografía.

1. Ale Enriquez, Fuad. (2019). Evaluación del efecto de metales traza sobre la etapa hidrolítica de la digestión anaerobia de residuos de alimentos. Tesis de grado. Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México.
2. Zupančič, G., & Roš, M. (2003). Heat and energy requirements in thermophilic anaerobic sludge digestion. *Renewable Energy*, *28*(14), 2255–2267. https://doi.org/10.1016/S 0960-1481(03)00134-4

CAPACIDAD DE CRECIMIENTO DE *Desmodesmus communis* EN PRODUCTOS DE DEGRADACIÓN DE PET

Monserrat Hernández-Maldonado, Selena Gutiérrez, Alfredo Martínez y Amelia Farrés, Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Química, Ciudad de México, C.P. 04510
farres@unam.mx

Palabras clave: D. communis, ficorremediación, microplásticos.

Introducción. La contaminación de los ambientes acuáticos por microplásticos (MP) se origina por la liberación de partículas manufacturadas primarias, así como por la degradación de artículos plásticos más grandes. Uno de los efectos de los MP en los organismos acuáticos son el daño por estrés oxidativo al sistema endócrino y el papel de los MP como vectores de contaminantes orgánicos [1 y 2]. Se ha reportado que *Cylindrotheca closterium*, *Dunaliella salina, Chaetoceros muelleri, Karenia brevis,* pueden degradar algunos ésteres de ácido ftálico [3 y 4] así como *Desmodesmus sp.*WR1 que degrada el bisfenol A [5]. El objetivo del trabajo es determinar si *D. communis* es un organismo idóneo para llevar a cabo el proceso de ficorremediación de productos de PET o productos de su degradación.

Metodología. Se armó el sistema de incubación para las microalgas y se monitoreó el crecimiento celular de *D. communis* con PET (tamaño de partícula menor de 0.25 mm), así como con diferentes compuestos de degradación del MP (TPA, DMT y BHET). Las concentraciones analizadas fueron 5, 25 y 50 mg/L. Las condiciones de luz:oscuridad fueron de 16:8 h con una intensidad de 4500-6000 lux.

Resultados.

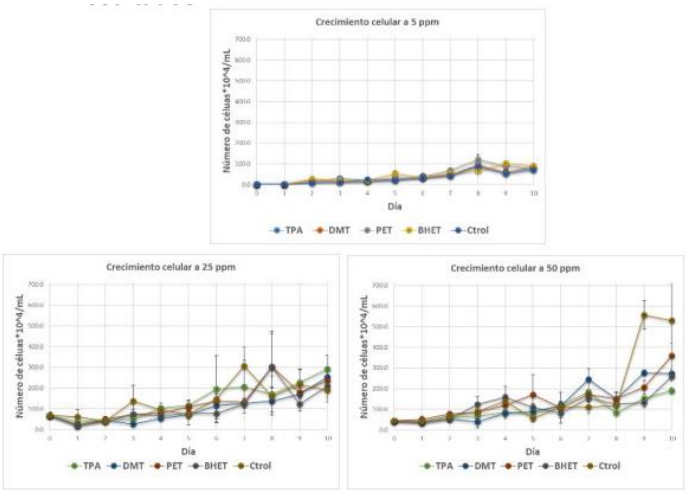


Fig. 1 Conteo celular de D. communis frente a productos de degradación de PET

Tabla 1. Porcentaje de inhibición del crecimiento microalgal por el PET y productos de degradación

	5 ppm	25 ppm	50 ppm
TPA	-4	-43	42
DMT	-6	-29	27
PET	-2	-22	16
BHET	-7	-10	29

Conclusiones. La microalga *D. communis* es capaz de crecer en medios que contienen 5, 25 y hasta 50 ppm de un microplástico y alguno de sus componentes (PET y TPA) con una diferencia estadísticamente significativa. Cuando se emplearon en el medio de cultivo DMT y BHET en una concentración de 5 ppm y 25 ppm, también hay diferencia significativa, pero al aumentar la concentración a 50 ppm, ya no existe diferencia en el crecimiento. Los porcentajes de inhibición a una concentración de 50 ppm de los compuestos analizados es de 42, 29, 27 y 16 %, para TPA, BHET, DMT y PET, respectivamente.

Agradecimiento. Facultad de Química PAIP 5000-9095 Beca CONACYT 1007650

Bibliografía.

1. Horton, A., Walton, A., Spurgeon, D., Lahive, E. y Svendsen, C. (2017). Sci. Total Environ. 586: 127-141.
2. Franzellitti, S., Canesi, L., Auguste, M., Wathsala, R. y Fabbri, E. (2019). Environ. Toxicol. Pharmacol. 68: 37-51.
3. Gao, J. y Chi, J. (2015). Mar. Pollut. Bull. 99: 70-75.
4.Sun, C., Zhang, G., Zheng, H., Liu, N., Shi, M., Luo, X., Chen, L., Li, F. y Hu, S. (2019). Aquat. Toxicol. 206: 81-90.
5. Wang, R., Diao, P., Chen, Q., Wu, H., Xu, N. y Duan, S. (2017). Chem. Eng. J. 321: 424-431.

COMPARACIÓN DE DIFERENTES PRUEBAS DE BIODEGRADACIÓN AERÓBICA EN BIOPLÁSTICOS

Mitzi Rubi De Jesus Altuzar, Celestino Odín Rodríguez Nava, Instituto Politécnico Nacional Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Ciudad de México 07738
mdejesusa0900@alumno.ipn.mx

Palabras clave: Bioplástico, biodegradación aeróbica.

Introducción. La dependencia del ser humano por los plásticos para realizar sus actividades diarias ha provocado un incremento en su producción, que junto con el mal manejo de los residuos se han convertido en una gran problemática ambiental (1); para disminuir el impacto que causan estos materiales al ambiente, se han propuesto diversas alternativas como son: la sustitución de bolsas y productos desechables de origen plástico, por bioplásticos que al finalizar su vida útil puedan degradarse en condiciones de compostaje sin generar daños ambientales. Estos productos deben estar respaldados con estudios que demuestren su biodegradabilidad, en consecuencia, la Ciudad de México expidió la Norma Mexicana NMX-E-273-NYCE-2019 que establece las especificaciones mínimas que deben cumplir los bioplásticos para su degradación a través del composteo aerobio (2). Este trabajo compara la biodegradación de ocho bioplásticos, mediante cuatro ensayos aerobios: un análisis respirométrico, un análisis hidrolítico, la evaluación cualitativa de macromiceto y un ensayo de compostabilidad conforme a la norma internacional ISO 14855-2.

Metodología. En el ensayo respirométrico se evaluaron ocho bioplásticos: un plato de mosto de cerveza (Plato MC), un plato de almidón de caña azúcar (Plato CA), un plato, dos bolsas hechas de almidón de maíz (Plato AM, bolsa 1 AM, bolsa 2 AM), un vaso de ácido poliláctico (Vaso PLA) y dos resinas una de almidón de papa y la otra de cascara de papa (resina AP, resina CP); se calculó el porcentaje de mineralización a partir de la Demanda Bioquímica de Oxígeno (DBO) que se obtuvo con el equipo BODTRAK TM II marca Hach, se inoculó con bacterias facultativas de un reactor hidrolítico (3) por un período de 10 días. El ensayo del macromiceto se realizó con los ocho bioplásticos, se colocaron en 10 ml de medio de cultivo sin glucosa (4) y se inocularon con el hongo *Trametes hirsuta* utilizando como única fuente de carbono los bioplásticos, después de 30 días se observó el crecimiento sobre cada uno de ellos. En el ensayo hidrolítico se evaluaron 4 de los bioplásticos (Plato AM, Plato ACA, Bolsa AM y Vaso PLA), se colocaron en 120 ml de medio de cultivo sin glucosa, se inocularon con bacterias del reactor hidrolítico, cada 5 días se obtuvo la Demanda Química de Oxígeno (DQO) de acuerdo con la Norma Mexicana NMX-030-SCFI-2001 y con el dato teórico se calculó el porcentaje de hidrólisis. En el ensayo de compostabilidad se evaluó únicamente en la resina CP de acuerdo con la norma Internacional ISO 14855-2.

Resultados. En el ensayo respirométrico se obtuvieron los porcentajes de mineralización: el plato MC tuvo un 11.1% de mineralización en los primero dos días, la bolsa 2 AM obtuvo una mineralización del 9.4% en ocho días, la resina CP presentó un 9.1% en cinco días, la Bolsa 1 AM un 8.4%, la Resina AP tuvo un porcentaje de mineralización de 6.3% en diez días, los platos ACA y AM tuvieron un porcentaje de mineralización de 1.5% y 1.2% respectivamente en diez días por último el Vaso PLA no presentó porcentaje de mineralización. Para el ensayo con el macromiceto se observó crecimiento micelial del hongo en 5 de los 8 bioplásticos evaluados; en el plato MC, bolsa 1 AM, plato AM, plato ACA, bolsa 2 AM, el macromiceto utilizó como fuente de carbono y energía a los bioplásticos; para los otros tres bioplásticos restantes, no se observó ningún crecimiento. En el ensayo hidrolítico el Plato AM tuvo un porcentaje de hidrólisis de 5.76% en cinco días, la Bolsa 1 AM con 2.86% de hidrólisis en cinco días, el Vaso PLA con un porcentaje de hidrólisis de 2.83% en 10 días, y finalmente el Plato ACA con un 1.27% de hidrólisis en 5 días. En la prueba de compostabilidad la resina CP tuvo un porcentaje de biodegradación de 73.25% por un periodo de 49 días, por lo que se considera un producto biodegradable en composta según la norma Internacional ISO 14855-2.

Conclusiones. Se realizaron cuatro ensayos para evaluar la degradación de ocho bioplásticos bioplásticos por acción de microorganismos, en cuatro ensayos aeróbicos; durante estas pruebas se aseguró que la única fuente de carbono para los microorganismos fuesen los bioplásticos; elaborados a base de diferentes almidones: maíz, caña de azúcar, papa y cáscara de papa, además de otros biomateriales como el ácido poliláctico y mosto de cerveza. El ensayo respirométrico y el hidrolítico presentaron porcentajes de mineralización e hidrolisis menores al 11% utilizando un inóculo de bacterias facultativas, mientras que en el ensayo de compostabilidad tuvo un 73.25% porcentaje de biodegradación del después de 49 días la diferencia entre estas pruebas depende de la materia prima utilizada para realizar los bioplásticos, también los resultados sugieren que la velocidad de biodegradación depende del ensayo utilizado para evaluar la biodegradabilidad de los bioplásticos.

Bibliografía.

1. Jaén M., Esteve P., Banos-González I. (2019) *Eureka sobre enseñanza y divulgación de las ciencias*, vol 16. Num.1.
2. NMX-E-273-NYCE-2019 (2020) *Diario Oficial de la Federación*. 3. Ale F., Castro-Muñoz R., Barragán-Huerta BE., Rodríguez-Nava O. (2020) *Processes* Vol (8). Pag (1371).
4. Sivakumar R., Rajedran R., Balakumar C. y Tamilvendan M. (2010). Int. J. Eng. Sci. Technol. 2, pag. 7133-7141. DOI: 10.1134/S0003683808060100

VELOCIDAD DE CRECIMIENTO DE *Daldinia concentrica* CRECIDO SOBRE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES

Reyna Isabel Cueva Clavijo[1,2], Maura Téllez Téllez[1], Ma. de Lourdes Acosta Urdapilleta[1], Liliana Aguilar-Marcelino[3], Edgar Martínez-Fernández[1],[1]Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad No.1 Cuernavaca Morelos, C.P. 62209, [2]Maestría en Manejo de Recursos Naturales, CIB-UAEM, [3]CENID-SALUD ANIMAL E INOCUIDAD, INIFAP
urdapilletal@yahoo.com

Palabras clave: Aguacate, Jitomate, Maíz

Introducción. A nivel mundial la generación de subproductos o residuos agroindustriales en las diferentes etapas de los procesos productivos es una gran problemática, ya que contribuye al proceso de contaminación ambiental, debido a que en la mayoría de los casos no son procesados o dispuestos adecuadamente (1); una alternativa de manejo para estos desechos es el cultivo de hongos funcionales. Tal es el caso de *D. concéntrica*; en México es conocido como "hongo negro" o "bola de madera", es saprobio y tiene una amplia distribución. Es considerado medicinal atribuyéndole propiedades analgésicas y sedantes (2), cabe mencionar que su cultivo no se ha estandarizado por lo que sería importante que se cultive utilizando desechos agroindustriales de la región de Morelos, para realizar futuros estudios con respecto a sus propiedades terapéuticas sin extraerlo de forma silvestre. Por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar la velocidad de crecimiento (VC) del micelio de *D. concentrica* en caja Petri utilizando distintos sustratos.

Metodología. Se utilizó la cepa HEMIM-90. Se evaluaron 9 tratamientos (T), cinco fueron 100% y cuatro mezclas (maíz, aguacate y jitomate): T1) PDA (Agar Papa Dextrosa), T2) rastrojo de maíz, T3) hoja de aguacate, T4) rastrojo de jitomate, T5) encino, T6) 40%/30%/30%; T7) 50%/25%/25%; T8) 60%/20%/20%; T9) 70%/15%/15%. Los cuales fueron colocados en cajas Petri (90 mm) y se esterilizaron (121°C), posteriormente se inocularon con un fragmento de micelio (5mm). Se determinó la VC (mm/h) (3). Se realizó análisis ANOVA seguido de una prueba de Tukey.

Resultados. El hongo *D. concéntrica* creció sobre los cuatro sustratos probados y las combinaciones, el aserrín de encino fue sobre el que creció menos, siendo diferente significativamente a los demás tratamientos y T6 y T9 no presentaron diferencias entre ellos (Fig. 1). Aproximadamente se ha reportado la VC en medio PDA para *Morchella esculenta* con 0.32 mm/h (4), es parecida a la determinada para *D. concentrica*, pero comparado con *Pleurotus ostreatus* que se ha reportado de 0.16 mm/h al crecerlo sobre PDA (5) que es menor a la reportada en este trabajo.

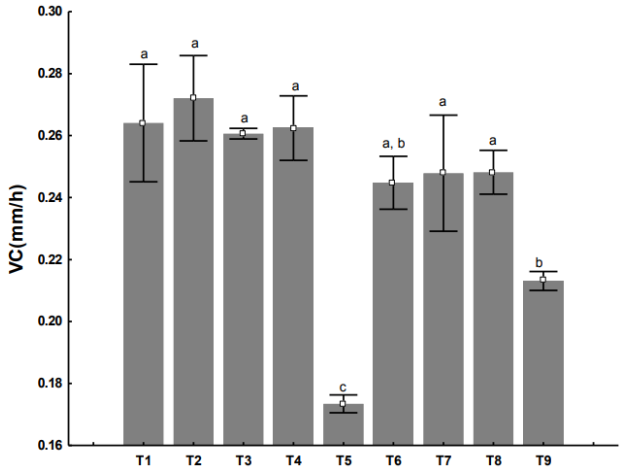


Figura 1. Velocidad de crecimiento de D. concéntrica en los diferentes tratamientos.

Conclusiones. Los sustratos agroindustriales utilizados (rastrojo de maíz, hoja de aguacate y rastrojo de jitomate) fueron óptimos para que D. concéntrica crezca y los degrade, una vez que termine el crecimiento el hongo dichos sustratos puede utilizarse como composta.

Agradecimiento. Al CONACyT por el apoyo otorgado (793587) para la realización de los estudios de maestría de Reyna Isabel Cueva Clavijo.

Bibliografía.

1. Corredor, Y. A. V., & Pérez, L. I. P. (2018). Aprovechamiento de residuos agroindustriales en el mejoramiento de la calidad del ambiente. Rev. Fac. Cienc. Ebs., 59-72.
2. Guzmán, G. (1997). Los nombres de los hongos y lo relacionado con ellos en América Latina introducción a la etnomicobiota y micología aplicada de la región, sinonimia vulgar y científica (No. C/589.2016 G8).
3. Martínez, D., Buglione, M., Filippi, M., Reynoso, L., Rodríguez, G. y Agüero, M. (2015). Evaluación del crecimiento micelial de Pleurotus ostreatus y Agrocybe aegerita sobre orujos de pera. Anal. Biol., 37, 1-10.
4. Güler, P., & ARKAN, O. (2000). Cultural characteristics of Morchella esculenta mycelium on some nutrients. Turk. Jour. of Biol., 24(4), 783-794.
5. Acosta Urdapilleta, M. D. L., Téllez Téllez, M., Villegas, E., Estrada, A., & Díaz Godínez, G. (2016). Caracterización de cinco especies de Pleurotus crecidas en cuatro medios de cultivo. Mex. Jour. of Biotechnol., 1(1), 1-11.

EVALUACIÓN DEL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL DOMÉSTICA USANDO SISTEMAS DE LODOS ACTIVADOS Y SISTEMAS TIPO MBBR

Alejandra Beltrán Plascencia, Carlos Javier Escudero Santiago, Departamento de Biotecnológicas y Ambientales, Universidad Autónoma de Guadalajara, Zapopan, Jalisco, 45129
carlos.escudero@edu.uag.mx

Palabras clave: Lodos activados, Biocarriers, Agua residual.

Introducción. El tratamiento de agua residual por lodos activados es un método de bajo costo. Sin embargo, requiere grandes instalaciones que limita su aplicación [1]. Los sistemas de reactores de biopelícula de lecho móvil ("MBBR" por sus siglas en inglés) han sido utilizados bajo el mismo fundamento de generar biomasa, pero otorgando una matriz que incrementa la retención de sólidos en un área reducida y en constante aireación aprovechando los beneficios de la biomasa libre y de la fija [2]. El soporte consiste en membranas móviles o biocarriers que son estructuras para la formación de una biopelícula estable que protege a los microorganismos degradadores de la materia orgánica [3]. Otras ventajas de los MBBR son la baja pérdida de carga, ausencia de retrolavado periódico y el menor espacio requerido que los lodos activados para procesar la misma cantidad de agua residual [4]. Es importante seleccionar el tipo de membrana así como el porcentaje de biocarriers en el volumen del reactor, para garantizar un buen crecimiento de los microorganismos y evitar desprendimiento de la biopelícula [3]. Con este proyecto se busca determinar las mejores condiciones para la mayor eliminación de la materia orgánica y demás parámetros de calidad en muestras de agua residual doméstica bajo tratamiento por sistemas de lodos activados y MBBR, que ayuden a mejorar la calidad del efluente y cumplir valores normativos de descarga.

Metodología. Se instaló y operó un tratamiento aerobio de agua residual doméstica a nivel laboratorio, constituido de tres componentes: un depósito de almacenamiento (3 L) y distribución del agua residual hacia los otros componentes; dos reactores, uno tipo lodos activados (0.75 L) y otro tipo MBBR (0.75 L). En esta investigación se comparó el funcionamiento de los sistemas sin membrana y con biocarriers de 0.9 cm de diámetro y superficie específica de 500 m2 /m3 (con porcentajes de llenado de 10, 20 y 30% del volumen del reactor). Ambos sistemas se mantuvieron en aireación desde el inicio de cada ciclo operativo durante 7 días. Se realizaron mediciones diarias de la Demanda Química de Oxígeno (DQO), el pH y la conductividad, así como las concentraciones iniciales y finales de los diferentes tipos de sólidos. Se trabajó con un tiempo de retención hidráulico de 2 h en cada biorreactor. Debido a la disponibilidad del agua residual y limitaciones de monitoreo los biorreactores fueron operados de forma semi-continua. Después de cada tratamiento las muestras retiradas de los biorreactores se dejaron sedimentar en conos himhoff para cuantificar los sólidos sedimentables y remover la biomasa presente para hacer pruebas de identificación microbiana.

Resultados. Las tres muestras de agua residual cruda usadas tuvieron los siguientes valores promedios de cada parámetro: pH de 7.37±0.53, DQO de 1472.22±159.94 mg/L, ST de 906.11±296.81 y SST de 125.00±57.66 mg/L. El mayor porcentaje de eliminación de la DQO se consiguió con el 20% del llenado de biocarriers en el biorreactor, logrando un 94% de reducción de la DQO (valor final aprox. de 100 mg/L), mientras que con los lodos activados se obtuvo una reducción máxima del 90%. Estos valores se lograron a partir del cuarto día de funcionamiento del sistema, una vez que se consiguió la formación de la biopelícula como se muestra en Fig. 2 (a).

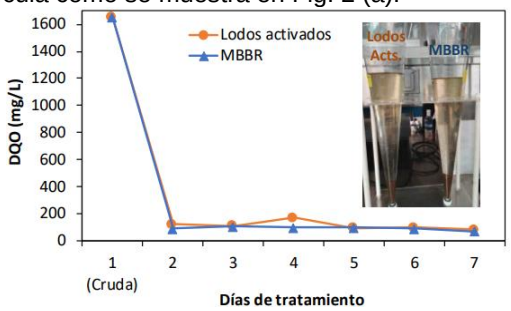


Fig. 1. Comportamiento de la DQO para lodos activados y MBBR con 20% de biocarriers (Mca. AnoxKaldnes™).

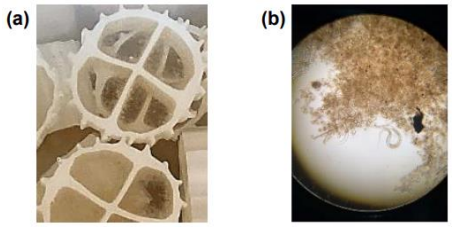


Fig. 2. (a) Biopelícula formada en las divisiones internas de las membranas de HDPE y (b) Observación al microscopio (Zeiss) de la presencia de nemátodos y rotíferos en el lodo de los reactores.

Conclusiones. El sistema MBBR con 20% de membranas proporcionó los mejores resultados de depuración del agua residual doméstica, logrando valores dentro de los límites normativos de descarga a cuerpos receptores en términos de pH, sólidos suspendido y DQO (relacionado con DBO5). Es necesario evaluar el costo beneficio frente a los resultados obtenidos con los lodos activados.

Bibliografía.

1. Kuei, C., Chih, H., Lien, S. (2020). Int. J. Environ. Res. Public Health. 17 (544): 1-14.
2. Barwal, A., Chaudhary, R. (2014). Rev. Environ. Sci. Biotechnol. (13): 285-299.
3. Amshawee S., Bin M., Viet D., Han N. (2020). Environ. Chem. Lett. 18: 1925-1945.
4. Santos A., Martins R., Quintana-Ferreira R., Castro L. (2021) Energy Rep. 6: 340-344.

ACTIVIDAD EXTRACELULAR DE HIDROLASAS DE *Hericium erinaceus* EN CULTIVO SÓLIDO

Estefany Sánchez-Maldonado[1], Mariel Fabián-Jurado[1], Maura Téllez-Téllez[1], Ma. de Lourdes Acosta-Urdapilleta[1], Gerardo Díaz-Godínez[2], Edgar Martínez-Fernandez[1], Alma D. Sánchez García[3], Anabel Ortiz Caltempa[4], Reyna Isabel Cueva-Clavijo[1]. [1]Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Av. Universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. C.P. 62209, [2]Universidad Autónoma de Tlaxcala, Av. Universidad Núm. 1, Tlaxcala, Tlax. [3]Universidad Politécnica del Estado de Morelos, Jiutepec, Mor. [4]Centro de Investigaciones en Biotecnología, UAEM.
maura.tellez@uaem.mx.

Palabras clave: Amilasas, Pectinasas, Xilanasas

Introducción. Los hongos son organismos heterótrofos y algunos degradan eficientemente materiales lignocelulósicos, se han denominado como hongos de pudrición blanda, oscura y blanca. Se ha reportado que, en cada tipo, se producen diferentes enzimas extracelulares, lo que les permite colonizar diferentes nichos ecológicos (1). El hongo *Hericium erinaceus* es un hongo de pudrición blanca con gran interés de estudio debido a que, además de ser comestible, se sabe que tiene importantes propiedades medicinales. Sin embargo, se ha explorado muy poco la producción de enzimas extracelulares, por lo que, en este trabajo de investigación se determinó la actividad enzimática extracelular: amilasas, celulasas, invertasas, pectinasas y xilanasas de *H. erinaceus* crecido en caja de Petri.

Metodología. Se colocó en cajas de Petri (90x15 mm) sustratos hidratados: aserrín de jacaranda, cascarilla de cacahuate, olote de maíz, rastrojo de maíz, salvado de trigo, bagazo de caña de azúcar, cascarilla de arroz y paja de arroz, se esterilizaron y se inocularon con un fragmento de micelio de *H. erinaceus* (4mm). Después de 17 días de crecimiento se obtuvieron los extractos extracelulares, agregando agua destilada al sustrato tomando en cuenta el peso seco de sustrato inicial (1g/25mL). La actividad extracelular (U/gXseca) se cuantificó utilizando almidón al 1% para amilasas, carboximetilcelulosa 1% para celulasas, sacarosa al 0.1M para invertasas, pectina 0.5% para pectinasas y xilano al 0.5% para xilanasas, cada ensayo se incubó, y posteriormente se le agregó 2 mL de DNS (2).

Resultados. Al conocer la actividad enzimática de los hongos es de gran importancia para comprender mejor sus características fisiológicas y bioquímicas, además, para determinar su potencial aplicación industrial y biotecnológico. El hongo *H. erinaceus* presentó mayor actividad al crecer sobre salvado de trigo y rastrojo de maíz (Fig. 1). Sin embargo, también al utilizar cascarilla de cacahuate favoreció la actividad de xinalasas (10 U/g de biomasa seca) y celulasas (4 U/g de biomasa seca). Krupodorova *et al*. (3) reportó que *H. erinaceus* presentó actividad sobre placa de amilasa, lipasa, lacasa y ureasa, en este trabajo se detectó actividad de amilasa en los ocho extractos analizados, aunque, hubo diferencias de actividad dependiendo el sustrato sobre el que se creció, siendo mayor en salvado de trigo (10 U/g de biomasa seca) (Fig 1a). Li *et al*. (4) reportó que *H. erinaceus* produce enzimas celulasas, a los 10 días fue de 22.6 U/L, en este trabajo la máxima actividad fue de 6 U/g de biomasa seca en cascarilla de cacahuate.

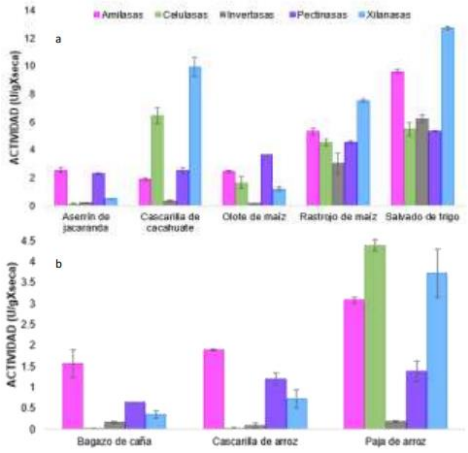


Fig. 1. Actividad extracelular de *H. erinaceus* sobre diferentes sustratos

Conclusiones. Se detectó actividad de las cinco enzimas analizadas y se puede optimizar las condiciones de crecimiento.

Agradecimiento: A la Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

Bibliografía.

1. Peralta R, da Silva B, Gomes-Côrrea R, Kato C, Vicente-Seixas F y Bracht A. (2017). Enzymes from Basidiomycetes-peculiar and efficient tools for biotechnology. En: Biotechnology of Microbial Enzymes. Brahmachari G, Demain A y Adrio J. Academic Press Elsevier, India. 119-149.
2. Miller G. (1959). Anal. Chem. 31 (3): 426–429.
3. Krupodorova T, Ivanova T y Barshteyn V. J Microbiol. Biotech. Food Sci. 3 (4): 315–318.
4. Li F, Zhu X, Li N, Zhang P, Zhang S, Zhao X, Li P, Zhu Q y Lin H. (2014). Sci. World J. 2014: 1–6.

ACTIVIDAD DE LACASAS DE TRES CEPAS DE *Schizophyllum* spp.

Mariel Fabian Jurado[1], Estefany Sánchez Maldonado[1], Maura Téllez-Téllez[1], Ma de Lourdes Acosta-Urdapilleta[1], Silvia Cappello-García[2], [3]Néstor I. Bautista García, [4]Elba C. Villegas, Reyna I. Cueva-Clavijo[1]. [1]Centro de Investigaciones Biológicas Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad1 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, CP. 62209, [2]Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, [3]Facultad de Ciencias Agropecuarias UAEM, [4]Centro de Investigación en Biotecnología UAEM.
maura.tellez@uaem.mx

Palabras clave: Desechos lignocelulósicos, Lacasas, pH

Introducción. El hongo *Schizophyllum commune,* es un agárico comestible, con una gran capacidad para secretar una gran cantidad de enzimas hidrolíticas, como xilanasas y endoglucanasas, además, un gran número de genes que codifican proteínas oxidorreductasas como lacasas, entre otras, lo que ha mostrado el potencial de este hongo para ser aplicado en diferentes procesos biotecnológicos (1). Las lacasas tienen varias aplicaciones industriales, debido a su innata capacidad de oxidación de una amplia gama de compuestos fenólicos y no fenólicos, por lo que se pueden utilizar en diferentes procesos biotecnológicos (2). Por lo que, el objetivo de este trabajo, fue determinar la actividad de lacasas de tres cepas de *Schizophyllum* spp.

Metodología. Se colocó en cajas de Petri (90x15 mm) sustratos hidratados: aserrín de cedro, aserrín de jacaranda, aserrín de pino, cáscara de cacahuate, fibra de coco, rastrojo de maíz y olote, se esterilizaron y se inocularon con un fragmento de micelio de cada una de las cepas *Schizophyllum* spp. (4mm). A los 17 días de crecimiento, se obtuvieron los extractos extracelulares, agregando agua al sustrato (por cada 1g de biomasa/25mL). La mezcla de reacción para cuantificar lacasas fue: 900 µL de 2,6-dimetoxifenol (2 mM) en buffer de acetato a 0.1 M y pH de 4.0, 4.5, 5.0 y 5.5 con 100 µL de ECE. Se incubó a 40°C/10 min, se leyó la absorbancia a 468 nm.

Resultados. La actividad enzimática de lacasas del hongo *Schizophyllum* spp., varió de acuerdo al pH que se utilizó para determinar la actividad, y también varió dependiendo el sustrato y cepa utilizada (Fig. 1, 2 y 3). En las tres cepas hubo mayor actividad en rastrojo de maíz, para la cepa HEMIM-98 la actividad fue de 27.81 U/gX a pH 5.5 y de 23.6 a pH 5.0 (Fig. 1).

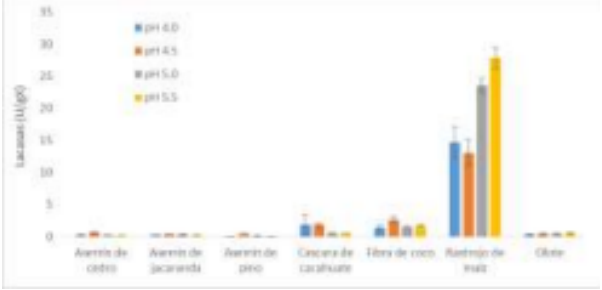


Fig. 1. Actividad enzimática de *Schizophyllum* sp. (HEMIM-98).

Para la cepa HEMIM-99 fue de 17.76 U/gX a pH 5.0 y 15.94 U/gX a pH de 5.5 (Fig. 2) y para la HEMIM-107 la mayor actividad fue de 11.33 U/gX a pH 4.5 y 10.3 U/gX a pH 5.0 (Fig. 3).

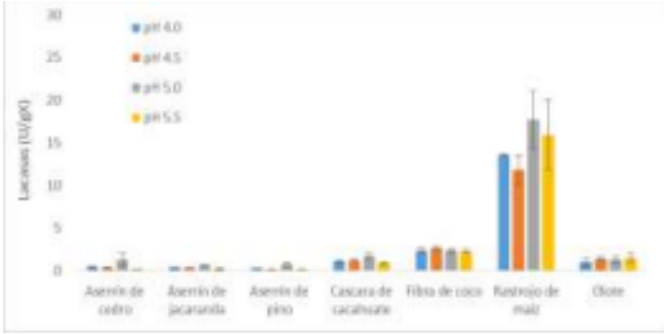


Fig. 2. Actividad enzimática de *Schizophyllum* sp. (HEMIM-99).



Fig. 3. Actividad enzimática de *Schizophyllum* sp. (HEMIM-107).

Conclusiones. Las tres cepas de *Schizophyllum* spp. presentaron actividad de lacasas, la actividad de lacasas fue baja, sin embargo, esta reportado que el hongo *Schizophyllum* es eficiente degradador de materiales lignocelulósicos, por lo que, es importante conocer la actividad de otras enzimas implicadas en dicho proceso.

Bibliografía

1. Tovar-Herrera, O. E., Martha-Paz, A. M., Pérez-LLano, Y., Aranda, E., Tacoronte-Morales, J. E., Pedroso-Cabrera, M. T., & Batista- García, R. A. (2018). *Schizophyllum commune*: An unexploited source for lignocellulose degrading enzymes. *MicrobiologyOpen*. 7(3), e00637.
2. Upadhyay, P., Shrivastava, R., & Agrawal, P. K. (2016). Bioprospecting and biotechnological applications of fungal laccase. 3 *Biotech*. 6 (1). 15.

EFECTO DEL MOF HKUST-1 SOBRE LA CINÉTICA RESPIRATORIA DE UN CONSORCIO MICROBIANO NITRIFICANTE

Jesús David López-Moreno; Gabriel Hernández-Martínez; Alejandro Zepeda; Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Ingeniería Química, Mérida, Yucatán, México, CP. 97203
davo.lmoreno@gmail.com

Palabras clave: MOF HKUST-1; Nitrificación; Inhibición

Introducción. El interés sobre los compuestos metal orgánicos (MOF, por sus siglas en inglés) ha crecido de manera exponencial durante la última década. Entre ellos, el MOF HKUST-1, MOF a base de cobre, ha mostrado diversas aplicaciones industriales, como la catálisis, el almacenamiento de gases y remoción de contaminantes, debido a sus diferentes propiedades fisicoquímicas. Sin embargo, existen escasos estudios sobre su impacto sobre el medio ambiente, aún cuando ciertas actividades inhibitorias y bactericidas han sido reportados para este nanomaterial[1,2]. Por ello, resulta necesario el estudio de los efectos que el MOF HKUST-1 podría provocar sobre procesos biológicos que se encuentran en la naturaleza tal como la nitrificación (proceso incluido en ciclo biogeoquímico del nitrógeno), con el objetivo de obtener evidencias sobre la nanoseguridad de dicho material en el medio ambiente. Por lo que el objetivo general de este trabajo fue evaluar el efecto del MOF HKUST-1 sobre la cinética respiratoria de un consorcio microbiano nitrificante (CMN) a través de microrrespirometría.

Metodología. El CMN utilizado (fuente de inóculo) fue obtenido de un reactor continuo en estado estacionario estable (2 L, TRH 2 d, pH 8 ± 0.5, 30 ± 0.5°C). A través de la microrrespirometría dinámica de pulsos de concentración creciente[3,4], se realizaron cinéticas de respiración del CMN a seis diferentes concentraciones de MOF HKUST-1(mg L^{-1}): 50, 100, 200, 300, 400 y 500. Todos los experimentos fueron realizados por triplicados y en ausencia y presencia de MOF. El análisis de los respirogramas obtenidos y la estimación de la constante de afinidad al sustrato (K_S) y la tasa máxima de consumo de oxígeno (OUR_{max}) se realizó por medio de Excel, empleando modelos matemáticos previamente reportados[3,4]. Por último, se llevó a cabo el análisis de varianza y pruebas de Dunnet, con una $\alpha = 0.05$ (Minitab17) de los parámetros obtenidos.

Resultados. La Figura 1 muestra el efecto del MOF HKUST-1 sobre el proceso respiratorio nitrificante en presencia de sustrato (4 mg N-NH_4^+ L^{-1}). Se observó que al incrementar la concentración del MOF de 0 a 500 mg L^{-1}, la tasa de respiración máxima observada (OUR´max) disminuyó de 31.58 ± 0.53 hasta 16.33 ± 1.21 mg O2 L^{-1} h^{-1}, respectivamente. Obteniendo un porcentaje de inhibición máximo de 44.44 ± 3.84 % a 500 mg MOF L^{-1}.

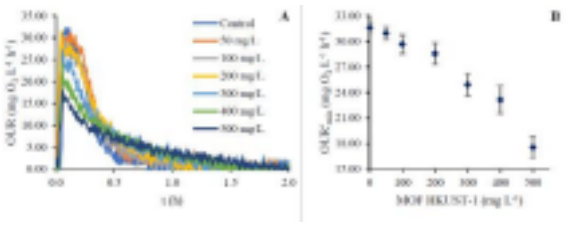


Fig 1. A) Perfiles de OUR a diferentes concentraciones de MOF HKUST-1 (4 mg N-NH_4^+ L^{-1}); B) Variación de la OUR´$_{max}$.

En la Figura 2 se muestra el comportamiento de la K_S y OUR_{max} del CMN al incrementar la concentración del MOF HKUST-1. En donde no se observaron cambios significativos en los valores de OUR_{max}. Sin embargo, la K_S incrementó conforme al incremento de la concentración de MOF HKUST-1, sugiriendo que la presencia del nanomaterial provocó una inhibición del tipo competitiva[5], afectando presumiblemente la actividad de la enzima amonio monooxígenasa.

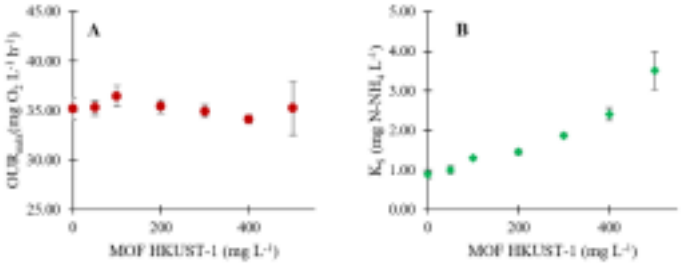


Fig 2. Variación de los parámetros cinéticos, (A) $OUR_{máx}$ y (B) K_S, del proceso de nitrificación a diferentes concentraciones de MOF HKUST-1

Conclusiones. El MOF HKUST-1 provocó un efecto inhibitorio competitivo sobre la cinética del proceso respiratorio de un consorcio microbiano nitrificante, afectando presumiblemente la actividad de la enzima amonio monooxígenasa.

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por CONACYT (Proyecto Ciencia Básica 2016, clave 284140 y Beca 751238).

Bibliografía

1. Celis-Arias, V., Loera-Serna, S., …, & Ruiz-Ramos, R. (2018) *New J. Chem.* 42(7): 5570–5579.
2. Emam, H. E., Darwesh, O. M., & Abdelhameed, R. M. (2018) *Colloid Surface B*, 165, 219–228.
3. Ramirez-Vargas R, Ordaz A, Carrion M, …, Thalasso F. (2013) *Biodegradation*. 24(5):675-684.
4. Esquivel-Rios I, Ramirez-Vargas R, …, Ordaz A, Thalasso F (2014) Biochem. Eng. J. 83: 70-78.
5. Doran (2013) Homogenous Reactions, *Bioprocess Engineering Principles*, Elsevier, UK. 599-704.

CONSUMO COMETABÓLICO DEL BENZOTRIAZOL EN UN REACTOR SBR

Rubén Trejo Castillo[a]; Elie Girgis El Kassis[b]; Flor Cuervo-López[a]; Anne-Claire Texier[a,*] [a]UAM-Iztapalapa, Departamento de Biotecnología, Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, C.P. 09340, Ciudad de México, México. [b]UPAEP, Departamento de Ciencias Biológicas, 11 Poniente No.2316, Col Barrio de Santiago, C.P. 72410 Puebla, México.
actx@xanum.uam.mx, trejo_01@hotmail.com

Palabras clave: Benzotriazol, contaminantes orgánicos emergentes nitrificación

Introducción. Los contaminantes orgánicos emergentes (EOCs por sus siglas en inglés), incluido el benzotriazol (BT), han sido detectados en ambientes acuáticos y efluentes de plantas de tratamiento de agua, poniendo en riesgo a los ecosistemas y a la salud humana (1). Los lodos nitrificantes tienen la capacidad de oxidar simultáneamente amonio (NH_4^+) y EOCs (2,3). Se ha demostrado en cultivos nitrificantes en lote, que las bacterias amonio oxidantes participan en la biodegradación de BT por cometabolismo a través de la enzima amonio monooxigenasa (4). Sin embargo, la información sobre la contribución de lodos nitrificantes en la biodegradación de BT es aún limitada en sistemas dinámicos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del aumento de la concentración inicial de amonio sobre el consumo cometabólico de BT por un lodo nitrificante en un reactor de lotes secuenciados (SBR, sequencing batch reactor).

Metodología. Se operó un SBR de 2 L bajo condiciones nitrificantes: llenado (10 min), reacción biológica (47 h o 35 d), sedimentación (40 min) y drenado (10 min) (5). El inóculo provino de un reactor continuo nitrificante en estado estacionario (4). Los primeros ciclos de operación de referencia (1-14) duraron 48 h. A partir del ciclo 15, se alimentó con BT (5 mg/L) y los ciclos duraron 35 d. Se aumentó la concentración de amonio de 300 a 400 y 500 mg N/L en los ciclos 20, 21 y 22, respetivamente. Las variables de respuesta fueron: eficiencias de consumo de BT y amonio (%): E_{BT} y E_{NH4+}; rendimientos de nitrito y nitrato (mg N producido/mg N-NH_4^+ consumido): Y_{NO2-} y Y_{NO3-}; velocidades específicas de consumo de BT (mg/g proteína microbiana d) y amonio (mg N/mg proteína d): q_{BT} y q_{NH4+} y velocidades específicas de producción de nitrato (mg N/mg proteína d): q_{NO3-}. Las velocidades se determinaron mediante el modelo modificado de Gompertz (5).

Resultados. El consumo de BT en el reactor SBR mejoró con el incremento de la concentración inicial de amonio (Fig. 1). Al aumentar la concentración de amonio de 300 a 500 mg N/L: la E_{BT} incrementó 2.1 veces y la q_{BT} 1.6 veces (Tabla 1). En presencia del BT, el proceso de la nitrificación fue completo con E_{NH4+} de 100%, Y_{NO3-} de 1 y sin acumulación de nitrito, pero se inhibió el proceso nitrito oxidante, el cual después de 5 ciclos de operación con BT (15-19), siguió inhibido con una disminución de q_{NO3-} de 23.4 veces respecto al ciclo 14 de referencia.

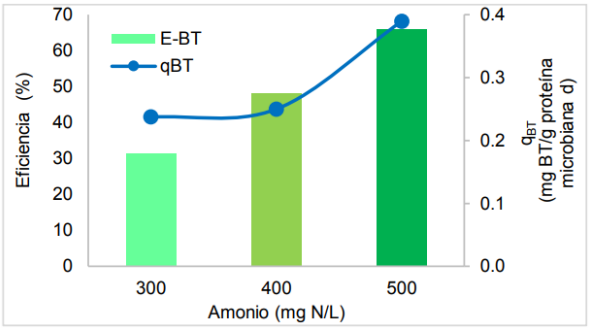


Fig. 1. Eficiencia y velocidad específica de consumo de BT en el reactor SBR a diferentes concentraciones iniciales de amonio (mg N/L): 300 (ciclo 20), 400 (ciclo 21) y 500 (ciclo 22).

Tabla 1. Biodegradación de benzotriazol y nitrificación en diferentes ciclos de operación del reactor SBR

NH_4^+ (mg N/L)	BT (mg/L)	E_{BT} (%)	q_{BT}	E_{NH4+} (%)	Y_{NO2-}	Y_{NO3-}	q_{NH4+}	q_{NO3-}
300 Ciclo 14	-	-	-	100	0	1.0	2.12	1.17
300 Ciclo 20	5.24	31.3	0.24	100	0	1.0	4.10	0.05
400 Ciclo 21	5.35	48.1	0.25	100	0	1.0	3.75	0.04
500 Ciclo 22	5.30	65.9	0.39	100	0	0.99	3.96	0.06

q_{BT} (mg BT/g proteína microbiana d), q_{NH4+} y q_{NO3-} (mg N/mg proteína microbiana d), Y (mg N producido/mg N-NH_4^+ consumido)

Conclusiones. Se favoreció el consumo cometabólico de BT por las bacterias amonio oxidantes del lodo al aumentar la concentración de amonio como principal fuente de energía. En el reactor SBR, el lodo fue capaz de realizar simultáneamente los procesos de biodegradación de BT y nitrificación, obteniéndose, después de 35 d en el ciclo 22 con 5 mg BT/L y 500 mg N-NH_4^+ /L, eficiencias de consumo del 65.9% y 100% respectivamente. El nitrato fue el principal producto de la oxidación de amonio.

Agradecimiento. Beca CONACYT: 264676 y Consejo Divisional de CBS de UAM-Iztapalapa.

Bibliografía.

1. Shi Z.Q., Liu Y.S., Xiong Q., Cai W.W., Ying G.G. (2019). Sci. Total Environ. 661: 407-421.
2. Fernandez-Fontaina E., Omil F., Lema J.M., Carballa M. (2012). Water Res. 46: 5434-5444.
3. Tran N.H., Urase T., Ngo H.H, Hu J., Ong S.L. (2013). Bioresour. Technol. 146: 721-731.
4. Trejo-Castillo R., El Kassis E.G., Cuervo-López F., Texier A-C. (2021). Chemosphere 270: 129461.
5. Martínez-Jardines M., Martínez-Hernández S., Texier A-C., CuervoLópez F. (2018). Chemosphere 212: 41-49.

EVALUACIÓN DE PROPIEDADES TENSOACTIVAS DE LOS EXTRACTOS DE *Agapanthus africanus.*

Martínez-Aguilar, D.[a], Abreu, A.[b], Amaro-Reyes, A. [a], Zamudio-Pérez, E.[a], Gracida, J.[a]
[a]Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro, Maestría en Ciencia y Tecnología Ambiental, Cerro de las Campanas,76010, Querétaro, México. [b]Departamento de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Vasco de Quiroga, 05370, Ciudad de México.
gracidaj@netscape.net

Palabras clave: saponinas, diésel, Agapanthus africanus.

Introducción. Las actividades de la industria petrolera generan gran cantidad de residuos y contaminación (1). Los tensoactivos son moléculas anfifílicas, los biotensoactivos obtenidos de plantas y microorganismos reducen la tensión superficial del agua, pueden emplearse a temperatura y pH extremos. Se han utilizado para remediar suelos contaminados con hidrocarburos (2). La planta *Agapanthus africanus* se ha utilizado en humedales para tratar aguas residuales (3). En esta planta se ha reportado la presencia de saponinas (4). El objetivo de este trabajo fue la extracción de saponinas presentes en la planta y su aplicación en pruebas como biotensoactivo.

Metodología. Muestras de raíz, tallo y hojas fueron secadas a 60 °C por 24 h antes de ser molidas. A muestras de polvo seco (15 g), se les adicionaron 100 mL de solventes (agua, cloroformo, xileno y etanol) para la extracción de compuestos tensoactivos. Los extractos fueron probados con la técnica E24. A los extractos acuosos se les determinó la tensión superficial mediante el método del anillo de Du Noüy. Además, se determinó la estabilidad de la espuma. Plantas de *A. africanus* fueron resembradas en suelo (franco-arcilloso) contaminado con diésel (8700 ppm) e intemperizado artificialmente. A dichas plantas se les cuantificó clorofilas a y b por cuatro semanas.

Resultados. De la extracción con solventes, se seleccionó agua por la prueba E_{24}. Al evaluar las partes de la planta, la mayor emulsificación se logró con raíz (62 %). La tensión superficial de los extractos (Fig. 1) de raíz, tallo y hojas fueron de 33.6, 30.16 y 32.33 mN/m, respectivamente. Se han reportado tensiones superficiales de hasta 35.3 mN /m para saponinas de otras especies de plantas (5).

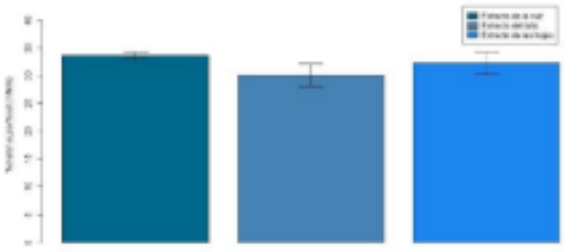


Fig 1. Tensión superficial de los extractos de Agapanthus africanus.

La estabilidad de la espuma (Fig. 2) mostró valores de 7.38 min, 8.05 min y 11.51 min para los extractos de raíz, tallo y hojas, respectivamente.

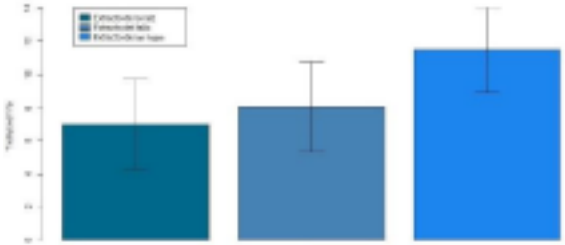


Fig. 2. Vida de la espuma de los extractos de Agapanthus africanus

Después de seis semanas las plantas presentes en suelo contaminado lucen igual que los controles. La cuantificación a las 4 semanas de las relaciones clorofila a/clorofila b no mostró diferencias significativas entre las plantas con y sin diésel en el suelo intemperizado, 1.43 y 1.68 respectivamente, lo que puede indicar que las plantas son tolerantes a estas concentraciones de diésel.

Conclusiones. Fue posible observar que los extractos obtenidos presentan propiendas tensoactivas. Se observó que la espuma más estable fue la obtenida de hoja. La concentración de diésel en suelo no representó un impacto negativo en el crecimiento y la clorofila de las plantas.

Agradecimiento. A CONACYT por la beca 1075040 y al proyecto FOPES 47039 otorgados para la realización de este proyecto.

Bibliografía.

(1) Silva, E. J., Silva, N. M. P. R., Rufino, R. D., Luna, J. M., Silva, R. O. y Sarubbo, L. A. (2014). Colloids and Surfaces B: Biointerfaces, 17, 36- 41.
(2) Das, A. J. y Kumar, R. (2018). Bioresource Technology, 260, 233- 240.
(3) De Anda, J., López-López, A., Villegas-García, E. y Valdivia-Aviña, K. (2018). Water, 10(2), 99.
(4) Agyare, C., Obiri, D. D., Boakye, Y. D., y Osafo, N. (2013). Medicinal Plant Research in Africa, 725-752.
(5) Pradhan, A., & Bhattacharyya, A. (2017). Journal of Cleaner Production, 150, 127–134

ESTUDIO DEL EFECTO DE LA ENERGÍA ULTRASÓNICA SOBRE UN CONSORCIO MICROBIANO NITRIFICANTE A TRAVÉS DE MICRORRESPIROMETRÍA

Ángel E. Huchim, Gabriel R. Hernández-Martínez, Alejandro Zepeda. Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Ingeniería Química, Universidad Autónoma de Yucatán, Mérida, Yucatán CP 972013.
angel.e.huchim@gmail.com

Palabras clave: ultrasonido, microrrespirometría, nitrificación

Introducción. La nitrificación es un proceso clave en el ciclo biogeoquímico del nitrógeno, en donde se lleva a cabo la oxidación de amoniaco a nitrato vía nitrito. Además, este proceso es altamente sensible a las condiciones ambientales y compuestos tóxicos (1). Por lo que en la actualidad se han incrementado los esfuerzos para estimular la actividad nitrificante mediante el empleo de aditivos como metales pesados o nanopartículas, sin embargo, en algunos casos, esto podría incrementar los costos de operación y/o provocar efectos negativos al medio ambiente debido a su liberación. Una alternativa para disminuir los problemas antes mencionados es el uso de la energía ultrasónica de baja frecuencia, la cual ha demostrado ser una herramienta prometedora para mejorar la actividad enzimática e incrementar el crecimiento microbiano (2). Hasta el momento hay escasa información del efecto ultrasónico sobre los consorcios microbianos nitrificantes. En este sentido, diferentes técnicas ex situ han sido utilizadas para caracterizar el efecto de estimulación y/o de inhibición de procesos como la nitrificación (3). Siendo la microrrespirometría dinámica de pulsos utilizada con gran éxito (4). Por lo que el objetivo de este trabajo fue caracterizar el efecto de la energía ultrasónica sobre el proceso respiratorio de un consorcio microbiano nitrificante por microrrespirometría.

Metodología. Se tomaron muestras de biomasa de un reactor continuo nitrificante fisiológicamente estable (Volumen 2 L, TRH 2 d, temperatura de 30 ± 2°C y pH 8.0 ± 0.5) previamente establecido para realizar los ensayos microrrespirométricos. La técnica respirométrica utilizada fue a través de pulsos dinámicos del sustrato (4). La estrategia experimental consistió en aplicar a cada muestra de biomasa nitrificante diferentes energías ultrasónicas (EU; rango de 0 a 0.72 kJ ml^{-1}) incluyendo experimentos control (sin tratamiento ultrasónico). A cada microrreactor se le inyecto una concentración 6 mg L^{-1} de $N\text{-}NH_4^+$. Se midió la evolución del oxígeno disuelto (respirograma) y se cuantifico la velocidad máxima de consumo de oxígeno observada (OUR'_{max}) para cada tratamiento incluyendo el control. Todos los experimentos fueron realizados por triplicados.

Resultados. La Figura 1 muestra los respirogramas en función de las EU utilizadas. Se observa que el perfil de OUR aumentó en un rango de 0 – 0.07 kJ ml^{-1}. Sin embargo, al incrementar la EU de 0.1 – 0.72 kJ ml^{-1} se observó un aplanamiento de los respirogramas y en las EU más altas se observó una atenuación total de la respiración del consorcio nitrificante. En un rango de 0.14 – 0.08 kJ ml^{-1} la OUR'_{max} fue estimulado (Figura 2) con una máxima estimulación de 48.58 ± 2.0% a una EU de 0.7 kJ ml^{-1}. Al incrementar la EU de 0.1 – 0.72 kJ ml-1 se observó un efecto inhibitorio con una máxima inhibición de 92.51 ± 1.5% a 0.72 kJ ml-1 en la respiración de los microorganismos nitrificantes.

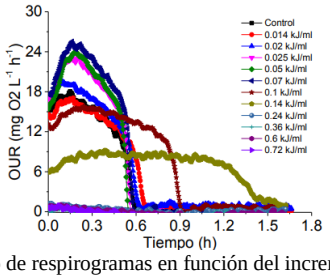


Fig. 1 Ejemplo de respirogramas en función del incremento energías ultrasónicas

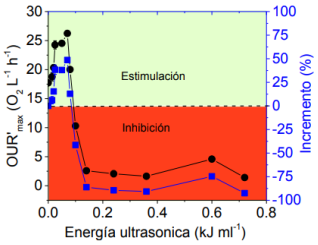


Fig 2. Valores de OUR'max y porcentaje de incremento para cada energía ultrasónica.

Conclusiones: En un intervalo de EU de 0 – 0.07 kJ ml^{-1} se observó una estimulación de la OUR'_{max}. Por otro lado, al incrementar la EU de 0.1 – 0.72 kJ ml^{-1} el proceso respiratorio nitrificante fue inhibido significativamente con una máxima inhibición de 92.51 ± 1.5%.

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por CONACYT (Proyecto Ciencia Básica 2016, clave 284140)

Bibliografía.

1. Beristain-Cardoso, R., Texier, A. C., Razo-Flores, E., Méndez-Pampín, R., Gómez, J. (2009). Rev. Environ. Sci. Biotechnol, 8(4), 325-342.
2. Zheng, M. Liu, Y. C., Xu, K. N., Wang, C. W., He, H., Zhu, W., Dong, Q. Bioresour.Technol.146:537–542
3. Ramirez-Vargas, R., Ordaz, A., Carrion, M., HernandezPaniagua, I. Y, Thalasso, F. (2013). Biodegradation 24(5): 675-684.
4. Esquivel-Rios, I., Ramirez-Vargas, R., Hernandez-Martinez, G. R., Vital-Jacome, M., Ordaz, A., & Thalasso, F. (2014). Biochem . Eng. J. 83, 70-78

GENÓMICA COMPARATIVA DE CEPAS DE *CUPRIAVIDUS* AISLADAS DE LA MINA NAICA Y SU TOLERANCIA A METALES Y ANTIBIÓTICOS

Antonio González Sánchez[1&], Luis F. Lozano Aguirre Beltrán[2], Mariana López Samano[2], Ana Lilia Juárez Vázquez[1], Alejandro García de los Santos[2], Miguel Angel Cevallos Gaos[2], Sylvie Le Borgne[1]. [1]Departamento de Procesos y Tecnología, UAM-Cuajimalpa, Av. Vasco de Quiroga 4871, Santa Fe Cuajimalpa, 05300 CDMX. [2]Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Av. Universidad s/n, Chamilpa, 62210 Cuernavaca. [&]Adscripción actual: Departamento de Ciencias Biológicas y de la Salud, UAM-Lerma, Av. de las Garzas #10, El Panteón, 52005 Lerma de Villada.
sylvielb@cua.uam.mx

Palabras clave: Naica, Cupriavidus, pangenoma

Introducción. La mina de Naica (Chihuahua) alberga comunidades bacterianas conformadas tanto por bacterias autóctonas como alóctonas[1,2]. Esta mina, hoy cerrada, era una de las principales minas de plomo y zinc de México además de que sus cuevas alojan los cristales gigantes de yeso más grandes del mundo[3]. Estas cuevas se caracterizan por tener condiciones extremas de temperatura (45-50ºC), humedad (>90%), escasez de nutrientes y presencia de metales pesados las cuales propician la presencia de microorganismos extremófilos con potenciales aplicaciones biotecnológicas. Estudios previos del grupo permitieron aislar las cepas NOV21 y OV21 pertenecientes al género *Cupriavidus* que se caracterizaron por crecer en un rango de temperatura de 30 hasta 50ºC[1]. El objetivo de este trabajo fue profundizar en la taxonomía de NOV21 y OV21, originalmente identificadas como *Cupriavidus taiwanensis,* a través de estudios de genómica comparativa y determinar su nivel de tolerancia a metales pesados y antibióticos.

Metodología. La secuenciación fue realizada mediante las plataformas Illumina y PacBio. El ensamble de las lecturas se hizo con los programas Canu y Fly. El ensamble final fue corregido con Pilon. La anotación de las proteínas se realizó con Prokka y el análisis del pangenoma con la paquetería get_phylomarkers[3] y get_homologues[4] . La tolerancia a metales y antibióticos fue evaluada en medio mínimo solido y agar nutritivo respectivamente.

Resultados. El análisis del pangenoma de 36 cepas representativas de cada especie de *Cupriavidus*, incluyendo NOV21 y OV21, permitió identificar 510 genes comunes a partir de los cuales se obtuvo la filogenia del género *Cupriavidus* (Fig. 1). Este análisis muestra que NOV21 y OV21 pertenecen a la especie *Cupriavidus gilardii*. Las concentraciones máximas permisivas de metales pesados para NOV21 y OV21 en comparación con cepas de referencia de *Cupriavidus* indican que su tolerancia es menor a la de *Cupriavidus metallidurans*, el modelo en detoxificación de metales pesados, pero similar a otras especies de *Cupriavidus* (Tabla 1).

Tabla 1. Tolerancia a metales de cepas de *Cupriavidus*. Cm: *C. metallidurans*; Cn: *C. necator*; Ct*: C. taiwanensis*.

Metal (mM)	NOV21	OV21	Cm	Cn	Ct
Zn	2.5	1.5	5	5	5
Cd	1	1	3	2	2
Cu	1	1	2	2	2
Ni	1.5	1.5	2	2	2
Pb	0.7	0.7	2	0.7	0.7

NOV21 y OV21 fueron especialmente resistentes a carbenicilina, gentamicina y estreptomicina (Tabla 2).

Tabla 2. Resistencia a antibióticos (Anb) de cepas de Cupriavidus

Anb (µg/ml)	NOV21	OV21	Cm	Cn	Ct
Str	4	3	7	5	4
Km	0.7	0.7	4	2	0.5
Gm	10	10	20	5	5
Cm	0.3	0.3	1	0.25	0.3
Rif	0.05	0.05	0.05	0	0
Tet	0.05	0.05	0.06	0.03	0.03
Cb	20	20	0	0	2
Ery	1	1	0.25	0.1	0.1

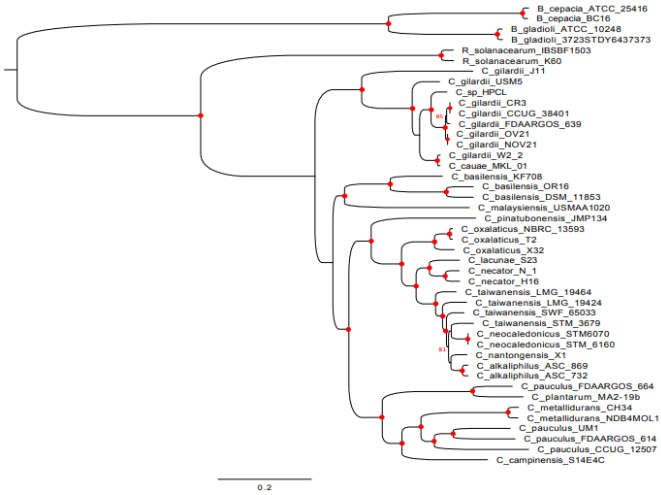


Fig. 1. Filogenia de *Cupriavidus*. Los puntos rojos representan un valor de bootstrap de 100%. Grupos externos: *Burkholderia* y *Ralstonia*.

Conclusiones. Mediante la secuenciación del genoma se logró la asignación taxonómica de cepas ambientales de *Cupriavidus* procedentes de la mina de Naica a la especie *C. gilardii*. Estas cepas presentan tolerancia a metales pesados y resistencia a antibióticos comunes.

Agradecimientos. A la UAM por la beca posdoctoral y a los apoyos económicos ejercidos para el proyecto y al proyecto divisional “Microbiología de bioprocesos”.

Bibliografía.

1Espino del Castillo, A. et al. (2018) Int. J. Speleol. 47: 213-227.
2Ragon, M. et al. (2013) Front. Microbiol. 4: 37.
3Vinuesa P. et al. (2018) Front. Microbiol. 1; 9:771.
4Contreras-Moreira, B. & Vinuesa, P. (2013) Appl. Environ. Microbiol. 79(24): 7696–7701.

MODELADO DEL PROCESO DE LA DEGRADACIÓN DE FENOL EMPLEANDO LA CEPA DE *Bacillus cereus* INMOVILIZADO EN PVA Y ALGINATO DE SODIO Y SU REUSÓ

Génesis Escobedo-Morales, Javier Ulises Hernández-Beltrán, Nagamany-Balagurusamy, Ayerim Yedid Hernández-Almanza, Miriam Paulina Luévanos-Escareño*
Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Coahuila, Torreón 27000, Coahuila, México.
*Corresponding author:
e-mail: miriam_luevanos@uadec.edu.mx

Palabras clave: Fenol, Inmovilización, Bacillus cereus.

Introducción. Debido a que el fenol es una de las principales materias primas de muchos procesos industriales, cada vez es más común la presencia de este compuesto en las aguas residuales, que, por su origen, generan diversos problemas medioambientales y de salud humana (1). Para la remoción de fenol de las residuales, los sistemas biológicos representan una opción sustentable, encontrando, que son más económicas y ambientalmente responsables (2). Se ha reportado que el género bacteriano *Bacillus*, muestra una alta respuesta en la eliminación de fenol, principalmente de forma inmovilizada, ya que, de esta manera adquiere una óptima resistencia y estabilidad (3). El presente trabajo, tiene como objetivo llevar a cabo cinéticas de degradación de fenol utilizando la cepa bacteriana de *Bacillus cereus* inmovilizada en alcohol polivinilico (PVA) y alginato de sodio, se evaluará la estabilidad del sistema en los ciclos de reusó y se determinarán los parámetros cinéticos del proceso mediante el método de Haldane Andrews.

Metodología. Se utilizaron las siguientes condiciones de reacción para la obtención de la biomasa de la cepa de *Bacillus cereus;* Se inoculó a 37 °C en un agitador rotatorio a 180 rpm y aun pH de 7 de sal mineral (MSM) y se utilizaron dos concentraciones de fenol500 y 750 mg/L. Para la Inmovilización de *Bacillus cereus*, se prepararon los polímeros de alcohol polivinilico (PVA) y de alginato de sodio. Ambos polímeros fueron mezclados para formar el sistema PVA/alginato de sodio (De León, 2013). Las células de *Bacillus cereus* se reutilizaron durante varios ciclos en la remoción de fenol. Finalmente, se llevó el modelado de los datos experimentales con la finalidad de determinar los parámetros cinéticos por el modelo de Haldane Andrews.

Resultados. Se determinó que *Bacillus cereus* inmovilizado puede degradar el fenol en un tiempo de 32 a 40 hrs, comparada con las células que lo hace entre 21 y 24 h, inicial de fenol de 500 y 750 mg/L, respectivamente (Figura 1). Conforme se reutilizaba el sistema inmovilizado, el tiempo de remoción de fenol disminuía, de tal manera que en 4 y 8 h *Bacillus cereus,* logro remover 500 y 750 mg/L, respectivamente. En cada ciclo que se reutilizaron las células inmovilizadas para 500 mg/L de fenol, se logró una eliminar del 100% de este compuesto. Por otro lado, para 750 mg/L de fenol solo hasta el ciclo 7 se eliminó el 100%, ya que, en el 8 solo fue el 72% (Figura 2). Con los datos experimentales se realizó el modelado del proceso se obtuvieron los parámetros cinéticos, tanto para células libres como para in movilizadas, obteniendo en cada caso un R^2 Adj. superior al 98%.

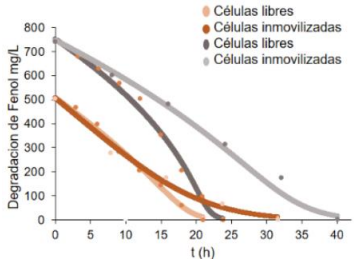


Fig. 1. Modelado y cinética de la biodegradación de 500 y 750 mg/L de fenol, por células de *Bacillus cereus* libres e inmovilizadas.

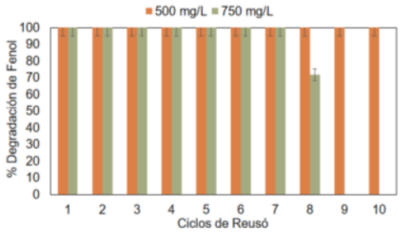


Fig. 2. Ciclos de reusó de las células de *Bacillus cereus* Inmovilizadas en el proceso de remoción de fenol a 500 y 750 mg/L.

Conclusiones. El sistema de inmovilización *Bacillus cereus*-PVA Alginato de sodio es estable en el proceso de biodegradación utilizando concentraciones altas de fenol y reutilizando el sistema durante 10 y 8 ciclos, obteniendo una alta tasa de degradación del fenol de hasta el un 100% para cada ciclo donde se manejaron 500 mg/L de fenol, mientras que para 750 mg/L, fue hasta el ciclo 7.

Agradecimiento. CONACYT por el apoyo económico.

Bibliografía.

1. Hairuddin MN, Mubarak NM, Khalid M, Abdullah EC, Walvekar R, Karri RR. Magnetic palm kernel biochar potential route for phenol removal from wastewater. Environ Sci Pollut Res. 2019;26(34):35183–97.
2. Venugopal S, Irudayarajan L, Khambhaty Y, Palanivel S. Batch experiments towards remediation of phenolic syntan using individual as well as co-culture of Bacillus cereus and Pseudomonas aeruginosa. World J Microbiol Biotechnol [Internet]. 2019;35(9). Available from: https://doi.org/10.1007/s11274-019-2683-0
3. Ke Q, Zhang Y, Wu X, Su X, Wang Y, Lin H, et al. Sustainable biodegradation of phenol by immobilized Bacillus sp. SAS19 with porous carbonaceous gels as carriers. J Environ Manage. 2018;222(May):185–9

EVALUACIÓN DE LA TRANSFERENCIA HORIZONTAL DEL ELEMENTO INTEGRATIVO MOVILIZABLE DE LA CEPA *Herbaspirillum sp.* TQ07

Brandon Antonio Zapata Velasco, Luis Gerardo Treviño Quintanilla, Gabriela Eleonora Moeller Chávez, Rosa Angélica Guillén Garcés, Universidad Politécnica del Estado de Morelos, Departamento de Tecnología Ambiental, Jiutepec, 62550
19080920@upemor.edu.mx.

Palabras clave: Ácido Cloranílico, Biodegradación, Elementos Genéticos Móviles.

Introducción. El pentaclorofenol (PCP) es un compuesto altamente halogenado y considerado como el clorofenol más tóxico y recalcitrante. El PCP es convertido eficientemente, a través de su degradación biótica y abiótica, en ácido cloranílico (AC)[1]. La cepa *Herbaspirillum sp.* TQ07 es capaz de degradar el AC. Se han identificado que diversos genes que están involucrados en la degradación del AC se encuentran dentro de una región inestable que se pierde de forma espontanea[2] y por lo tanto la cepa pierde la capacidad de degradación, la cepa obtenida de la mutación espontanea se denomina mutante cad$^-$. La región inestable tiene similitud estructural con Elementos Genéticos Móviles (MGEs), específicamente con los Elementos Integrativos Movilizables (IMEs), debido a la presencia de proteínas involucradas en la transferencia horizontal[3], además de la presencia de dos sitios homólogos de 51 pb que flanquean el IME cuando se encuentra dentro del genoma y que se mantiene como sitio único al llevar a cabo el proceso de escisión.

El presente trabajo tiene como objetivo evaluar la capacidad de transferencia del IME de la cepa TQ07 a su mutante espontanea cad$^-$, así como la capacidad de degradación del ácido cloranílico.

Metodología. La evaluación de la transferencia horizontal del IME de la cepa TQ07 se realizó mediante conjugación biparental. Se mezclaron cultivos en fase estacionaria de la cepa silvestre TQ07 junto con su mutante espontanea cad$^-$, resistente a kanamicina (Km), en una relación 1:1. Posteriormente, se buscó aislar a la mutante cad$^-$, a partir de la conjugación biparental, mediante selección en placa con 30ppm de Km. Finalmente se realizó la evaluación espectrofotométrica de la degradación del AC.

Resultados. Después de la conjugación biparental se obtuvieron colonias aisladas de la mutante cad$^-$ mediante dilución y siembra en placa, de estas colonias se seleccionaron 5 y se evaluó la degradación de AC como única fuente de carbono y energía, obteniendo como resultado que estas eran capaces de llevar a cabo la degradación (Figura 1).

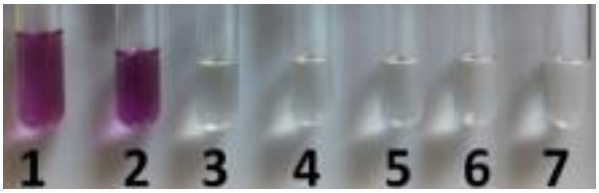


Figura 1. Tubos 1 y 2 controles negativos de la degradación de AC, tubos 3-7 transconjugantes seleccionadas para la degradación de AC.

Se logró confirmar que el IME de la cepa TQ07 tiene la capacidad para ser transferido a otra cepa, por lo que se evaluó la frecuencia de transferencia del IME de la cepa TQ07 a la mutante cad$^-$. Además, se evaluó la frecuencia de escisión del IME en la cepa silvestre TQ07 al crecerla en caldo nutritivo (Tabla 1).

Frecuencia de transferencia a cad	$2.95x10^{-6} \pm 3.21x10^{-7}$
Frecuencia de escisión 24 horas	0.0927± 0.0132
Frecuencia de escisión 120 horas	0.1279 ± 0.0355
Frecuencia de escisión 192 horas	0.2010 ± 0.0899

Tabla 1. Frecuencias de transferencia y pérdida del elemento IME de la cepa TQ07.

Conclusiones. El elemento IME de la cepa TQ07 es transferible de la cepa silvestre a su mutante espontanea cad$^-$ con una frecuencia similar a las reportadas por otros IMEs. La mutante cad$^-$ recupera la capacidad de degradar AC al recibir el IME. La frecuencia de pérdida del IME en la cepa TQ07 aumenta conforme al tiempo de cultivo en caldo nutritivo.

Agradecimiento. Agradezco al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca otorgada para la realización de este proyecto y la maestría en Ciencias en Biotecnología.

Bibliografía.

1. Guédon, G., et al. (2017). *Genes* (Basel). Vol. 8(11): pp. 337.
2. Treviño, L. et al. (2011). *The Journal of Microbiology* Vol. 49(6): pp. 974-980.
3. Chang, H., et al. (1996). *Biochemical and biophysical research communications*, Vol. 220(3), pp. 1043–8.

"CARACTERIZACIÓN DEL METABOLITO QUE SE ACUMULA EN LA MUTANTE Δ*cadB1* DE LA CEPA *Herbaspirillum* sp. TQ07 A PARTIR DE LA DEGRADACIÓN DE ÁCIDO CLORANÍLICO"

Q.F.B.Anahi Radilla Serrano, IBT Yessica Monserrat Barba Guadarrama, Dra. Gabriela Eleonora Moeller Chávez, Dra. Rosa Angélica Guillén Garcés, Dr. Luis Gerardo Treviño Quintanilla, Universidad Politécnica del Estado de Morelos, Laboratorio de Microbiología Ambiental, Jiutepec, C.P.62574
20070072@upemor.edu.mx.

Palabras clave: ácido cloranílico, biodegradación, gen cadB1.

Introducción. Los compuestos aromáticos clorados son un grupo importante de contaminantes ambientales (1) con potencial teratogénico, mutagénico y carcinogénico (2). En el Laboratorio de Microbiología Ambiental de la UPEMOR, se utiliza el ácido cloranílico (AC) como molécula modelo para dilucidar vías de degradación de compuestos aromáticos clorados. Previamente, se ha demostrado que Herbaspirillum sp. TQ07 es capaz de usar al AC como única fuente de carbono y energía (3). En esta cepa, se ha comprobado que el gen cadB1 participa en la vía de degradación de AC con la construcción de una mutante por deleción dirigida de cadB1 en la que se observa que la degradación de AC no se completa y en su lugar se presenta la acumulación de un metabolito de color amarillo en el medio. En este sentido, este trabajo está orientado a la caracterización de la función del gen cadB1 mediante análisis bioinformático, la purificación y determinación de la estructura del metabolito acumulado en la mutante ΔcadB1 mediante técnicas espectrométricas y a la expresión heteróloga del gen cadB1 para determinar si es posible transformar el metabolito acumulado en la mutante Δ*cadB1* al producto de la reacción catalizada por esta enzima.

Metodología:

Análisis bioinformático Predicción de estructura tridimensional por I-TASSER, RAPTOR-X y SWISS MODEL. Además, se utilizó InterPRO para estimar a que familia pertenece CadB1.

Medios y condiciones de cultivo La cepa TQ07 y la mutante Δ*cadB1* se cultivarán en agar nutritivo con 50 µg/ml de ampicilina y 400 mg/L de ácido cloranílico (AC) a 30 °C. Una vez acumulado el metabolito amarillo se inocularán las células en medio mineral con pH final ajustado a 6.8 y acetato como co-sustrato**.**

Expresión heteróloga de cadB1. Se amplificará el gen *cadB1* añadiendo sitios adecuados para su clonación y expresión en un hospedero heterólogo. Posteriormente se clonará el gen *cadB1* en el vector pJET 1.2/blunt. La expresión se llevará a cabo por subclonación en el vector pET-28b (+) para obtener la proteína CadB1 con His-tag en el extremo amino y/o carboxilo terminal.

Extracción y purificación del metabolito Se realizará de acuerdo al protocolo para la extracción del ácido 5-cloro-2- hidroxi-mucónico semialdehído (4). Las etapas de la purificación se monitorearán con HPLC y CCF. La estructura del metabolito se analizará con RMN y FTIR.

Resultados. El análisis con el programa Interpro de CadB1 arrojó una señal no integrada con la familia de las enzimas 3-carboxicis, cis-muconato lactonizantes que participan en vías de degradación de compuestos aromáticos en procariotas y eucariotas convirtiendo cis,cismuconatos en muconolactonas. En el eucariota Neurospora Crassa esta enzima presenta una estructura de beta propela de 7 palas (5). Los tres programas de modelado de estructura tridimensional tuvieron resultados similares al predecir una estructura de beta propela de 7 palas para la proteína CadB1. Hasta el momento también se ha amplificado el gen *cadB1* para su posterior clonación en el vector pJET 1.2/blunt.

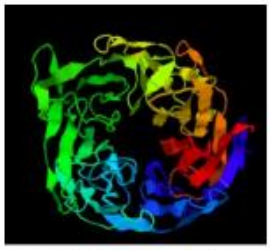


Fig. 1. Predicción de estructura tridimensional de la proteína CadB1 por I-TASSER.

Conclusiones. El producto del gen cadB1 está compuesto de 409 aminoácidos que posiblemente se ordenen en una estructura de beta propela de 7 palas y que presenta una actividad enzimática similar a las de las enzimas 3-carboxicis, cis-muconato lactonizantes.

Agradecimiento. Agradezco al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la beca de posgrado otorgada para trabajar en este proyecto.

Bibliografía.

1. Zimmermann, J., Halloran, L., & Hunkeler, D. (2020). Chemosphere, 244, 125476.
2. Cerniglia C. E. (1984). Advances in applied microbiology, 30, 31–71.
3. Treviño, L.G. (2000). Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Tesis doctoral.
4. Wieser, M., Eberspächer, J., Vogler, B., & Lingens, F. (1994). FEMS microbiology letters, 116(1), 73–78.
5. Kajander, T., Merckel, M. C., Thompson, A., Deacon, A. M., Mazur, P., Kozarich, J. W., & Goldman, A. (2002). (London, England: 1993), 10(4), 483–492

. PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE *Sargassum fluitans* UTILIZANDO SEDIMENTO MARINO COMO INÓCULO EN UN REACTOR SEMI-CONTINUO

Saúl Alberto Zarate Mendiola, Celestino Odín Rodríguez Nava, Instituto Politécnico Nacional Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Ciudad de México 07738
szaratem1300@alumno.ipn.mx

Palabras clave: Sargassum fluitans, potencial bioquímico metanogénico

Introducción. El presente proyecto de investigación se enfocó en caracterizar, analizar y degradar las algas del tipo pelágicas con el objetivo de comparar el efecto del sedimento marino sobre la digestión anaerobia del Sargassum sp con la bibliografía reportada en un reactor semi-continuo, para evaluarlo como posible energía renovable, ocupando el volumen de biomasa que se acumulan en las playas del estado de Quintana Roo en México, derivado de la problemática de los grandes volúmenes de arribo de biomasa, con el fin de obtener un biocombustible rico en metano derivado de la Digestión Anaerobia para evaluarlo como fuente de energía renovable. Este proyecto tiene la visión de generar información para utilizar el sargazo el cual es considerado un recurso biológico cuando se encuentra en altamar por otra parte es considerado residuo de manejo especial (SEMARNAT, 2021) cuando arriba a las playas por lo que también creara una alternativa de solución a las autoridades de cualquier municipio que presente esta problemática teniendo un plan de gestión de disposición de este residuo bilógico es indispensable para su uso potencial, para generar tecnologías limpias y desarrollar un cambio de conciencia ambiental.

Metodología. El proceso metodológico se dividió en muestreo, identificación de especies, pruebas de gravimetría y operación de reactores. El muestreo se desarrolló en playas del estado de Quintana-Ro, específicamente en la localidad de Cancún, las pruebas visuales se realizaron para identificar el tipo de sargazo, después las pruebas de gravimetría demostraron la caracterización por Solidos Volátiles Totales que especifica la NOM-AA-034-SCFI 2015 lo que dio como resultado el porcentaje de materia orgánica posible a degradar, de manera que se eligieron las mezclas adecuadas con la relación inoculo-sustrato, se prosiguió a la operación de reactores en lote para la evaluación del rendimiento de producción de metano en “mlbiogás/SVT” de acuerdo al Potencial Bioquímico Metanogénico en condiciones de salinidad y no salinidad con medio basal sin fuente de carbono, y finalmente la operación de un reactor semi-continuo alimentando con sargazo e inoculado con sedimento marino, mediante las propiedades intensivas y extensivas controlar el experimento, para favorecer a las bacterias metanogénicas. Por lo que se mantuvo el sistema las condiciones salinas (35 g/L), una temperatura mesofílica de 40 °C, pH neutro, agitación de 115 RPM con la ayuda de una parrilla de agitación magnética marca “IKA”, y ausencia de luz.

Resultados. Se obtuvieron de las muestras identificadas fue de un total de 3.2K de *Sargassum fluitans* a explotar y generar energía renovable los cuales pueden convertirse en aproximadamente 2.3L metano. La producción de metano en condiciones salinas de sargazo y utilizando sedimento marino para los reactores en lote con 648 mL/gSVT, si lo comparamos con el valor más prometedor del autor (Castro et al. 2015) arroja un rendimiento de 450 mL/gSVT, con el mismo sustrato pero aplicando un inoculo convencional “lodos de una planta de tratamientos de aguas” previamente acoplado, demostrando que se mejora la digestión anaerobia con un inoculo de origen marino.

En el sistema semi-continuo se operó por 193 días arrojando un rendimiento metanogénico de 7.33 ml metano / g sargazo fresco, con una conversión a metano durante la experimentación de 271 gsargazo a 1.9L de metano. El BMP obtenido con el alga Sargassum fluitans con el inoculo de sedimento marino en condiciones salinas en este trabajo resultó bajo, el valor más alto obtenido de 169.37±20.18 mL/gSVT cuando el reactor se alimentó con una carga volumétrica de 0.14 g SVT/L-d, valores por encima de esta carga el reactor se inhibe. Bird et al. (1990) obtuvo un BMP parecido de 180 mL/gSVT. Se encontró que el inóculo marino tiene un efecto significativo en ensayo en lote, no obstante, en operación en semi-continuo el potencial bioquímico metanogénico es bajo, debido posiblemente a la presencia de compuestos bioáctivos presentes en el alga *Sargassum fluitans.*

Conclusiones. El medio basal en pruebas en lote para el tratamiento de mezcla en condiciones salinas aporta las condiciones de nutrientes favorables a la DA teniendo como resultado el mayor rendimiento metanogénico, se comparó con la literatura y se incrementó este parámetro al 26%. El sargazo sin inoculo bacteriano en condiciones salinas presenta un mayor porcentaje de degradabilidad (68% más que el TPBM comprado con la literatura) y que en condiciones de no salinidad en sistemas en lote que en semi-continio debido que no existe inhibición de actividad de microorganismos y generación subproductos contenidos en el mismo inoculo. En operación en semi-continuo el potencial bioquímico metanogénico es bajo, debido posiblemente a la presencia de compuestos bioáctivos presentes en el alga Sargassum fluitans. En operación en semi-continuo se obtuvo un BMP máximo de 169.37±20.18 mL/gSVT cuando el reactor se alimentó con una carga volumétrica de 0.14 g SVT/L-d. Aunque el BMP es bajo, debido a la cantidad que de sargazo que arriba al caribe mexicano, es factible producir energía a partir de este residuo de la mano con la correcta gestión y disposición del gobierno municipal con su correcta implementación para la generación de una nueva fuente de energía renovable.

Bibliografía.

1. Bird, K. T., Chynoweth, D. P., & Jerger, D. E. (1990). Effects of marine algal proximate composition on methane yields. Journal of Applied Phycology, 2, 207– 213. https://doi.org/10.1007/BF02179777
2. McKennedy, J., & Sherlock, O. (2015). Anaerobic digestion of marine macroalgae: A review. In Renewable and Sustainable Energy Reviews (Vol. 52, pp. 1781– 1790). https://doi.org/10.1016/j.rser.2015.07.101
3. Norma Mexicana de Análisis de agua - medición de sólidos y sales disueltas en aguas naturales, residuales y residuales tratadas – método de prueba NMX-AA-034-SCFI-2015(cancela a la NMX-AA 034-SCFI-2001). Publicado el 18/abr/2016.
4. Secretaria del Medio Ambiente y Recursos Naturales. (SEMARNAT, 2021). Lineamientos técnicos y de gestión para la atención de la contingencia ocasionada por sargazo en el caribe mexicano y el golfo de México. Consultado el 12 de mayo del 2021, recuperado de: https://www.gob.mx/semarnat/documentos/lineamientostecnicos-y-de-gestion-para-la-atencion-de-la-contingencia ocasionada-por-sargazo-en-el-caribe-mexicano-y-el-golfo-de mexico.

EVALUACIÓN DEL EFECTO DE LA SALINIDAD EN LA BIODIVERSIDAD PRESENTE EN UN SISTEMA DE DEPURACIÓN BIOLÓGICA DE LODOS ACTIVADOS

Fátima Soto[1*], Benjamín Limón[2], Carlos Ábrego[3], Ulrico Chuken[4].
[1]Maestría en Ciencias con Orientación en Ingeniería Ambiental, Facultad de Ingeniería Civil, Universidad Autónoma de Nuevo León Pedro de Alba S/N, Niños Héroes, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L.
fatima.sotoszmr@uanl.edu.mx
[2]Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ingeniería Civil, Dpto. Ingeniería Ambiental, Pedro de Alba S/N, Niños Héroes, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L.
benajmin.limonrb@uanl.edu.mx
[3]Departamento de Ingeniería Ambiental-IIC, Facultad de Ingeniería Civil, Universidad Autónoma de Nuevo León, Pedro de Alba S/N, Niños Héroes, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L.
carlos.abregogn@uanl.edu.mx
[4]Laboratorio de Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Pedro de Alba S/N, Niños Héroes, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L.
ulrico.lopezchk@uanl.edu.mx

Palabras clave: Agua residual, lodo activado, salinidad.

Introducción. En las últimas décadas, la descarga de aguas residuales salinas provenientes de las aguas de rechazo de las industrias, se ha incrementado significativamente, viéndose afectada la eficiencia de remoción de contaminantes en el tratamiento biológico de las PTAR (He et al., 2017; Lefebvre et al., 2007). En el presente trabajó se estudiará el cambio en la eficiencia de remoción de la DQO, SST, N y P de un sistema de tratamiento biológico, así como el efecto en la comunidad microbiana al ser sometido a una dosificación continua y con incrementos progresivos de agua salina.

Metodología. Se diseño un sistema biológico de lodos activados con aireación extendida. Se procedió a adicionar agua salina proveniente de la descarga industrial; hasta llegar a la dosificación del equivalente al caudal total del rechazo de agua de la industria. Se llevaron a cabo los análisis de DQO, SST, N y P. La extracción de DNA se realizó de acuerdo con la metodología de Chen et al., 2018. Para la amplificación se utilizaron dos cebadores específicos 28F (5'-GAGTTTGATCNTGGCTCAG-3') y 519R (5'-GTNTTACNGCGGCKGCTG-3'), para la amplificación de las regiones V1-V3 del gen rRNA 16S (Chen et al., 2018).

Resultados.



Fig 1. Porcentaje de Remoción de la Demanda Química de Oxígeno (DQO)

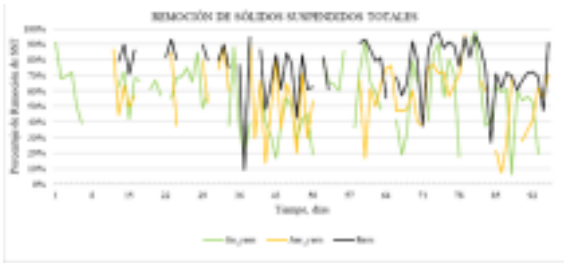


Fig 2. Porcentaje de remoción de los SST

Conclusiones. Se encontró que incluso para conductividades eléctricas de hasta 10200 µS/cm en los reactores, la eficiencia media de remoción de SST no se vió afectada de manera significativa en el sistema biológico. La eficiencia en la tasa de nitrificación fue mayor durante el periodo de incremento de CE en los reactores, que durante el periodo de estabilización del sistema (periodo sin adición asistida de agua salina); por lo tanto, el proceso de nitrificación no se vió afectado con el aumento de CE en el sistema piloto.

Agradecimiento. Los autores agradecen al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca otorgada (2019-2021).

Bibliografía.

1. Chen Y, He H, Liu H, Li H, Zeng G, Xia X y Yang C. 2018. Effect of salinity on removal performance and activated sludge characteristics in sequencing batch reactors. Bioresource technology, 249:890-899.
2. He H, Chen Y, Li X, Cheng Y, Yang C y Zeng G. 2017. Influence of salinity on microorganisms in activated sludge processes: a review. International Biodeterioration and Biodegradation, 119:520-527.
3. Lefebvre O, Quentin S, Torrijos M, Godon JJ, Delgenes JP, Moletta R. 2007. Impact of increasing NaCl concentrations on the performance and community composition of two anaerobic reactors. Application Microbiology Biotechnology.

REMOCIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN AGUAS RESIDUALES MEDIANTE SISTEMAS MICROALGA-BACTERIA

Julián Osvaldo Ovis-Sánchez, Germán Buitrón, Julián Carrillo-Reyes
Laboratorio de Investigación en Procesos Avanzados de Tratamiento de Aguas, Universidad Nacional Autónoma de México, Unidad Académica Juriquilla, Instituto de Ingeniería, Querétaro, México. CP 76230
jOvisS@iingen.unam.mx

Palabras clave: metagenómica; resistoma; resistencia antibióticos

Introducción. Los genes de resistencia a antibióticos (GRA) en las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) son un riesgo potencial para la salud humana [1,2]. Recientemente, se ha demostrado que los sistemas basados en microalgas-bacterias (MABA) tienen una remoción de GRA superior a los sistemas convencionales de lodos activados, debido a la baja abundancia de bacterias e irradiancia solar [3]. El objetivo de este trabajo fue evaluar la **remoción y destino de GRA** en **sistemas MABA** para el tratamiento de aguas residuales domésticas, durante la **formación de agregados microbianos**.

Metodología. Se operaron dos reactores (réplicas) tipo "raceway", en continuo, a la intemperie (Querétaro, Qro., 20º42'14.16''N, 100º26'41.74''E), durante 6 meses, para el tratamiento de aguas residuales domésticas. La operación se dividió en tres etapas operativas, variando el tiempo de residencia de sólidos (TRS), 12, 7 y 9 días, con un tiempo de retención hidráulica (TRH) de 6 días constante. Se analizaron los cambios en el tamaño de los agregados mediante granulometría [4]. En el ADN de la comunidad microbiana del influente, efluente y agregados MABA se cuantificaron los GRA mediante qPCR [5] y eficiencias de remoción [6]. Se identificó el resistoma (conjuntos de GRA) mediante secuenciamiento metagenómico NextSeq Illumina (2X-~8 millones PE 150+150 pb lecturas), los contigs obtenidos se alinearon en la base de datos de CARD (identidad ≥80%) [7].

Resultados. El análisis del resistoma mostró que los genes de resistencia a betalactámicos, tetraciclinas, aminoglucósidos y macrólidos fueron los principales tipos de GRA encontrados en la muestra de agua residual (AR), con 121 subtipos diferentes. Como resultado del tratamiento del agua en el sistema MABA, hubo una reducción en el número de subtipos de GRA, en los agregados MABA (AM) y el efluente (E), 40 y 13, respectivamente; en comparación con el AR (Fig. 1A). También se observaron subtipos de GRA detectados únicamente en E y AM, este comportamiento ha sido observado previamente, donde se sugiere que algunos otros factores, como biocidas o metales, pueden fomentar el enriquecimiento de otros GRA [8].
Por otro lado, la cuantificación de los GRA mediante qPCR permitió determinar la eficiencia de remoción (ER) del GRA blaKPC, el cual confiere resistencia a betalactámicos. La ER de este gen estuvo en un rango de 79.6-99.4% en el E de las tres diferentes etapas evaluadas, en comparación con la AR. No obstante, también determinamos las ER para los agregados MABA, donde en la etapa I y II, estas ER fueron negativas, lo que indica un enriquecimiento de este GRA, sin embargo, en la etapa III se logró obtener una ER de 59.6%, lo cual atribuimos al aumento del tamaño de los agregados (Fig. 1B). En este sentido, la concentración del gen blaKPC y el tamaño de los agregados >2 mm tuvieron una correlación negativa significativa ($p < 0.01$)

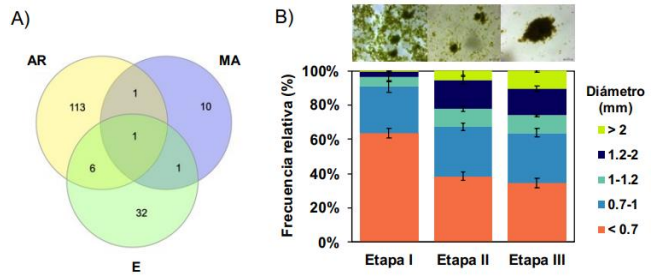


Fig. 1. A) Diagrama de venn donde se muestra los GRA compartidos y únicos entre agua residual (AR), agregados MABA (AM) y efluente (E); B) fotografías y frecuencia relativa (%) del tamaño de agregados MABA en las diferentes etapas de operación.

Conclusiones. La remoción de blaKPC esta relacionada significativamente con el aumento de tamaño de los agregados, lo que permitió remover este gen en los agregados MABA hasta un 59.6%. El sistema MABA es capaz de disminuir la variedad de GRA del resistoma presente en el agua residual, lo que demuestra el potencial de estos sistemas para disminuir la propagación de GRA al ambiente.

Agradecimiento. Al financiamiento del proyecto PAPIIT IA211220, DGAPA-UNAM.

Bibliografía.

1. Rizzo et al. (2013). Water Res. vol (447): 345-360.
2. Manaia (2017). Trends Microbiol. vol (25): 173-181.
3. Cheng et al. (2020). Sci. Total Environ. vol (711): 134435.
4. Alves et al. (2018). MethodsX. vol (5): 727–736.
5. Tian et al. (2016). Water Res. vol (98): 261–269.
6. Yang et al. (2014). Water Res. vol (62): 97-106.
7. Zhu et al. (2020). Sci. Total Environ. vol (721): 137654.
8. Karkman et al. (2018). Trends Microbiol. vol (26): 220–228.

DETERMINACIÓN DEL ESTADO TRÓFICO E IDENTIFICACIÓN DE LAS DIATOMEAS DE LOS LAGOS EL SOL Y LA LUNA DEL ÁREA DE PROTECCIÓN DE FLORA Y FAUNA NEVADO DE TOLUCA

Nathalia Luna-Rodríguez[a], Mario Castañeda Rojas[b], Yuridia Mercado Flores[a], Miguel Ángel Anducho Reyes[a], Rocío Ramírez-Vargas[a].[a] Laboratorio de Aprovechamiento Integral de Recursos Bióticos, Universidad Politécnica de Pachuca, Zempoala, Hidalgo, C.P. 43830. [b] Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (APFF Nevado de Toluca), Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Toluca, Estado de México, C.P. 50250.
nathalia.luna@micorreo.upp.edu.mx

Palabras clave: Índices de estado trófico, Calidad del agua, Diatomeas.

Introducción. En la zona núcleo cráter del volcán Nevado de Toluca se encuentran dos lagos: El Sol y La Luna. Este tipo de ecosistemas pueden presentar variaciones en la calidad del agua derivadas de fenómenos naturales y antropogénicos, que pueden ser estudiadas mediante la determinación de los índices del estado trófico (IET) y la identificación de los microorganismos presentes como las diatomeas, a partir de las cuales se pueden correlacionar los cambios fisicoquímicos con la abundancia de las especies presentes (1,3,4). El objetivo de este trabajo fue determinar el estado trófico de los lagos El Sol y La Luna utilizando índices de calidad del agua y la identificación de las diatomeas presentes para su posterior uso como bioindicadores de la calidad del agua.

Metodología. Fueron realizados dos muestreos en los lagos de El Sol y La Luna, en enero (invierno) y abril (primavera) de 2021, contando con la autorización de la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP). Los IET fueron determinados utilizando la metodología propuesta por Carlson en 1996 (3). La concentración de clorofila-a se determinó de acuerdo con lo reportado en Rivera et al., 2005 y la concentración de fósforo total se midió como ortofosfatos siguiendo el método 4500-PE ácido ascórbico (APHA, 2005). Las diatomeas fueron identificadas utilizando muestras de agua y sedimentos de acuerdo con lo propuesto por Battarbee et al., 2001. Los parámetros fisicoquímicos de los sitios de muestreo fueron determinados in situ con una sonda portátil marca multifunction YY-9909 (2,5).

Resultados. Los parámetros fisicoquímicos, así como las concentraciones de clorofila-a y ortofosfatos determinados en invierno y primavera de 2021 para ambos lagos se muestran en la Tabla 1. La observación microscópica de las muestras de agua y sedimentos permitieron identificar 12 géneros de diatomeas en los lagos, las cuales pueden observarse en la Figura 1.

Tabla 1. Parámetros determinados *in situ* y *ex situ* de los muestreos realizados en invierno y primavera de 2021 del lago El Sol y de La Luna

Parámetro	Lago de El Sol				Lago de La Luna			
	Invierno 2021		Primavera 2021		Invierno 2021		Primavera 2021	
	Promedio	DE	Promedio	DE	Promedio	DE	Promedio	DE
pH	6.63	0.43	7.68	0.38	6.21	0.03	5.56	0.11
Temperatura (°C)	3.70	0.79	14.20	2.01	3.51	0.21	8.48	0.11
Conductividad eléctrica (µS/cm)	53.88	10.84	81.50	45.05	10.50	2.12	13.50	0.71
Sólidos disueltos totales/ Salinidad (ppm)	25.63	4.03	36.75	15.49	5.00	1.41	6.50	0.71
Clorofila a (µg/L)	0.01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.00	0.00
Ortofosfatos (µg/L)	0.01	0.02	0.02	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00

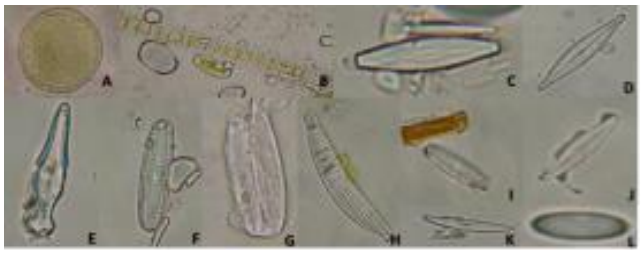


Fig. 1. Diatomeas identificadas en los lagos de El Sol y La Luna: A) *Cavinula pseudoscutiformis*, B) *Aulacoseira distans*, C) *Pseudostaurosira brevistriata*, D) *Navicula Bory*, E) *Gomphonema gracile Ehrenberg*, F) *Pinnularia microstauron*, G) *Psammothidium levanderi*, H) *Encyonema gracile*, I) *Encyonema perpusillum*, J) *Navicula Bory*, K) *Pinnularia microstauron* y L) *Psammothidium helveticum.*

Conclusiones. De acuerdo con los muestreos realizados en invierno y primavera, se determinó que el lago de El Sol y el lago de La Luna presentan una calidad de agua correspondiente a un estado oligotrófico, ya que se calculó un IET < 30, basado en las concentraciones de clorofila-a y ortofosfatos. Además, los parámetros fisicoquímicos indicaron que ambos cuerpos de agua corresponden a lagos de alta montaña. Los géneros de diatomeas identificadas mostraron potencial para ser utilizadas como bioindicadores de la calidad del agua.

Agradecimiento. A Conacyt por la beca de maestría otorgada, CVU: 1009627. A la CONANP por otorgar la carta de "No objeción" para el estudio de los lagos de El Sol y La Luna del Área de Protección de Flora y Fauna Nevado de Toluca.

Bibliografía.

1. Alcocer, J., Roberson, J., Oseguera, L. A., & Lewis, W. M. (2020). Rhythmic episodes of heating and cooling control thermal stratification of two tropical high mountain lakes. Aquatic Sciences, 82(3). https://doi.org/10.1007/s00027-020- 00731-1.
2. Bellinger, E. G. (2015). Freshwater Algae identification, enumeration and use as bioindicators (Second edi).
3. Carlson, R. E., & Simpson, J. (1996). A Coordinator's Guide to Volunteer Lake Monitoring Methods. North American Lake Management Society, 96. https://www.nalms.org/secchidipin/monitoring-methods/trophic-stateequations/.
4. Cuna, E., Zawisza, E., Caballero, M., Ruiz-Fernández, A. C., Lozano-García, S., & Alcocer, J. (2014). Environmental impacts of Little Ice Age cooling in central Mexico recorded in the sediments of a tropical alpine lake. Journal of Paleolimnology, 51(1), 1–14. https://doi.org/10.1007/s10933-013-9748-0.
5. McLaughlin, R. B. (2012). An Introduction to the Study of Diatoms. https://doi.org/10.5040/9780567664556.

CARACTERIZACION DEL PROCESO DE INMOVILIZACION DE Trametes versicolor EN YUTE

Mario Eduardo Contla Ubaldo, María Aurora Martínez Trujillo y Mayola García Rivero
División de Ingeniería Química y Bioquímica, Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec, Ecatepec de Morelos, Estado de México, CP 55210.

mgarcia@tese.du.mx

Introducción. El uso de microorganismos inmovilizados en bioprocesos ofrece numerosas ventajas porque incrementa la actividad y estabilidad en los cultivos (1). En la remoción de colorantes, los soportes naturales son la mejor alternativa para la inmovilización de microorganismos (2) porque pueden favorecer la producción de enzimas y la sorción del colorante en el soporte y en la biomasa, en consecuencia se estimula la decoloración. Uno de los soportes utilizados para inmovilización de enzimas y de células es el yute que por su contenido de lignocelulosa puede favorecer la producción de las enzimas ligninoliticas por *T. versicolor*. El objetivo de este trabajo fue caracterizar el proceso inmovilización de *T. versicolor* en yute.

Metodología. Para la inmovilización se utilizaron trozos de tela de yute de 6 cm^2 que se colocaron en medio mineral junto con discos de micelio de *T. versicolor*. Se incubo durante 10 días a 200 rpm y temperatura ambiente. La composición del medio fue (g/L): glucosa, 10; peptona de caseína, 5; KH_2PO_4, 2; NH_4Cl, 0.066; $MgSO_4$.$7H_2O$, 0.5; $CaCl_2{\cdot}2H_2O$, 0.1; y solución de minerales traza, 10 ml/L. La solución mineral contenía (g/L): $MnSO_4{\cdot}H_2O$, 0.5; NaCl, 1; $FeSO_4{\cdot}7H_2O$, 0.1; $CoCl_2{\cdot}6H_2O$, 0.185; $ZnSO_4{\cdot}7H_2O$, 0.11; Na_2MO_4 .$2H_2O$, 0.011; H_3BO_3, 0.011. En las muestras de medio líquido se determinaron las actividades enzimáticas ligninoliticas (3) y la glucosa residual con el acido 3,5-dinitrosalícilico. En los trozos de yute se determinó su composición proximal (4) y la biomasa inmovilizada por seco.

Resultados. La curva de crecimiento de biomasa inmovilizada siguió un comportamiento típico, creciendo de forma exponencial desde el inicio del cultivo hasta las 216 h (Fig. 1A). Sin embargo, el consumo de glucosa inicio después de las 72 (Fig. 1A) debido a que el hongo utilizó la hemicelulosa para mantener el crecimiento inicial. A este tiempo se consumió cerca del 71 % del contenido de hemicelulosa y solo un 25% de la hemicelulosa (Fig. 2). Al agotarse completamente la glucosa, inicio la fase estacionaria de crecimiento. Respecto a la producción de enzimas (Fig. 3), la máxima actividad correspondió a la Versátil peroxidasa (VeP) seguida de la Manganeso peroxidasa (MnP). Con ambas enzimas la producción máxima se observó a las 72 h del cultivo, tiempo al cual inició la fase estacionaria de crecimiento, comportamiento es típico para la producción de estas enzimas. La producción de lacasa y ligninoperoxidasa fue despreciable, datos no mostrados. La producción de enzimas ligninoliticas depende de las condiciones de cultivo por lo que es importante caracterizar el proceso de inmovilización para fijar el tiempo de la máxima producción de enzimas.

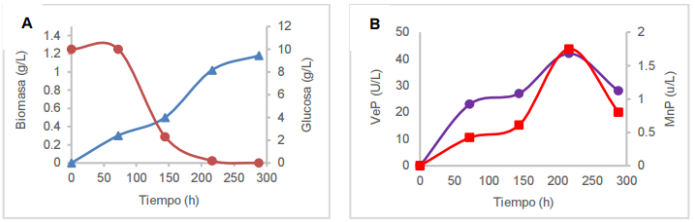


Fig. 1. (A) Formación de biomasa y consumo de glucosa, (B) producción de VeP y MnP por T. versicolor durante el proceso de inmovilización en tela de yute.

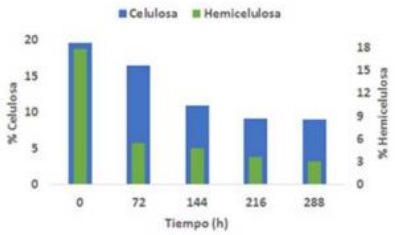


Fig. 2. Cambio en el contenido de celulosa y hemicelulosa del yute durante el proceso de inmovilización de la biomasa en tela de yute.

Conclusiones. El yute como soporte para la inmovilización de *T. versicolor* permite mantener el desarrollo inicial de la biomasa y favorece la producción de VeP y MnP. En base al perfil enzimático, se fijó el tiempo de la inmovilización en 216 h, para que la biomasa que se usará como inóculo en los ensayos de decoloración presente la máxima producción de las enzimas de interés.

Agradecimiento. MECU agradece al CONACYT

Bibliografía.

1. Li, X., de Toledo, R. A., Wang, S., & Shim, H. (2015). Removal of carbamazepine and naproxen by immobilized Phanerochaete chrysosporium under non-sterile condition. New Biotechnol. 32(2), 282-289
2. Li, W., Mu, B., & Yang, Y. (2019). Feasibility of industrial-scale treatment of dye wastewater via bioadsorption technology. Biores. Technol. 277, 157-170
3. Lemus-Gómez, L.E., Martínez-Trujillo, M.A., MembrilloVenegas, I. and García-Rivero, M. 2018. Performance analysis of azo dye decolorization by immobilized Trametes versicolor in a sequencing batch reactor. Environ. Eng. Sci. 53(2):1-7.
4. Uppdegraff, C. (1969). Semimicro determination of cellulose in biological materials. Anal. Biochem. 32, 420-424.

INMOVILIZACIÓN DE UN CONSORCIO MICROBIANO SOBRE UN SOPORTE DE POLIPROPILENO EMPLEANDO RESIDUOS COMO FUENTES DE CARBONO

Jesús de la Luz-Apale; Abril Rodríguez-Guzmán; Elena Rustrián-Portilla; Eric Pascal Houbron; Michel Canul-Chan*
Facultad de Ciencias Químicas - Región Orizaba Córdoba, Universidad Veracruzana.Laboratorio de Gestión y Control de la Contaminación Ambiental. Prolongación de Avenida Oriente 6 1009,Rafael Alvarado, C.P. 94340 Orizaba, Veracruz.
*mcanul@uv.mx

Palabras clave: melaza, aceite vegetal usado, biosurfactantes.

Introducción. Las aguas residuales contienen contaminantes tales como sólidos suspendidos, compuestos orgánicos, así como aceites y grasas. Estos últimos, como sustancias hidrófobas de menor densidad, afectan el intercambio gaseoso y, a su vez, se difunden por la superficie reduciendo la oxigenación a través de la interfase aire-agua. Por otro lado, la melaza es un residuo generado en sitios donde la materia prima es la caña de azúcar y sus derivados. Por su parte, la biorremediación se ve limitada por los elevados costos que implica el crecimiento microbiano, por lo tanto, el uso de sustratos de bajo costo es indispensable para poder competir con otro tipo de tratamientos. Así, el uso de consorcios microbianos se suele combinar con una técnica denominada inmovilización microbiana. Durante la remoción de grasas y aceites, los microorganismos son capaces de producir biosurfactantes, que son moléculas de alto valor agregado. El objetivo del presente trabajo fue inmovilizar un consorcio microbiano capaz de degradar aceite y producir biosurfactantes, empleando residuos como fuentes alternas de carbono (melaza y aceite vegetal usado) para la formación de biopelícula sobre aros de polipropileno.

Metodología. Se establecieron sistemas de inmovilización en matraces Erlenmeyer de 250 mL con un volumen de operación de 100 mL; se empleó medio Bushnell-Hass con diferentes cargas de melaza 1.0, 2.5 y 5.0 % v/v y una concentración fija del 2.0 % v/v de aceite vegetal usado. Como soporte de inmovilización se adicionaron ocho aros de polipropileno corrugado de 1cm de longitud y un diámetro interno de 1.27cm. Las condiciones de incubación fueron 35±2 ºC y 150 rpm. La determinación del crecimiento microbiano se evaluó a través del cambio del peso seco de los soportes. El consumo de los sustratos empleados, melaza y aceite, se evaluaron a través de las metodologías del DNS para medir el cambio de azúcares reductores residuales y de la extracción de grasas y aceites por el método de Soxhlet. Finalmente, se evaluó la capacidad de producir biosurfactantes empleando la técnica de desplazamiento de petróleo.

Resultados. De acuerdo con los resultados obtenidos (Fig. 1) el consorcio fue capaz de producir mayor biopelícula en presencia de 5% v/v de melaza. Adicionalmente, un mayor porcentaje de consumo de melaza (91.53%) fue obtenido en esta misma concentración de melaza. Sin embargo, a bajas concentraciones de melaza, se observo una mayor producción de biosurfactantes (Tabla 1).

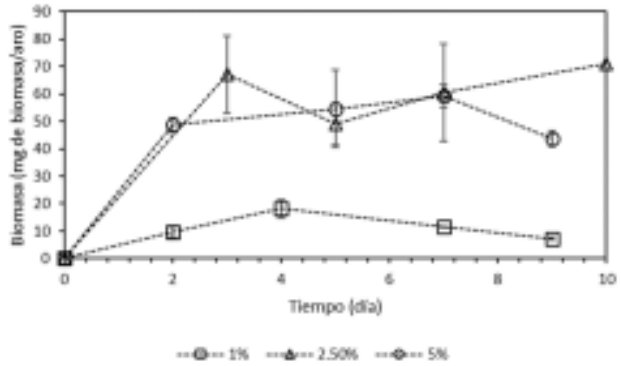


Fig. 1. Determinación de la biomasa inmovilizada sobre los soportes de polipropileno

Melaza (% v/v)	consumo de melaza (g glucosa /día)	Consumo final de melaza (%)	Biomasa inmovilizada (mg de biomasa/aro)	Biosurfactantes producidos (mg/L)**
1.0	1.58	83.57	18.20	204.38
2.5	6.65	94.85	70.82	77.47
5.0	11.66	91.53	59.12	116.90

Tabla 1. Comparación de los resultados obtenidos en presencia de las diferentes concentraciones de melaza y 2% de aceite vegetal usado.
**Expresado como Equivalentes Tween 20

Conclusiones. El consorcio microbiano demostró su capacidad de producir biosurfactantes durante el proceso de consumo de sustratos y formación de biopelícula cuando se empleo un 5.0% v/v de melaza. Por lo tanto, es factible emplear residuos como fuente de carbono para la inmovilizar microoganismos.

Agradecimiento. A la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Veracruzana, región Orizaba-Córdoba

Bibliografía.

1. Ikegami, K., Hirose, Y., Sakashita, H., Maruyama, R., y Sugiyama, T. (2020). Chemosphere, 1-6.
2. Jimoh, A., y Lin, J. (2019). Ecotox environ safety, 1-19. 3. Datta, P., Tiwari, P., y Pandey, L. (2018). Bioresour technol 439–448.

OBTENCIÓN DE UN BIOFORMULADO A PARTIR DEL HONGO *Entonaema liquescens* CON POTENCIAL APLICACIÓN EN PROCESOS DE DEGRADACIÓN DE ACEITES LUBRICANTES USADOS EN CAMPO.

Echeverri-Ángel Alicia, Henao-Martínez Juan P., Gaviria-Arroyave Maria I., Montoya-Álvarez Marybel Universidad EIA, Semillero de Biotecnología Ambiental, Escuela de Ingeniería y Ciencias Básicas, Envigado-Colombia, 055420; juan.henao50@eia.edu.co

Palabras clave: Entonaema liquescens, aceite lubricante usado, biorremediación

Introducción. Entonaema liquescens es un hongo de carácter novedoso ya que no ha sido reportado en aplicaciones biotecnológicas anteriormente. Desde el Semillero de Biotecnología Ambiental de la Universidad EIA se han llevado a cabo numerosas pruebas de laboratorio que demuestran el potencial de esta especie en procesos de degradación de aceites lubricantes usados (1). El objetivo del presente estudio consistió en obtener un bioformulado a partir del hongo *E. liquescens* con potencial aplicación en procesos de degradación de aceites lubricantes usados en campo.

Metodología. Para determinar la mayor producción de biomasa, se evaluaron tres variedades de papa: Capira (*Solanum tuberosum*), Criolla (*Solanum phureja*) y Nevada (*Solanum tuberosum*); esto como punto de partida para definir los componentes del medio de cultivo a trabajar. Partiendo del sustrato seleccionado por la mayor obtención de biomasa (Capira) se realizó un diseño para optimizar los factores más influyentes para la degradación del aceite lubricante usado según estudios previos: concentración de glucosa (0, 5, 10 y 15 %P/V) y concentración del aceite (15, 20 y 25 %V/V). Para la propuesta de bioformulado, se realizó un primer montaje del hongo encapsulado en alginato de calcio y un segundo montaje con el caldo libre de células proveniente del montaje de optimización bajo una combinación 15% glucosa - 15% aceite. Todos los montajes se incubaron durante 15 días con agitación orbital a 150 rpm y temperatura ambiente (25°C). Concluidos los 15 días se realizó una caracterización de los metabolitos producidos por E. liquescens en el montaje de optimización (CLC) y en la propuesta de bioformulado (ENC). Las enzimas tipo lipasas se evaluaron con el método descrito por (2) y la evaluación de la producción de biosurfactantes se realizó con base al protocolo descrito por (3). Finalmente, se realizó un análisis cualitativo del aceite por FTIR y un análisis de degradación de hidrocarburos totales de petróleo (TPH) con el fin de conocer el porcentaje de degradación posterior a cada tratamiento.

Resultados. La combinación entre los factores que mejores resultados presentó dentro del montaje de optimización fue 15%:0% aceite:glucosa. En el caso del montaje de encapsulación se demostró que si bien *E. liquescens* es capaz de producir enzimas tipo lipasa y biosurfactantes cuando se encuentra encapsulado, realmente es muy baja la tasa de degradación alcanzada; situación contraria al ensayo con el caldo libre de células, el cual superó en un 10% a la tasa de degradación más alta obtenida en el montaje de optimización.

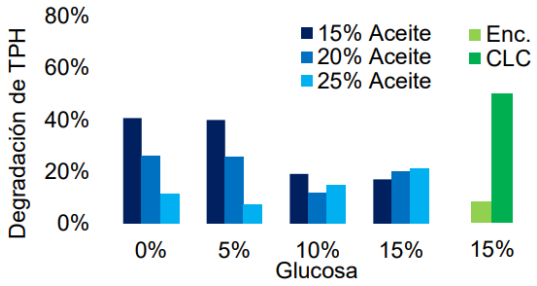


Fig. 1. Degradación de TPH del montaje de optimización (azules), montaje con el hongo encapsulado (Enc.) y montaje con el caldo libre de células (CLC).

Conclusiones. Por medio del presente estudio se comprobó el gran potencial de *E. liquescens* para el tratamiento de aceites lubricantes usados. En el caso del montaje de optimización los resultados de degradación de TPH sugieren la ausencia de un cometabolismo bajo las concentraciones de 15 y 20% de aceite, ya que la presencia de glucosa parece potenciar la degradación del contaminante únicamente ante la concentración más alta evaluada (25%). Por otra parte, se pudo comprobar que encapsular el hongo permite que este siga siendo viable y produzca metabolitos de interés, aunque su desempeño en la biodegradación del contaminante debe ser optimizado. Por otro lado, el caldo libre de células mostró gran potencial para su aplicación en procesos de biodegradación bajo condiciones de campo. Se recomienda para investigaciones futuras realizar una caracterización detallada de los metabolitos producidos, que intervengan directamente en el proceso de degradación para dilucidar con mayor profundidad los mecanismos asociados.

Bibliografía.

1. Quiroz, E., & Verdeza, S. (2019). Propuesta de sistema biorreactor para la degradación de aceite automotriz usado a partir de Entonaema liquescens (Universidad EIA).
2. Cervantes, E., Salazar, L. M., & Diaz, P. E. (2013). Rev. Internacional de Contaminación Ambiental, vol (29): 9-15.
3. Cooper, D. G., & Goldenberg, B. G. (1987). Applied and Environmental Microbiology, vol (53): 224-229.

LOS COMPUESTOS ORGÁNICOS VOLÁTILES DE *Pseudomonas rhodesiae* GRC140 PROMUEVEN EL CRECIMIENTO Y LA TOLERANCIA A CADMIO DE *Arabidopsis thaliana*

Gisela Adelina Rolón Cárdenas[1]; David Guadalupe Cruz Torres[2], Jackeline Lizzeta Arvizu Gómez[3], Candy Carranza Álvarez[1,2], Alejandro Hernández Morales[1,2]

[1]Facultad de Ciencias Químicas, UASLP, Manuel Nava 6, Zona Universitaria, San Luis Potosí, S.L.P., C.P. 78210. [2]Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca, UASLP, Romualdo del Campo 501, Fracc. Rafael Curiel, Ciudad Valles, S.L.P. C.P. 79060. [3]Secretaria de Investigación y Posgrado, Universidad Autónoma de Nayarit. Correo electrónico: gisela.rolon@uaslp.mx

Palabras clave: Volátiles, Pseudomonas rhodesiae, Arabidopsis thaliana

Introducción. Las raíces de las plantas están asociadas a diferentes comunidades bacterianas que favorecen el crecimiento vegetal a través de diferentes actividades microbianas y contribuyen en la adaptación de las plantas a diferentes condiciones de estrés ambiental (1). *Pseudomonas rhodesiae* GRC140 es una bacteria, tolerante a Cd, aislada de las raíces de plantas de *Typha latifolia* crecida en sitios impactados con Cd (2). Estudios previos han mostrado que esta bacteria presenta diferentes características de promoción de crecimiento vegetal, promueve el crecimiento de plántulas de *Arabidopsis thaliana* e incrementa la tolerancia a Cd de *A. thaliana*, lo cual ha sido atribuido a compuestos difusibles del tipo auxinas como el AIA y el AFA (2). Sin embargo, se han demostraron que una cepa de *P. rhodesiae* promueve el crecimiento de *Vigma radiata* por la emisión de compuestos orgánicos volátiles (COV) (3). Por lo que el objetivo de este trabajo fue investigar el efecto de los COV producidos por *P. rhodesiae* GCR140 en el crecimiento y la tolerancia a Cd de *A. thaliana* Col-0.

Metodología. Semillas de *Arabidopsis thaliana* Col-0 se desinfectaron y se germinaron en agar-agua durante 5 días. Las plántulas previamente germinadas (n = 5), se transfirieron a un extremo de una placa dividida que contenía medio MS 0.2x con Cd (2.5 mg/l) o sin Cd, en el otro extremo de la placa se inoculó una suspensión de GRC140 ajustada a 10^7 UFC mL-1. Para confirmar el papel de los COV de *P. rhodesiae* GRC140 en el crecimiento de *A. thaliana*, se utilizó el sistema reportado por Casarrubia et al. (4), el cual contenía una trampa de carbón activado para la adsorción de los COV. Las placas se incubaron durante 15 días bajo un fotoperiodo de 16 h luz/8 h de oscuridad.

Resultados. Después de 15 días de co-cultivo, se observó un mayor crecimiento de la raíz primaria y un mayor número de raíces laterales en las plantas de *A. thaliana* inoculadas con *P. rhodesiae* GRC140 en comparación con las plantas no inoculadas.
La presencia de carbón activado en los sistemas afecta el crecimiento de las plántulas de *A. thaliana* inoculadas con *P. rhodesiae* GRC140 a niveles similares al crecimiento de las plantas sin inocular (Fig. 1). Estos resultados sugieren que los COV sintetizados por *P. rhodesiae* GRC140 son los responsables de promover el crecimiento de *A. thaliana*.

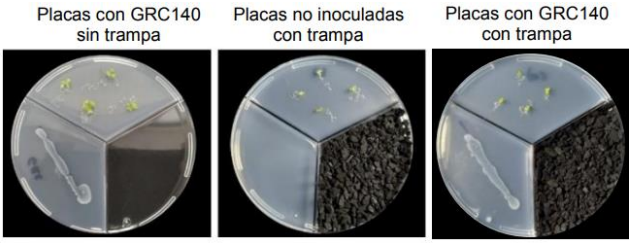


Fig. 1. Sistemas usados para comprobar el efecto de los COV de P. rhodesiae GRC140 en el crecimiento de A. thaliana

En presencia de 2.5 ppm de Cd, se observó que la inoculación de *P. rhodesiae* GRC140 incrementa el peso fresco total y la longitud de la raíz primaria de *A. thaliana* con respecto a las plantas no inoculadas. Estos resultados indican que los COV sintetizados por *P. rhodesiae* GRC140 están involucrados en la tolerancia de *A. thaliana* al Cd.

Conclusiones. *P. rhodesiae* GRC140 emite COV que promueven el crecimiento de *A. thaliana* Col-0 y contribuyen en la adaptación de las plantas al Cd.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) a través del Fondo Sectorial de Investigación para la Educación CB2017-2018, Convenio A1-S-40454.

Bibliografía.

1. Weyens, N., Lelie, D., Taghavi, S., Newman, L., Vangronsveld, J. 2009. *Trends Biotechnol* 27(10):591-8 2. Rolón-Cárdenas, G. A., Arvizu-Gómez, J. L., Pacheco Aguilar, J. R. et al. (2021). *Braz J Microbiol* 52(1), 349-361. 3. Jishma, P., Hussain, N., Chellappan, R. et al. (2017). *J Appl Microbiol* 123(1):204-216.
4. Casarrubia, S., Sapienza, S., Fritz, H. et al (2016). *PLoS One* 11(12):e0168236.

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO DE UN SISTEMA DE HUMEDALES ARTIFICIALES PARA EL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL AGRÍCOLA EN SINALOA

Cinthia Isabel Guadalupe Cedillo Herrera[1], Leonel Ernesto Amábilis Sosa[2], Aurora Margarita Pat Espadas[3], Josefina León Félix[4], Kimberly Mendívil García[1], [1]Tecnológico Nacional de México/ITCuliacán, [2]CONACYT Tecnológico Nacional de México/ITCuliacán, [3]CONACYT-UNAM Instituto de Geología, Estación Regional del Noroeste, [4]CONACYT Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo. Av. Juan de Dios Bátiz 310, Culiacán 80220, Sinaloa, México
cinthiaisabel.cedillo@gmail.com

Palabras clave: Humedales artificiales, agua residual agrícola, remoción.

Introducción. En Sinaloa se destinan más de 47 hm^3 de agua al año para agricultura, el 53% proviene de la extracción del río Culiacán (1). El agua residual es descargada en drenes agrícolas sin ser tratada, aunado a ello, el uso de agroquímicos como fertilizantes y plaguicidas ocasiona la contaminación de cuerpos de agua. Resulta relevante la búsqueda e implementación de tecnologías de tratamiento para el agua residual agrícola (ARA). Sin embargo, la mayoría de las opciones de tratamientos son de elevado costo y no han podido implementarse a escala piloto. Los humedales artificiales (HA) representan una alternativa asequible, ya que se ha demostrado su eficiencia para tratar efluentes industriales y remover contaminantes recalcitrantes (2).

Metodología. Se delimitó el área de estudio en el distrito de riego más representativo de la región para las campañas de muestreo y caracterización del ARA. Con ello, se realizó el diseño y construcción de los biorreactores tipo HA. Se compararon las porosidades de 35 y 47% para el medio de empaque, así como 1, 2, 3 y 4 días de TRH de.

Los parámetros evaluados fueron la remoción de materia orgánica y nutrientes como DQO y N-NH_3, PT y P-PO_4^{3-} respectivamente.

Resultados.La remoción de materia orgánica alcanzó su máximo en los biorreactores que exhibían una porosidad eficaz de 47% tal como ocurrió con la remoción de nutrientes. La tasa máxima de remoción de DQO sucedió en el TRH=2 d. En la remoción de N-NH_3 no se observó dependencia con los factores evaluados, lo cual se relaciona con el ciclo de nitrógeno en los HA. No obstante, hubo una máxima remoción con TRH=4 d (4). En cuanto a PT y P-PO_4^{3-}, a pesar de que la remoción aumentó en función del tiempo, no hubo diferencia significativa entre los TRH de 2, 3 y 4 días ($P>0.05$) en los cuales se obtuvo el máximo porcentaje de remoción. Para fósforo inorgánico se observó un decaimiento en la remoción para los TRH de 3 y 4 d en los biorreactores con porosidad eficaz de 35%.

Esto puede deberse a que dos de sus principales fuentes de remoción son finitas, tal es el caso de la asimilación por parte de las plantas y la adsorción del lecho, sumado a una menor porosidad intersticial que favorece la colmatación del sistema (5). En la Tabla 1 se observan todas las eficiencias promedio obtenidas con la mejor configuración de los HA.

Tabla 1. Caracterización del agua residual agrícola y sus eficiencias de remoción con la configuración óptima de los humedales artificiales

	DQO (mg/L)	N-NH_3 (mg/L)	PT (mg/L)	P-PO_4^{3-} (mg/L)	pH	pOR (mV)	SDT (mg/L)
Lím. inferior	420	0.08	0.15	0.1	7	60	991
Lím. superior	9866.7	1.03	2.26	0.93	9	300	6600
Remoción	98%	61%	80%	85%	-	-	-

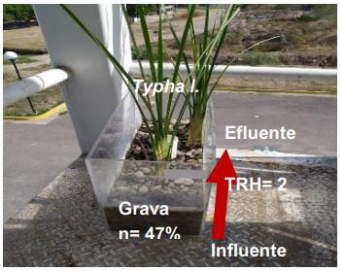


Fig. 1. Configuración óptima de los humedales artificiales para remoción de materia orgánica y nutrientes del agua residual agrícola.

Conclusiones. El sistema de humedales artificiales implementado para tratar agua residual agrícola presenta niveles de remoción de materia orgánica similares a los reportados en procesos mecanizados. Asimismo, la remoción de nutrientes es comparable con las reportadas para tratamientos biológicos utilizados para remover alto contenido de nutrientes. Los resultados obtenidos y la infraestructura de los drenes agrícolas sugieren que los humedales artificiales son una opción viable para el tratamiento de efluentes agrícolas.

Agradecimiento. CONACYT. Proyecto de problemas nacionales ID 5020.

Bibliografía.

1. Leyva-Morales J., García-de la Parra L., Bastidas-Bastidas P., Astorga Rodríguez J., Bejarano-Trujillo J., Cruz Hernández A., Betancourt Lozano, M. (2014). *Rev. Int. Contam. Ambient.* 30(3): 247-261

2. Wu S., Wallace S., Brix H., Kuschk P., Kirui W., Masi F., Dong, R. (2015). Environ. Pollut. 201: 107-120.

3. Rice E., Baird R., Eaton A., Ciesceri, L. (2012). Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater. APHA. Estados Unidos. 4. Roé-Sosa A., Rangel-Peraza J., Rodríguez-Mata A., Pat-Espadas A., Bustos-Terrones Y., Diaz-Peña I., Amabilis-Sosa L. (2019). J. Environ. Manage. 236: 351-357.

5. Vymazal J. (2007). Sci Total Environ. 380(1-3): 48-65.

CARACTERIZACIÓN DE UN BIOADSORBENTE EXTRAÍDO APARTIR DE CÁSCARAS DE CÍTRICOS PARA LA REMOCIÓN DE Cu (II) EN AGUAS RESIDUALES

Raúl David Romo[1], Mayra Mayte Ayala[2], Guadalupe López[1], Francisco Javier Almendariz[1], Onofre Monge[1], Diana PatriciaTerán[1], [1]Universidad de Sonora, Departamento de Ingeniería Química, Hermosillo, Sonora, CP 83000, [2]Instituto Tecnológico de Culiacán, Departamento de Ingeniería Química-Bioquímica, Culiacán, Sinaloa, CP 80220, guadalupe.aviles@unison.mx

Palabras clave: pectina, adsorción, cobre

Introducción. Las etapas de extracción y purificación de minerales de los procesos metalúrgicos conllevan la liberación de efluentes con metales pesados que acaban en los cuerpos de agua debido a accidentes y/o la falta de tratamiento y que terminan impactando la flora y fauna regional, así como a la salud humana (1). Uno de los métodos más prometedores de tratamiento es la adsorción, proceso donde se pueden utilizar materiales de origen biológico que poseen una alta capacidad de adsorción de metales pesados, entre ellos se encuentra la biomasa proveniente de frutos que contienen pectina como los cítricos (2,3).
En el presente trabajo se analiza la pectina extraída a partir de desechos agroindustriales como cáscaras de limón (*Citrus* × *limon*) como material bioadsorbente para remover Cobre (II).

Metodología. Para la preparación del bioadsorbente (pectina), se utilizaron cáscaras de limón amarillo (*Citrus* × *limon*), las cuales se cortaron en trozos y se lavaron con agua destilada, después se secó la muestra y se realizó una reducción de tamaño. Posteriormente, se le realizó un tratamiento con NaOH 0.2M por 24 h y después con una solución de $CaCl_2$ 0.2M, con el fin de purificar la pectina. Finalmente se dejó secar y se realizó un tamizado para obtener el tamaño de partícula. Al bioadsorbente obtenido se le determinó el pH, densidad aparente, FTIR y el punto isoeléctrico (IEP).

Resultados. El pH obtenido del bioadsorbente sin tratar fue de 4.21, debido a la cantidad de ácido cítrico y otras impurezas contenidas en la cáscara antes de tratarla y después del tratamiento el pH fue de 7.06. En cuanto a la densidad aparente, ocurrió un decremento de 0.66 g/cm^3 a 0.52 g/cm^3 de la pectina sin tratar y tratada respectivamente, debido a la modificación en la molécula al perder el grupo metil y así facilitar la biosorción de Cobre (II). En la Figura 1 se pueden observar los picos característicos de la pectina obtenida a partir de cáscaras de limón, los cuales son muy similares al espectrofotograma de referencia de la pectina que se presenta en la literatura, comprobando la pureza del bioadsorbente. Finalmente, el la Figura 2 se puede observar un pequeño incremento en el punto isoeléctrico, lo que significa un aumento de las cargas superficiales del material.

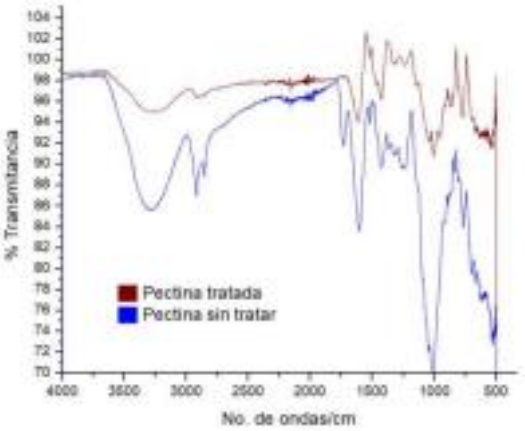


Fig. 1. Espectrofotograma de la pectina obtenida en FTIR

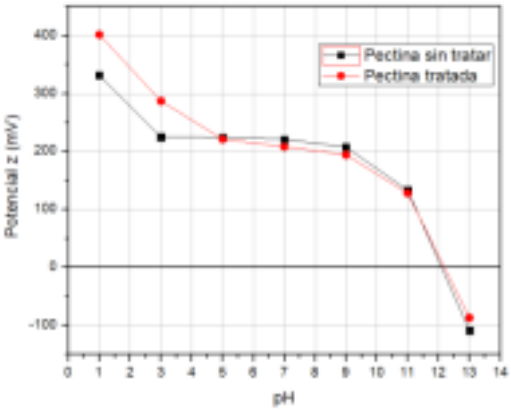


Fig. 2. Gráfica comparativa del IEP de la pectina sin tratar y tratada

Conclusiones. Las pruebas realizadas al bioadsorbente indican que el tratamiento que se llevó a cabo funcionó para purificar la pectina y para incrementar sus propiedades de biosorción.

Agradecimiento. A la Universidad de Sonora por el apoyo brindado para la realización de este proyecto.

Bibliografía.

1. Monge O., Valenzuela J.L, Acedo E., Certucha M.T., Almendariz F.J.(2008). *Rev. Int. Contam. Ambient*. Vol(24):107-115. 2. Vijayaraghavan K., Balasubramanian R. (2015). *J. Environ. Manage*. Vol(160):283–96.
3. Dodson J. R., Parker H. L., García A., Hicken A., Asemave K., Farmer T., He H., Clark J., Hunt A. (2015). *Green Chem*. Vol(17):1951–1965.

BIOSORCIÓN DE Cr^{6+} y Cu^{2+} UTILIZANDO BIOMASA FÚNGICA

Ileana Castro González, Ma. Guadalupe Rojas Verde, Ma. Elizabeth Alemán Huerta, Katiushka Arévalo Niño, Verónica Almaguer Cantú, Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, San Nicolás de los Garza, N.L. 66450,.

Palabras clave: Biosorción, Penicillium, inmovilizada.

Introducción. Dentro de los problemas ambientales más relevantes a nivel mundial es la contaminación de aguas producida por metales pesados tales como plomo, cobre, cadmio, zinc, cromo, etc., ya que estos tienen un alto índice de toxicidad, aún a bajas concentraciones, y son materiales no biodegradables y además se acumulan con facilidad dentro de los organismos vivos
(1). La biosorción ofrece una alternativa como tratamiento amigable con el ambiente que favorece la recolección de las especies iónicas de metales en disolución a través de diferentes mecanismos fisicoquímicos. El objetivo de este trabajo es presentar una propuesta de agente de biosorción que consiste en biomasa fúngica del hongo *Penicillium* sp. para la remoción de Cr^{6+} y Cu^{2+} en disolución líquida.

Metodología. Con una solución de esporas de *Penicillium* sp. se inocularon 50 matraces con caldo PD 30°C y 150 rpm por 3d. La biomasa obtenida ya seca y molida se utilizó para los ensayos de remoción de forma libre. Se realizaron los ensayos de remoción primero para optimizar los parámetros fisicoquímicos de T y pH, y posteriormente determinar los modelos matemáticos de cinética de adsorción a la cual se ajustan mejor, así como de isotermas. Todas las determinaciones analíticas se realizaron por triplicado por la técnica de espectrofotometría de Luz visible; para cobre se utilizó el sobrenadante con NH4OH y para cromo a través del método de la difenilcarbazida.

Resultados. El ANOVA de las pruebas preliminares de remoción de Cu evidencia que no hay diferencia significativa en los resultados de la capacidad de adsorción con los factores mencionados. No así en la remoción de Cr en la cual el pH 2 es un factor que si incide significativamente en la capacidad de remoción que presenta la biomasa. En relación a la cinética de remoción se demostró a través de los ajustes matemáticos que el modelo que se ajusta mejor al comportamiento del proceso de biosorción es el de pseudo segundo orden (Tabla 1). Lo cual significa que el proceso de remoción es debido a una transferencia de masa en superficie que ocurre de la fase líquida a la sólida. En el análisis isotérmico se confirmó que la transferencia de masa ocurre en superficie formando una monocapa a una temperatura de 25°C para Cr y a 30°C para Cu, esto debido al ajuste al modelo de Langmuir que establece este comportamiento (2).

Tabla 1. Modelo Cinético de pseudo-seundo orden para la remoción de Cu^{+2} y Cr^{+6} a 30°C y 25°C respectivamente.

Parámetro	Cr^{+6} (pH 2)	Cu^{+2}(pH 4)
K_2 (g/mg*min)	17.306	0.017
q_e (mg/g)	24.039	51.611
R^2	0.999	0.998

En tanto que el ajuste al modelo de Freundlich nos indica no homogeneidad en la energía de los sitios en la superficie y sin límite en la carga máxima de adsorción, y esto muestra una consistencia de una distribución exponencial de centros activos característicos de una superficie heterogénea (3). (Tabla 2)

Tabla 2. Ajuste a los modelos de Isotermas de Freundlich y Langmuir en la adsorción de Cu^{+2} y Cr^{+6} a diferentes temperaturas.

Freundlich						
	Cu^{+2}			Cr^{+6}		
T	20°C	30°C	40°C	10°C	25°C	40°C
n	1.1	1.0	0.97	3.0	1.9	2.0
k_F (L/mg)	0.02	0.01	0.01	26.5	9.42	3.92
R^2	0.759	0.937	0.956	0.887	0.989	0.931
Langmuir						
q_m (mg/g)	883.71	7639. 23	1609.53	13.641	16.621	10.366
k_L (L/mg)	6.6 e-6	9 e-7	7.2 e-6	0.492	0.207	0.232
R^2	0.827	0.962	0.893	0.900	0.990	0.842

Conclusiones. La biomasa fúngica de *Penicillium* sp. inactiva demostró ser una opción eficiente en el proceso de remoción de Cr^{6+} y Cu^{2+} en disolución líquida.

Agradecimiento. Este trabajo de investigación fue financiado por UANL a través del proyecto PAICYT con clave CN1617-21.

Bibliografía.

1. Tejeda C., Villabona A. & Garcés L. 2015. Tecnológicas, 18(34): 109-123
2. Jaman H., Chakraborty, D. & Saha, P. (2009) *Clean Soil Air Water* 37: 704-711
3. Figueroa D., Moreno A. & Hormaza A. 2014. Revista Ingenierías Universidad de Medellín, 14(26): 105-120

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE ENZIMAS QUE SINTETIZAN c-di-GMP Y SU RELACIÓN CON LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS EN *Geobacter sulfurreducens*

José Alberto Hernández Eligio, Manuel Huerta Amparán, Katy Juárez. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM. Av. Universidad 2001. Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México.
alberto.hernandez@ibt.unam.mx

Palabras clave: c-di-GMP, diguanilato ciclasas, biopelículas.

Introducción. En *Geobacter sulfurreducens* la reducción de metales y la producción de bioelectricidad es dirigida por mas de 100 citocromos tipo-*c*, un pili conductivo y la formación de biopelículas electroactivas (1). Cepas mutantes que no producen alguno de estos elementos, son defectuosas en la reducción de metales y en la producción de electricidad. En diversas bacterias, el c-di-GMP es una molécula que está involucrada en la regulación de la formación de biopelículas y es sintetizada por enzimas diguanilato ciclasas (DGC) (2), sin embargo, en *G. sulfurreducen* su papel en la formación de biopelículas electroactivas no ha sido investigado.
El objetivo de este trabajo fue identificar los genes que codifican para posibles DGC, caracterizar su actividad enzimática y determinar su posible rol en la formación de biopelículas en *G. sulfurreducens*.

Metodología. Se crecieron células planctónicas y biopelículas de *G. sulfurreducens* sobre electrodos de FTO en medio NBAF líquido anaerobio a 25 ^{o}C (1). Se extrajo RNA de ambas condiciones y mediante RT-qPCR se determinó la expresión de 29 genes que codifican posibles DGC. La actividad de DGC se determinó mediante la clonación de los genes en plásmidos pBAD/hisA y, cotransformación con un vector que contiene un biosensor, que expresa la proteína TurboRFP regulada por 3 riboswitches que unen c-di-GMP (3, 4). La fluorescencia de cuantificó en un lector de fluorescencia a 550 y 580 nm (excitación y emisión) (3). Con el plásmido pK18mobsacB se construyeron cepas mutantes en los genes cuya actividad DGC fue confirmada *in vivo* y, se caracterizaron en cuanto a crecimiento (absorbancia 600nm), reducción de metales (Fe(III)) (ferrozina) y aglutinación.

Resultados. En biopelículas de *G. sulfurreducens* crecidas sobre electrodos de FTO, de 29 genes que codifican para posibles DGC, por RT-qPCR determinamos que 12 genes se encuentran sobreregulados. El incremento de expresión en biopelícula con respecto a células planctónicas fue: *gsu0895*: 5.29, *gsu1037*: 22.54, *gsu2016*: 12.12, *gsu3376*: 11.39, *gsu0474*: 2.42, *gsu0952*: 3.23, *gsu1400*: 3.56, *gsu1554*: 2.70, *gsu1658*: 1.80, *gsu1870*: 3.89, *gsu1937*: 3.85 y *gsu3356*: 2.92 (expresión relativa). Se seleccionaron los 6 genes con mayor expresión en biopelícula y se clonaron en el vector de expresión pBAD/hisA. Dichos plásmidos se cotransformaron en *E. coli* que contiene el plásmido pFY4535 con el biosensor de c-di GMP (4). El análisis de actividad in vivo mostró que las unidades relativas de fluorescencia (URF) se incrementaron en todos los cultivos. Las URF de mayor a menor se obtuvieron con la expresión de los genes *gsu1037* (3.2), *gsu0895* (2.5), *gsu2524* (1.5), *gsu1870* (1.4), *gsu1937* (1.3) y *gsu3376* (1.2). La actividad de las enzimas codificadas por los genes *gsu1037* y *gsu0895*, fueron mayores que la actividad de la DGC DgcM, de *E. coli* (URF 2.09). Las cinéticas de crecimiento de las cepas mutantes mostraron que todas las cepas presentan un crecimiento similar a la cepa silvestre (WT), una fase lag de 12 horas, seguida de una fase exponencial de las 12 a 36 horas y, por último, la fase estacionaria de las 36 a 72 horas. Las cinéticas de reducción de Fe(III) mostraron que las cepas mutantes reducen Fe(III) a Fe(II) en la misma velocidad que la cepa WT, alcanzando un máximo de reducción (50 mM de Fe(II)) a las 36 horas de incubación. Sin embargo, la cuantificación de la aglutinación es diferente en cada cepa, mientras que la cepa WT mostró una aglutinación de 0.16, las mutantes Δ*gsu0895* y Δ*gsu1937* presentaron una disminución en la aglutinación (0.0915 y 0.1025, respectivamente), mientras que las cepas Δ*gsu1037*, Δ*gsu1870* y Δ*gsu3376* presentaron un incremento (0.283, 0.201 y 0.223, respectivamente).

Conclusiones. En *G. sulfurreducens*, 12 genes que codifican DGC en biopelículas se encuentran incrementada su expresión, de los cuales 6 codifican diguanilato ciclasas verdaderas. Los análisis de actividad mostraron que las enzimas codificadas por los genes *gsu1037* y *gsu0895*, presentan una mayor actividad de síntesis que una DGC de *E. coli* ya caracterizada. Las cepas mutantes en los genes que codifican DGC verdaderas no presentan fenotipo en crecimiento y reducción de Fe(III), pero si en aglutinación, sugiriendo que la síntesis de c-di-GMP es un proceso importante en la producción de pili, citocromos y biopelícula.

Agradecimiento. CONACYT CB-255476.

Bibliografía.

1. Lovley DR, et al., (2011). *Adv Microb Physiol*. 59:1- 100.
2. Römling U, Galperin MY, Gomelsky M. (2013). *Microbiol Mol Biol Rev*. 77(1): 1-52.
3. Zhou K et al., (2016). *Scientific Reports*. 6, 20871. 4. Zamorano-Sánchez et al., (2019). *mBio.* 10:e00670- 19.

REDUCCIÓN DE Cr(VI) POR DIFERENTES CEPAS MUTANTES DE *Geobacter sulfurreducens*

Karen Leobarda Morales Ramírez, Katy Juárez, José Alberto Hernández-Eligio. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM. Av. Universidad 2001. Col. Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México.
alberto.hernandez@ibt.unam.mx

Palabras clave: reducción de Cr(VI), Geobacter sulfurreducens, citocromos tipo-c

Introducción. El Cr(VI) es un metal soluble altamente tóxico para los seres vivos; por otro lado, el Cr(III) es menos tóxico e insoluble a pH neutro, facilitando su inmovilización y su recuperación (1). *Geobacter sulfurreducens* lleva a cabo la reducción de varios metales por medio de mas de 100 proteínas citrocromos tipo-*c* y un pili conductivo (2). Reportes recientes muestran que *G. sulfurreducens* puede llevar a cabo la reducción desasimilatoria de Cr(VI) a Cr(III) en medio NBAF líquido anaerobio y, se propone que los citocromos tipo-*c* están involucrados en la reducción de Cr(VI) (3). En la colección de cepas del laboratorio se cuenta con mutantes en los genes *csrA* y *GSU1771* de *G. sulfurreducens* que presentan un incremento en la producción de citocromos y pili, por lo que son excelentes candidatas para ser evaluadas en cuanto a su capacidad de reducir Cr(VI) a Cr(III).

El objetivo de este trabajo fue caracterizar y cuantificar la capacidad de las cepas mutantes Δ*GSU1771* y Δ*csrA* de G. *sulfurreducens* de reducir Cr(VI) a Cr(III), con la finalidad de poder usarla en procesos de biorremediación.

Metodología. Se crecieron cultivos de *G. sulfurreducens* en medio NBAF (acetato-fumarato) líquido anaerobio (3), suplementado con diferentes concentraciones de Cr(VI) ($K_2Cr_2O_7$) (5-300 mg/L). El crecimiento celular se monitoreo por el cambio en la absorbancia (600nm). La reducción de Cr(VI) a Cr(III) se determinó por el método colorimétrico “difenilcabazida” (1). Se determinó el contenido de citocromos tipo-*c* por electroforesis de proteínas tipo SDS-PAGE y tinción hemo (4).

Resultados. Primero se determinó la resistencia y crecimiento de la cepa silvestre (WT) con diferentes concentraciones de Cr (VI) (5-300 mg/L). Se observó que la cepa WT solo crece con concentraciones ≥ 10 mg/L de Cr (VI). Con 5 mg/L de Cr (VI), la cepa WT muestra un mayor crecimiento que con 10 mg/L; sin embargo, no alcanza el mismo crecimiento que la cepa sin Cr(VI). Las cinéticas de reducción de Cr(VI) se realizaron en dos condiciones, la primera con baja densidad celular ($8x10^7$ células) y 10 mg/L de Cr(VI) en medio NBAF. La segunda condición con alta densidad celular ($3x10^8$ células crecidas previamente en NBAF), 30 mg/L de Cr(VI) en medio de reacción (4). Adicionalmente, se probó si la limitación de aceptor de electrones (fumarato) tiene un efecto positivo en la reducción de Cr(VI), por lo que se uso fumarato a 4 y 40 mM. La primera condición mostró que después de 2 horas de incubación, con 4 mM de fumarato, las cepas Δ*GSU1771* y Δ*csrA* redujeron el 90 y 88 % de Cr(VI), mientras que la cepa WT redujo 60%. Después de 6 horas de incubación las dos cepas mutantes redujeron el 100% del Cr(VI), mientras que la cepa WT requirió de 26 horas para reducir hasta un 95 % de Cr(VI). Con 40 mM de fumarato, las cinéticas de reducción de las cepas mutantes fueron similares que, usando 4 mM, solo que la cepa mutante Δ*GSU1771* redujo el 98 % de Cr(VI) en las primeras 2 horas de incubación. A las 6 horas de incubación, las dos cepas mutantes terminaron reducir el Cr(VI) remanente, mientras que la cepa WT necesito 26 horas para reducir el 95 % de Cr(VI). En la segunda condición se observó que las cepas Δ*GSU1771* y Δ*csrA* reducen hasta el 90 % y 100 % de Cr(VI) en las primeras 4 y 6 horas de incubación, mientras que la cepa WT reduce el 100 % de Cr(VI) después de 24 horas. *G. sulfurreducens* produce y secreta varios citocromos al medio extracelular. Para probar si el medio de cultivo usado tiene proteínas involucradas en la reducción de Cr(VI), éste se incubó con Cr(VI) (30 mg/L). Las cinéticas de reducción usando solo los medios de cultivo gastados, mostró que no hay reducción de Cr(VI). Finalmente, la tinción hemo reveló que el contenido de algunos citrocromos de alto peso molecular se incrementaron en las cepas mutantes comparadas a la cepa WT.

Conclusiones. Se determinó que las cepas mutantes Δ*GSU1771* y Δ*csrA* reducen Cr(VI) a Cr(III) mas rápido que la cepa WT. Se observó no se requiere una limitación de fumarato para acelerar la velocidad de reducción en medio NBAF y, que el medio de cultivo usado por *G. sulfurreducens*, no contiene proteínas involucradas en la reducción extracelular de Cr(VI). Finalmente, se propone que los citrocromos que se incrementaron en las cepas mutantes participan en la reducción de Cr(VI).

Agradecimiento. CONACYT CB-255476.

Bibliografía.

1. Lara-Figueroa P, Vega-Alvarado L, Sahonero Canavesi DX, Koene M, Villanueva L, Riveros-Mckay F, Moret E, Juarez K (2021) *Frontiers in Microbiol*. 12: 656589.
2. Lovley DR, et al., 2011. *Adv Microb Physiol*. 59:1- 100.
3.Elmeihy R, Shi X-C, Tremblay PL, Zhang T (2021) Chemosphere. 263: 128181.
4.Hernández-Eligio A, Pat-Espadas A, Vega-Alvarado L, Huerta-Amparán M, Cervantes FJ, Juáres K. Applied Micriob Biotechnol. 104: 4059-4069.

BIODEGRADACIÓN DE CLORPIRIFÓS Y SU EFECTO EN EL CRECIMIENTO *IN VITRO* DE *AZOTOBACTER VINELANDII* ATCC 12837

Victoria Conde-Avila[1], Luis Daniel Ortega-Martínez[1], Beatriz Pérez-Armendáriz[1], Octavio Loera[2], Carlos Peña[3]
[1]Facultad de Biotecnología, Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla, México. 13 Poniente No. 1927 Col. Barrio de Santiago, C.P.72410, Puebla, Pue. México. [2]Universidad Autónoma Metropolitana - Unidad Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco 186, Leyes de Reforma 1ra Secc. 09340 Ciudad de México, CDMX. [3]Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM. Apdo. Post. 510-3 Cuernavaca, 62250 Morelos, México.
carlos.pena@ibt.unam.mx

Palabras clave: degradación, plaguicida, rizobacteria

Introducción. Uno de los problemas ecotoxicológicos causados por el uso de plaguicidas organofosforados (OP) es el daño a los organismos no objetivo. Los plaguicidas pueden inhibir el crecimiento de microorganismos benéficos, como las rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (RPCV) (1). La evaluación de los efectos de OP como clorpirifós (CP) sobre las RPCV, es de interés debido a que organismos tolerantes podrían mantener sus actividades promotoras, establecerse en sitios contaminados o ser utilizados como agentes descontaminantes. *Azotobacter* spp. son eficientes como RPCV y han mostrado tolerancia a algunos plaguicidas (2). Si bien existen estudios sobre el papel de dicho género en la tolerancia y degradación de OP, la información sobre el efecto de CP en el crecimiento y la actividad respiratoria en organismos modelos como *A. vinelandii* es escasa. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de CP en el crecimiento y actividad respirométrica de *A. vinelandii* ATCC12837, así como su degradación *in vitro*.

Metodología. La cepa *A. vinelandii* ATCC12837 fue inoculada en matraces Erlenmeyer de 250 mL que contenían 50 mL de medio Burk-Sacarosa (BS) (3) con 0 y 500 ppm de clorpirifós (Clorver 480®). Se cultivó a 29º a 200 rpm. Se tomaron muestras independientes por triplicado cada 6, 12 o 24 h. Se determinó la tasa máxima de transferencia de O2 (OTRmax) y el cociente respiratorio (RQ) (4). Para evaluar el crecimiento se calculó el número de unidades formadoras de colonias (UFC mL^{-1}), la velocidad crecimiento (∝), biomasa y proteína total (3). La identificación y cuantificación de la concentración de CP en los sobrenadantes del crecimiento de *A. vinelandii* se realizó mediante UPLC/MSMS (5). Para el análisis estadístico se llevó a cabo un ANOVA con una prueba de comparación múltiple de Tuckey (p= 0.05).

Resultados. Respecto a la actividad respirométrica (Fig. 1), en ambos tratamientos hubo diferencias en la OTR en las primeras 12h de cultivo. En el medio BS+CP (Fig. 1 b), el aumento de la respiración hasta alcanzar la OTRmax fue más lento en comparación con el medio BS (Fig. 1 a). Sin embargo, los valores de OTRmax fueron mayores en el medio con CP (7.9 mmol L^{-1} h^{1}), lo que indicó notablemente una mayor actividad metabólica. Por otro lado, los valores medios de RQ para ambos tratamientos fueron superiores a 1, lo cual se relaciona a una condición de limitación de O2 que no difirió significativamente al adicionar el plaguicida.

Respeto al crecimiento, todos los parámetros resultaron mayores en el medio con CP a excepción de la ∝ (Tabla 1) dada la fase de adaptación en el medio con CP en las primeras horas de cultivo. Finalmente, la concentración de CP durante el crecimiento de la bacteria disminuyó gradualmente hasta las 60 h de cultivo (Fig. 2). La cepa degradó el 99.6 % de la concentración inicial del plaguicida en 60 h y eliminó la mitad de la concentración inicial del contaminante (DT50) en 6 h.

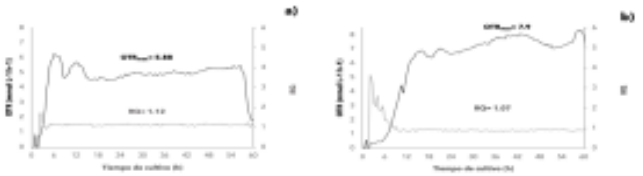


Fig. 1. Evolución de la tasa de transferencia de oxígeno (OTR) y del cociente de respiración (RQ) en cultivos de *A. vinelandii* crecido en medio BS (a) y BS+CP (b).

Tabla 1. Parámetros cinéticos y respirométricos de *A. vinelandii* cultivada en medio BS y BS+CP.

Medio	Velocidad específica de crecimiento (μ)	Biomasa (g L⁻¹)	Proteína total (mg mL⁻¹)	UFC mL⁻¹	OTR (mmol L⁻¹ h⁻¹)
BS	0.26	8.9 ± 0.1	1.82 ± 0.21	9 x10	5.88
BS+CP	0.26	10.4 ± 0.05	8.98 ± 0.18	1 x10	7.9

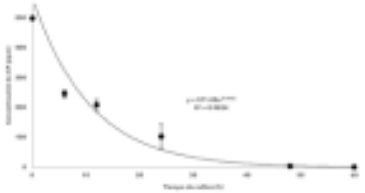


Fig. 2. Cinética de degradación de CP por *A. vinelandii* ATCC 12837 en medio BS+CP

Conclusiones. *A. vinelandii* ATCC 12837 creció en medio BS con CP (500 ppm) sin mostrar afectaciones en su actividad respiratoria y fue capaz de degradar el plaguicida en condiciones *in vitro*.

Bibliografía.

1. Walvekar V.A., et al. (2017). *Environ Sci Pollut Res.* 24: 17175–17186.
2. Chennappa G., et al. (2013). *World J Microbiol Biotechnol*. 30(1): 1–7.
3. Peña C.,et al. (1997). *Appl Microbiol Biotechnol.* 48: 510–515.
4. Gómez-Pazarín K., et al. (2015). *J Chem Technol Biotechnol*. 91(5): 1485–1492.
5. Qiao Z., et al. (2015). *Fa yi xue za zhi. 31*(2), 112–116.

ANÁLISIS DE LA RESONANCIA DE PLASMONES EN NANOPARTÍCULAS DE PLATA SINTETIZADAS POR VÍA ECOLÓGICA Y SU APLICACIÓN EN EL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL

Velázquez Hernández, Beatriz Guadalupe[1], Miguel Ángel Guzmán Altamirano[2], Ahuitzolt de Jesús Joaquín Ramos[1], Bernabé Rebollo Plata[2], Cristian Emanuel Barrio Garcia[2] y María Guadalupe Gómez Espinoza[3] TECNM-roque departamento de ingenierías, Celaya C.P 38110. [1]Departamento de ingenierías, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Roque, Roque, Celaya, Gto. Carretera Celaya-Juventino Rosas km 8, A. P. 508, C. P. 38110, [2]Departamento de Ing. Electrónica, Instituto Tecnológico superior de Irapuato. Carretera Irapuato - Silao km 12.5 Colonia El Copal, Irapuato, Guanajuato. CP 36821, México, [3]Departamento de Ingeniería Agroindustrial, Universidad Politécnica de Pénjamo. Carretera Irapuato-La piedad km 44, predio El Derramadero, Pénjamo, Guanajuato, CP 36921, México
16980571@itroque.edu.mx

Palabras clave: Síntesis verde, Nanoparticulas, tratamiento de agua residual

Introducción. La industria textil ha crecido considerablemente en los últimos tiempos, lo que provoca una gran preocupación ambiental debido a los colorantes desechados (1). Estos representan una fuente de contaminación, actualmente para su tratamiento se han incorporado el uso de nanoparticulas (NPs) las cuales, tienen aplicaciones en diferentes áreas, incluyendo la ambiental, sin embargo, los métodos físico y químico de síntesis producen residuos contaminantes o gasto exacerbante de energía, por lo cual el método verde representa una alternativa para ser amigable con el medio ambiente.
El objetivo del presente trabajo fue analizar la resonancia de plasmones en nanoparticulas de plata sintetizadas por vía ecológica y su aplicación en el tratamiento de agua residual.

Metodología. Material biológico deshidratado de *Croton draco*, se empleó para preparar un extracto etanólico. Posteriormente para la síntesis de NPs se empleó el método de Hernández M (2), para ello se Se colocaron 89 ml de H_2O destilada, 10 ml del extracto y 1ml de $AgNO_3$ 0.05 M en un matraz, se dejó en agitación suave durante 20 h protegiendo de la luz. Se analizó la resonancia de plasmones y se analizó mediante espectrometría UV-vis. La actividad fotocatalitica se realizó siguió el método de Pugazhendhi A (3), las NP se colocaron en 25 ml de colorante azul de metileno 10 mg/L en un tubo con NPs se agitaron a 25 RPM durante 30 min con la incidencia de luz UV y posterior se analizaron las muestras mediante espectrometría UV-vis.

Resultados. La síntesis de NPs se observó mediante el cambio de coloración durante la síntesis, en la figura 1 podemos observar la resoncia de plasmones característica de la síntesis de NPs y el espectograma característico de las AgNP. Posterior a la síntesis las Nps sintetizadas se emplearon para analizar su capacidad fotocatalitica usando como modelo una solución de azul de metileno, en la figura 2 podemos observar la perdida de coloración en el agua tratada con AgNPs y su espectograma, donde podemos visualizar que la solución control se encuentra saturada con el colorante, mientras que en la tratada con las NPs se pierde esta coloración. Por lo anterior proponemos que las AgNPs resultan ser un potencial para el tratamiento de agua residual, a su vez al ser sintetizadas por un método ecológico, representan un proceso amigable con el medio ambiente.

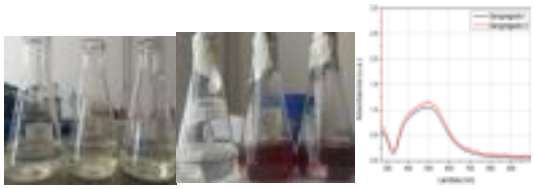


Fig. 1. Resonancia de plasmones posterior a la síntesis de AgNP y espectograma UV-vis.



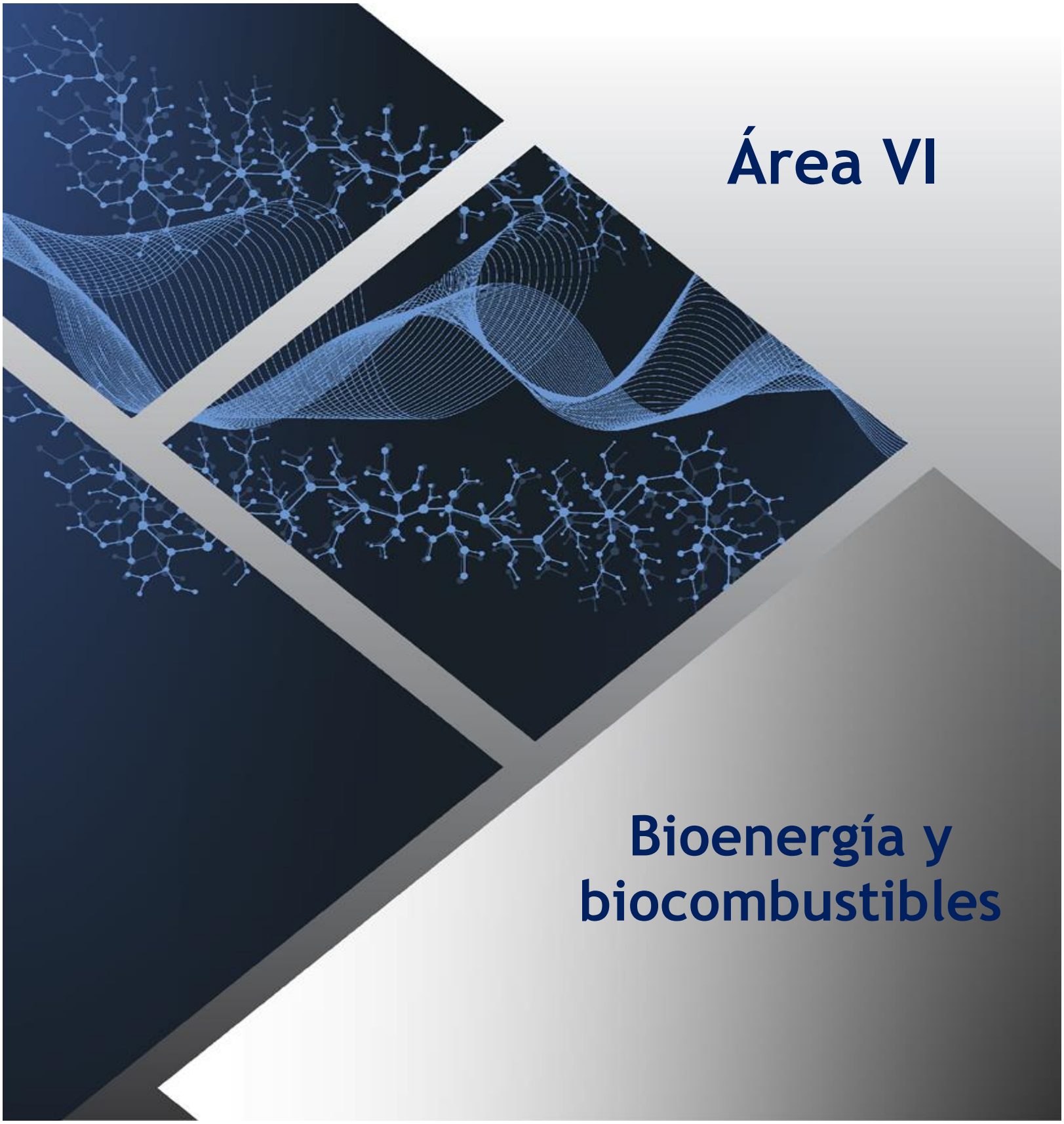
Fig. 2. Actividad fotocatalitica de AgNP y espectograma UV-vis.

Conclusiones. Se logró analizar la resonancia de plasmones en AgNPs sintetizadas por vía ecológica y su aplicación en el tratamiento de agua residual.

Agradecimiento. Al TECNM por el financiamiento del proyecto ITI6C753.

Bibliografía.

1. Shahzad A, Muhammad A, Rabbia A, Abdullah I, Yasir I, Syed M, Muhammad B, Faizan S. (2019). STE. Pag 670.
2. Hernández M. (2013). CIQA. Pag 14-15.
3. Pugazhendhi A, Prabhu R, Muruganantham K, Shanmuganathan R, Natarajan S. (2018). PP. Pag 6.



Área VI

Bioenergía y biocombustibles

Contenido

PRODUCCIÓN DE ENERGÍA EN UN REACTOR BIOELECTROQUÍMICO
Juana Rueda-Ramírez, Linda V. González, Fernando F. Rivera, Bibiana Cercado Quezada 240

EFECTO DE CATALIZADOR SOBRE LA GENERACIÓN DE ENERGÍA ELÉCTRICA A PARTIR DE AGUA RESIDUAL ACUÍCOLA Y UNA CELDA DE COMBUSTIBLE MICROBIANA ACOPLADA A UN HUMEDAL
Erika Calderón Torres, Ana Line Vázquez Larios, Paula Natalia Robledo Narváez, Beatriz Gutiérrez Rivera 241

PRODUCCIÓN DE HIDRÓGENO POR MEDIO DE FERMENTACIÓN OSCURA UTILIZANDO NEJAYOTE Y AQS INMOVILIZADO EN CARBÓN ACTIVADO
Miguel A. Batres Leos, Marina M. Atilano Camino, Alcione García González, Luis H. Álvarez Valencia, Daniel S. Olivo Alanís, Refugio B. García Reyes 242

REACTOR DE PARTICIÓN BIFÁSICO COMO ESTRATEGIA PARA MEJORAR LA PRODUCCIÓN DE H_2 Y ÁCIDOS CARBOXÍLICOS EN FERMENTACIÓN OSCURA
José de Jesús Montoya Rosales, Rodolfo Palomo Briones, Elías Razo Flores 243

FERMENTACIÓN EXTRACTIVA COMO ESTRATEGIA PARA INCREMENTAR LA CO-PRODUCCIÓN DE H_2 Y ÁC. CARBOXÍLICOS
P. Núñez-Valenzuela, C. Nieto-Delgado, J.R. Rangel-Méndez, A.V. Ontiveros-Valencia, E. Razo-Flores 244

HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA DEL BAGAZO DE AGAVE: EL ROL DE LOS DIFERENTES CARBOHIDRATOS EN LA PRODUCCIÓN DE HIDRÓGENO.
Paola Janet Delgado Espitia, José de Jesús Montoya Rosales, Rodolfo Palomo Briones, Elías Razo Flores 245

CO-DIGESTIÓN ANAEROBIA DE AGUA RESIDUAL PARA LA PRODUCCIÓN CONTINUA DE BIOHIDRÓGENO: EFECTO DE LA CONFIGURACIÓN DEL REACTOR ANAEROBIO DE FLUJO ASCENDENTE
Alejandra A. Casanova-Mina, Santiago Iván Suárez-Vázquez, Arquímedes Cruz-López, Juan Manuel Alfaro 246

VALORIZACIÓN DEL AGUA RESIDUAL DE LA INDUSTRIA ALIMENTICIA EMPLEANDO CONSORCIOS MICROBIANOS MIXTOS MEDIANTE FERMENTACIÓN OSCURA
Roberto Carlos Campos-Flores, Santiago Iván Suárez-Vázquez, Lirio Reyna-Gómez, Arquímedes Cruz-López 247

EVALUACIÓN DE LAS CONDICIONES DE PRETRATAMIENTO POR EXPLOSIÓN DE VAPOR E HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA DE BAGAZO DE AGAVE PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOMETANO
Verónica Duran-Cruz, Sergio Hernández, Irmene Ortiz 248

POTENCIAL DE LA BIOMASA DE *Agave salmiana* PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL
Alonso Guadalupe Hernández Mendoza, Sergio Martínez Hernández, Héctor Arturo Ruiz Leza, Angel Isauro Ortiz Ceballos, Alejandro Antonio Castro Luna, Magdiel Láinez González. 249

INTERACCIONES MICROBIANAS EN DIGESTORES AnSBBR HIDROGENOGÉNICOS ALIMENTADOS CON VINAZAS TEQUILERAS EN CO-DIGESTIÓN CON HIDROLIZADOS ÁCIDOS DE BAGAZO TEQUILERO
Raúl Snell Castro, José Eduardo Gabriel Barajas, Jorge Arreola Vargas, Alma Toledo Cervantes, Hugo Oscar Méndez Acosta y Juan Carlos Rivera González 250

PRODUCCIÓN DE METANO ASISTIDA ELECTROQUÍMICAMENTE EN UN REACTOR ANAEROBIO DE FLUJO ASCENDENTE
Víctor H. Tlapalcoyoa, Ignacio González, Germán Buitrón 251

GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UNA CEPA DE *Saccharomyces cerevisiae* TOLERANTE A ESTRÉS POR TEMPERATURA, PH Y ÁCIDO ACÉTICO
Salas Navarrete Prisciluis Caheri, Montes de Oca Miranda Arturo, Rosas Santiago Paul, Hernández Chávez Georgina, Martínez Jimenez Alfredo y Caspeta Guadarrama Luis 252

EXCLUSIÓN COMPETITIVA EJECUTADA POR BACTERIAS ACIDOLÁCTICAS CONTRA CLOSTRIDIALES DURANTE LA PRODUCCIÓN DE H_2 EN UN DIGESTOR TIPO CSTR ALIMENTADO CON VINAZAS TEQUILERAS
Raúl Snell Castro, Alma Toledo Cervantes, Hugo Oscar Méndez Acosta, Jorge Arreola Vargas, José Eduardo Gabriel Barajas y Mariana Nohely Aguilar Mota 253

PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE BAGAZO DESLIGNIFICADO CON EL PRETRATAMIENTO DE ORGANOSOL V ALCALINO
Meza-Maytorena Lilia Chizelt, Ruiz-Leza Héctor Arturo, Razo-Flores, Elías, Alatriste-Mondragón Felipe 254

FERMENTACIÓN DE HIDROLIZADOS LIGNOCELULÓSICOS DE *Agave salmiana* MEDIANTE DOS CEPAS TERMOTOLERANTES PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL
Moisés Santiago Gómez, Sergio Martínez Hernández 255

EVALUACIÓN TEÓRICA DE LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL A PARTIR DE RESIDUOS GENERADOS EN EL PROCESO Y CONSUMO DE CAFÉ
Pérez-Montoya Luz Mariana, López-Pérez Pablo Antonio, Navarro-Sotelo Perla Xochitl, Bañuelos-Barrón Cecilia 256

PRODUCCIÓN DE BIOGÁS Y RECUPERACIÓN DE MICROCELULOSA A PARTIR DE BAGAZO DE AGAVE DENTRO DE UN CONCEPTO DE BIORREFINERÍA.
Dendera Munguía-Aguilar; Elías Razo-Flores; Héctor Arturo Ruiz-Leza; Cesar Nieto-Delgado; Edith Marleny Camarena-Chamorro; Felipe Alatriste-Mondragón 257

CARACTERIZACIÓN DE LA HIDRÓLISIS QUÍMICA Y ENZIMÁTICA DEL TALLO DE AMARANTO PARA LA OBTENCIÓN DE AZÚCARES FERMENTABLES
Ana Maria Garcia, Agustín Mora, Ernesto Enciso, Maria Belem Arce 258

PRODUCCIÓN DE ETANOL A PARTIR DE SACARIFICADOS DE BAGACILLO DE CAÑA USANDO *S. cerevisiae RP*2-BGL.
Connie Marisol Chávez Rodríguez, Teresa Ponce Noyola, Ana C. Ramos Valdivia, Héctor M. Poggi Varaldo 259

HIDRÓLISIS QUÍMICA DE LA SEMILLA DE AGUACATE Y SU USO POTENCIAL PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL
Luis Caballero, Alejandra Vargas-Tah, Agustín Castro 260

PRODUCCIÓN DE BIOETANOL A PARTIR DE LA SEMILLA DE AGUACATE UTILIZANDO *Saccharomyces cerevisiae*
Luis Caballero, Alejandra Vargas-Tah, Agustín Castro 261

CARACTERIZACIÓN CINÉTICA DE *Chlorella vulgaris* CF. EN UNA COLUMNA TIPO AIRLIFT
Elisa Leonor García Cruz, Gustavo Alberto Núñez Alvares, Armando González Sánchez y Wenceslao Cuauhtémoc Bonilla Blancas 262

PRODUCCIÓN DE ENERGÍA EN UN REACTOR BIOELECTROQUÍMICO

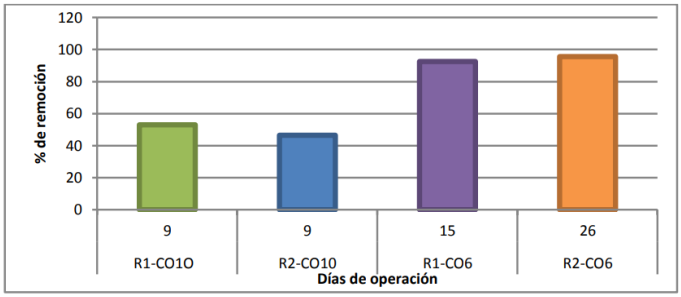
Juana Rueda-Ramírez, Linda V. González, Fernando F. Rivera, Bibiana Cercado Quezada, Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Electroquímica S.C. Pedro Escobedo, Querétaro, CP:76703
jrueda@cideteq.mx

Palabras clave: celda de electrolisis microbiana, técnicas electroquímicas, densidad de corriente

Introducción. El incremento de la población demográfica y las industrias han causado un aumento de la demanda de agua, y esto a su vez, la contaminación de ríos y lagos. Actualmente existen distintos tipos de tratamientos de aguas residuales, una de las opciones es el tratamiento de agua vía sistemas bioelectroquímicos dentro de estos se encuentran las celdas de electrólisis microbianas (MECs). En las MECs los microorganismos colonizan el ánodo y oxidan la materia orgánica a CO_2, electrones y protones como parte de su metabolismo. Posteriormente ocurre el transporte de electrones de la célula microbiana hacia el ánodo, donde se transfieren a través de un circuito externo hasta llegar al cátodo donde ocurre la reducción del CO_2 y protones para la formación de biogás (1). El objetivo general de este trabajo es degradar la mayor cantidad de materia orgánica y obtener la máxima producción de corriente mediante la operación de un reactor bioelectroquímico de una cámara con diferentes concentraciones de DQO.

Metodología. Se utilizó un reactor de una cámara con capacidad de 1 L. El ánodo y cátodo empleado fueron fieltro de carbón y malla de acero inoxidable, el electrodo de referencia fue Ag/AgCl. El substrato/inóculo empleado fue lixiviado de composta al que se le adicionaron diferentes concentraciones de lactosa medida como DQO (6, 8 y 10 g L^{-1}), evaluándose cada concentración por duplicado. Se empleó un potencial fijo de 0.05 V mediante un potenciostato. El reactor fue caracterizado mediante técnicas fisicoquímicas y electroquímicas para evaluar su desempeño.

Resultados. Los análisis fisicoquímicos realizados al inicio y final del experimento mostraron que hubo una eficiente degradación del substrato. Se observó que el pH inicial en los experimentos disminuyó a través del tiempo manteniéndose en valores cercanos a la neutralidad. La conductividad incrementó, lo que representa un incremento en la movilidad de iones dando como resultado una disminución en la resistencia interna del sistema. En la figura 1 se observa el porcentaje de remoción de la DQO con las mezclas evaluadas y los respectivos días de operación.



R= repetición (1, 2) y CO= concentración (6, 8 y 10) g L^{-1}

Figura 1. Remoción de la demanda química de oxígeno a diferentes concentraciones iniciales del substrato.

Todos los experimentos presentaron cambios en los parámetros por lo que hubo crecimiento de la biopelícula en el ánodo. Se espera que a mayor remoción de DQO exista mayor generación de corriente; en la figura 2 se observa que la mayor generación de corriente se obtuvo en la mezcla R2-CO6 y fue la que presentó un mayor porcentaje de remoción de DQO. Sin embargo la R1- CO6 no mostró el mismo comportamiento estando en las mismas condiciones experimentales posiblemente por contaminación de hongos.

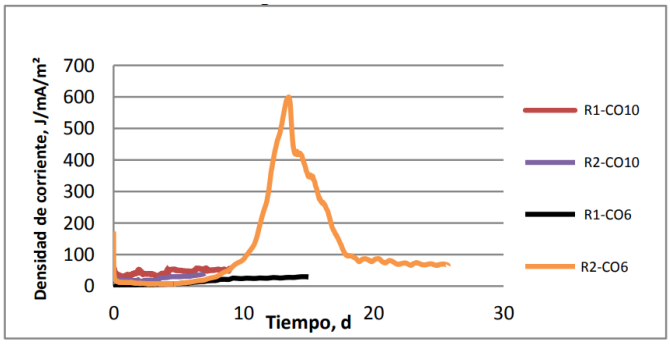


Figura 2. Densidad de corriente usando diferentes concentraciones DQO con un voltaje aplicado de 0.05 V

Conclusiones. Todas las mezclas probadas generan corriente sin embargo se observó que a mayor concentración de DQO menor generación de corriente por lo que debe considerarse un valor óptimo en la concentración de DQO para el desempeño del sistema.

Agradecimiento. A CONACYT-SENER-FSE (247006) por la beca otorgada a lo largo del proyecto.

Bibliografía.

(1) Liao Q, Chang J.-s, Herrmann C., & Xia A. (2018). Biofuel Production from Bioelectrochemical Systems. In Bioreactors for Microbial Biomass and Energy Conversion Singapore, Springer, pp. 435- 461.

EFECTO DE CATALIZADOR SOBRE LA GENERACIÓN DE ENERGÍA ELÉCTRICA A PARTIR DE AGUA RESIDUAL ACUÍCOLA Y UNA CELDA DE COMBUSTIBLE MICROBIANA ACOPLADA A UN HUMEDAL.

Erika Calderón Torres, Ana Line Vázquez Larios, Paula Natalia Robledo Narváez, Beatriz Gutiérrez Rivera Instituto Tecnológico Nacional de México/ITS de Tierra Blanca/ Tierra Blanca, Veracruz, México. C.P. 95180
ericaldt33@gmail.com.

Palabras clave: bioelectricidad, curva de polarización, remoción de materia orgánica

Introducción. Las celdas de combustible microbianas han sido usadas como sistemas de tratamiento de aguas residuales y producción de bioenergía, se ha demostrado que al acoplarlas a un humedal la remoción de contaminantes y la producción de bioenergía incrementan[(1)], por lo que son una tecnología emergente para ser estudiada con aguas residuales acuícolas. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto del uso de Pt como catalizador en el cátodo de una celda de combustible microbiana acoplada a un humedal para el tratamiento de agua residual de Tilapia.

Metodología. Se construyeron dos celdas de combustible microbianas acopladas a un humedal (CCMs-H), con electrodos de tela de carbón Toray cubiertos con malla de acero inoxidable, la combinación de cada celda fue: cátodo cubierto con 0.5 mg Pt/cm^2 (C1-PtMC) como catalizador y cátodo sin catalizador (C2-MC). Las CCMs-H fueron caracterizadas por curva de polarización (2). Posteriormente las celdas fueron operadas con agua residual de Tilapia durante 7 d con una resistencia externa de 1000 Ω.

Resultados. Se construyeron las CCMs-H con una configuración horizontal y un volumen de operación de 3 L, se utilizó *Schoenoplectus californicus* como planta de humedal. La densidad de potencia máxima (P_{An-max}) se obtuvo en la C1-PtMC de 3.375 mW/m^2 este valor fue aproximadamente 82% mayor al obtenido en la C2-MC en la curva de polarización (Fig. 1), el porcentaje de remoción de DQO al final del experimento fue de 54.3 % en C1-PtMC y 56.7 % en C2-MC, la conductividad, pH y temperatura se mantuvo prácticamente constante en cada experimento. El desempeño de la operación en lote de las celdas se muestra en la Fig. 2, se logró obtener un potencial máximo a circuito cerrado ($E_{máx-CC}$) de 152.08 mV para C1-PtMC (64.9 % mayor a la de C2-MC) y una P_{An-max} de 10.83 mW/m^2 (87.7 % mayor a la de C2-MC).

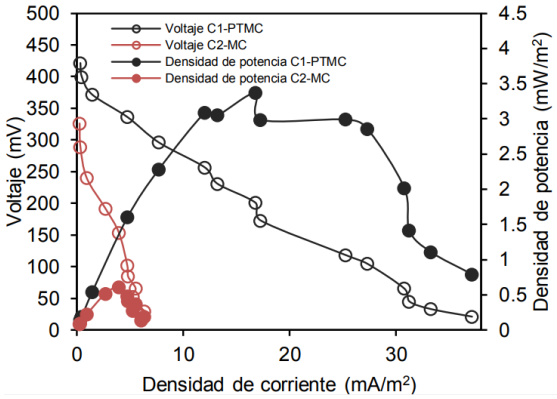


Fig. 1. Curva de polarización

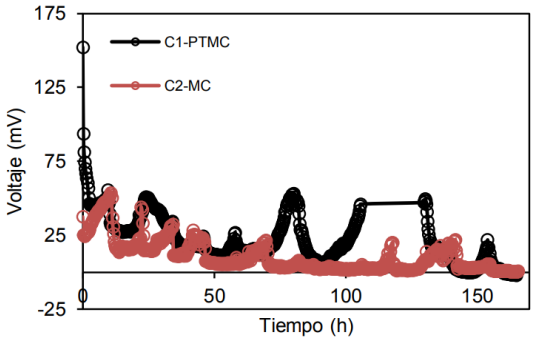


Fig. 2. Desempeño de las celdas

Conclusión. El uso de Pt como catalizador en el cátodo aumento la producción de bioelectricidad en la celda mostrando un mejor desempeño en comparación con la celda sin el catalizador. La aplicación de una CCM-H puede ser aplicado como tratamiento para agua residual de Tilapia.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada Calderón-Torres (1006618) y al TecNM por el apoyo financiero para este proyecto.

Bibliografía.

1. Kabutey, F. T., Zhao, Q., Wei, L., Ding, J., Antwi, P., Quashie, F. K., Wang, W. (2019). Renewable Sustainable Energy Rev. 110, 402-414. 2. Logan, E., Hamelers, B., Rozendal, R., Schröder, U., Keller, J., Freguia, S., Aelterman, P., Verstraete, W., Rabaey, K. (2006). Environ. Sci. Technol. 40, 5181–5192.

PRODUCCIÓN DE HIDRÓGENO POR MEDIO DE FERMENTACIÓN OSCURA UTILIZANDO NEJAYOTE Y AQS INMOVILIZADO EN CARBÓN ACTIVADO

Miguel A. Batres Leos[1], Marina M. Atilano Camino[1], Alcione García González[1], Luis H. Álvarez Valencia[2], Daniel S. Olivo Alanís[1], Refugio B. García Reyes[1]

[1]Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL), Facultad de Ciencias Químicas, Departamento de Ingeniería Química, Av. Universidad S/N, Cd. Universitaria, C.P. 66455, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México [2]Instituto Tecnológico de Sonora (ITSON), Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, 5 de Febrero 818 Sur, C.P. 85000 Ciudad Obregón, Sonora, México

refugio.garciary@uanl.edu.mx

***Palabras clave**:* Antraquinona-2-sulfonato (AQS), *nejayote, fermentación oscura*

Introducción. La fermentación oscura de sustratos biodegradables, residuos o efluentes agroindustriales ha sido ampliamente estudiada para la producción de hidrógeno[(1-2)]. Varias estrategias para aumentar su eficiencia han sido evaluadas, por ejemplo, el uso de mediadores redox ha demostrado resultados prometedores[(1)] . No obstante, dichos aditivos deben inmovilizarse covalentemente para reducir costos y facilitar su reuso. El objetivo de esta investigación fue evaluar la producción de biohidrógeno a partir de la fermentación oscura utilizando nejayote como sustrato, y adicionando antraquinona-2-sulfonato (AQS) inmovilizada en carbón activado granular (CAG).

Metodología.

Inmovilización de AQS. Para la inmovilización del AQS en CAG se siguió el procedimiento reportado por Álvarez et al. (2017)[(3)]. Enseguida, se realizaron ciclos de desorción del AQS-CAG utilizando el medio de cultivo P2 reportado por Valentín et al. (2018)[(2)] a 37°C y 150 rpm. La concentración de AQS inicial y final en la solución fue determinada por espectrofotometría de UV-VIS a 325 nm.

Pruebas de producción de hidrógeno. Se realizaron cuatro experimentos de fermentación a 37°C con 1 g/L de sólidos volátiles de lodo anaerobio tratado térmicamente. El primero y segundo con 3 g/L de dextrosa en 80 mL de medio P2 con y sin mediador redox, mientras que el tercero y cuarto con 80 mL de nejayote con y sin mediador redox a 500 μg/L de AQS. Se determinó el volumen de hidrógeno con una columna de desplazamiento de NaOH y los resultados se ajustaron con el modelo de Gompertz modificado.

Resultados y discusión

Adsorción y desorción. La capacidad de adsorción de AQS en CAG alcanzó 155.02 mg/g, la cual permaneció constante después de tres ciclos de desorción (Fig. 1) y es evidencia del anclaje covalente del AQS en CAG.

Producción de hidrógeno. Las cinéticas de producción de hidrógeno (Fig. 2) muestran un aumento en la producción máxima de hidrógeno (≈4%) y una reducción en la fase lag (10-30%) para los experimentos con AQS-CAG en comparación con la prueba control sin mediador redox.

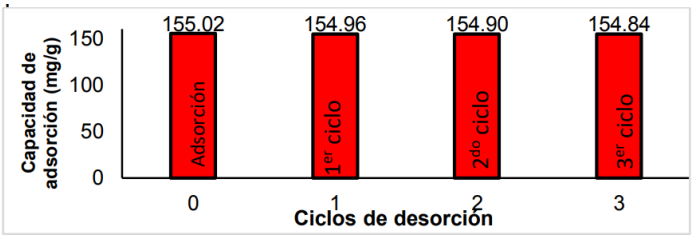


Fig. 1. Capacidad de adsorción de antraquinona-2-sulfonato (AQS) en carbón activado granular (CAG) antes y después de cada ciclo de desorción.

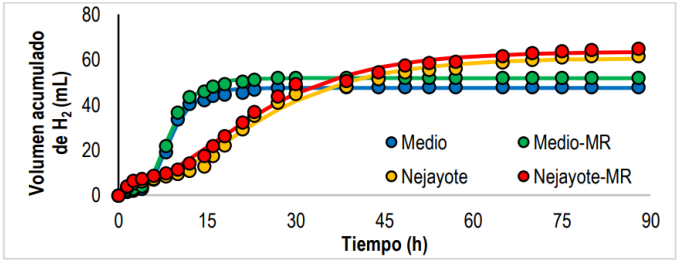


Fig. 2. Cinéticas de producción de hidrógeno usando dextrosa y nejayote como sustrato a 37°C. Los puntos representan datos experimentales y la línea continua el modelo de Gompertz modificado

Conclusiones. La adición de AQS-CAG en un proceso de fermentación oscura es una alternativa viable para aumentar la eficiencia de producción de hidrógeno usando nejayote como sustrato, lo cual resulta prometedor para futuras aplicaciones reales.

Agradecimientos. M. A. Batres Leos agradece a CONACyT por la beca otorgada. Todos los autores agradecen a la Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL) por el apoyo financiero (PAICYT-IT1300-20) y la Facultad de Ciencias Químicas por la infraestructura para realizar esta investigación.

Bibliografía

1. Atilano M., Luévano C., García A., Olivo D., Álvarez L., García R. (2020) Bioresour. Technol. 317(123981).
2. Valentín J., García R., García A., Álvarez L., Rivas P., Cerino F. (2018) Int. J. Hydrog. Energy 43(37), 17602-17610.
3. Alvarez L., Arvizu I., García R., Martinez C., Olivo D., del Angel Y. (2017), J. Hazard. Mater. 338, 233–240

REACTOR DE PARTICIÓN BIFÁSICO COMO ESTRATEGIA PARA MEJORAR LA PRODUCCIÓN DE H_2 Y ÁCIDOS CARBOXÍLICOS EN FERMENTACIÓN OSCURA

José de Jesús Montoya Rosales, Rodolfo Palomo Briones, Elías Razo Flores. Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica A.C. División de Ciencias Ambientales. San Luis Potosí, SLP. 78216.
jose.montoya@ipicyt.edu.mx.

Palabras clave: fermentación oscura, fase orgánica, reactor de partición.

Introducción. La fermentación oscura se ha posicionado como la biotecnología más importante para producir hidrógeno (H_2). En reactores continuos, las velocidades volumétricas de producción de H_2 (VVPH) se correlacionan positivamente con la carga orgánica de sustrato alimentado. Sin embargo, a cargas orgánicas volumétricas (COV) >140 g de azúcares totales (AT)/L-d se tiene una caída en la producción de H_2 (1), lo cuál se puede deber a la acumulación de H_2 y CO_2 disuelto en el medio de fermentación, causando la inhibición de las bacterias productoras de H2 (2). Una estrategia para reducir la acumulación de H_2 y CO_2 en el medio de fermentación, es emplear procesos de partición bifásico, que consiste en la adición de una fase orgánica capaz de absorber gases disueltos en el medio de fermentación. De esta manera, la fase orgánica puede mejorar la transferencia de H_2 y CO_2 del medio de fermentación a la fase gaseosa, y evitar con esto la inhibición de las bacterias fermentativas. No obstante, se desconocen las implicaciones que la adición de una fase orgánica puede tener sobre la producción de H_2. Por lo anterior, el presente trabajo tiene como objetivo implementar un reactor de partición bifásico para favorecer la producción de H_2 y ácidos carboxílicos, y estudiar su efecto en las comunidades microbianas.

Metodología. Se empleó un reactor continuo de tanque agitado (CSTR, por sus siglas en inglés) con un volumen de trabajo de 1 L, utilizando suero de leche como sustrato. Se evaluaron dos distintas COV con y sin fase orgánica: 60 y 138 g AT/L-d. Se utilizó como fase orgánica aceite de silicona y se adicionó al CSTR a una proporción 10% v/v. Durante la operación del CSTR, se determinaron las concentraciones de ácidos carboxílicos, la velocidad de producción de gas y la concentración de H2 siguiendo los métodos descritos previamente (1). Finalmente, se determinaron las abundancias relativas de los principales microorganismos en el CSTR, mediante la secuenciación masiva del gen 16S ARNr (1).

Resultados. El reactor CSTR operó exitosamente por 34 días. En la Tabla 1 se presentan los resultados de la producción de H_2, donde se puede observar que en ambas COV se tiene un efecto positivo del uso de aceite de silicona como fase orgánica. En específico, se tuvo un incremento en las productividades de H_2 del 29% y 13% en las COV de 60 y 138 g lactosa/L-d, respectivamente. Con respecto a la producción de ácidos carboxílicos se observó de igual forma un incremento de las concentraciones de acetato (entre 38% y 66%) y butirato (aproximadamente 13%) en las COV con aceite de silicona.

Tabla 1. Resumen de los estados estables de producción de H2 y ácidos carboxílicos del CSTR.

COV (g AT/L-d)	VVPH (L H_2/L-d)	Ácidos carboxílicos (g/L)		
		Acetato	Butirato	Lactato
60	6.4 ± 0.8	3.7 ± 0.3	8.3 ± 0.6	0
60*	8.3 ± 0.6	5.5 ± 0.4	9.4 ± 0.3	0
138	23.8 ± 0.7	6.3 ± 0.7	10.7 ± 0.7	9.6 ± 0.4
138*	26.9 ± 0.5	8.7 ± 0.6	12.1 ± 0.5	10.3 ± 0.3

*Periodos con aceite de silicona 10% v/v

El estudio de comunidades microbianas en el CSTR mostró que en la COV de 60 g AT/L-d más del 97% de la abundancia relativa estuvo representada por bacterias productoras de H_2 (género *Clostridium* y *Klebsiella*). Por otro lado, en la COV de 138 g AT/L-d, se observó un codominio entre las bacterias productoras de H_2 y las bacterias ácido-lácticas (*Lactobacillus y Sporolactobacillus*). Estos resultados sugieren que solamente el cambio de COV genera una alta presión en la selección de la distribución de las comunidades microbianas en el CSTR.

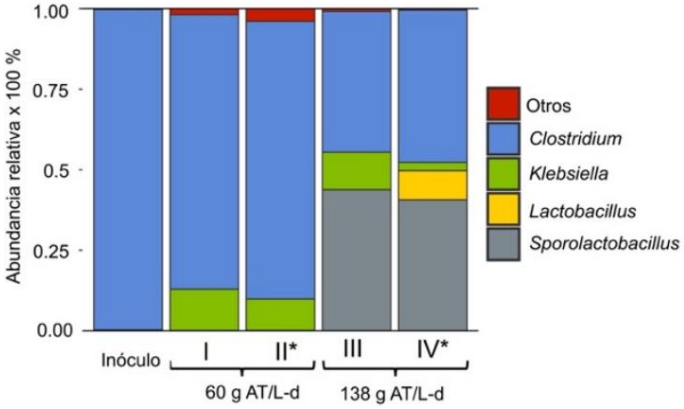


Fig. 1. Perfiles de las comunidades microbianas obtenidos de la operación del CSTR. *Etapas con aceite de silicona 10% v/v.

Conclusiones. Esta investigación mostró que la implementación de reactores bifásicos es una opción viable para incrementar la producción de H_2 y ácidos carboxílicos en sistemas de fermentación oscura operados a altas COV.

Agradecimiento. Esta investigación fue financiada por CONACYT, proyecto A1-S-37174.

Bibliografía.

(1) Montoya-Rosales J. J., Palomo-Briones R., Celis L.B., Etchebehere C., Razo-Flores E. (2020) Int J Hydrogen Energy; 45: 17260–9. (2) B. Chezeau, J.P. Fontaine, C. Vial. (2019) Chem. Eng. J.; 372: 715–727.

FERMENTACIÓN EXTRACTIVA COMO ESTRATEGIA PARA INCREMENTAR LA CO-PRODUCCIÓN DE H_2 Y ÁC. CARBOXÍLICOS

P. Núñez-Valenzuela, C. Nieto-Delgado, J.R. Rangel-Méndez, A.V. Ontiveros-Valencia, E. Razo-Flores División de Ciencias Ambientales, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica A.C., San Luis Potosí, SLP, 78216.
Autor responsable: paulina.nunez@ipicyt.edu.mx

Palabras clave: ácidos carboxílicos, intercambio iónico, fermentación oscura.

Introducción. Dentro de la fermentación oscura la inhibición por acumulación de productos (ácidos carboxílicos e hidrógeno) impide aproximarse a los rendimientos teóricos de producción de H_2 (1). En este aspecto, estudios demuestran (2,3) que la extracción de los ác. carboxílicos a la par que estos se generan puede disminuir su concentración en el medio de fermentación e incrementar el volumen de H_2 y la productividad de los ác. carboxílicos generados. Para realizar la extracción se han utilizado resinas de intercambio iónico dentro de reactores productores de H_2 en lote (3), así como en tanques agitados acoplados al fermentador (4); obteniendo resultados positivos en ambos estudios. Los ác. carboxílicos ionizados se unen al grupo funcional de la resina de intercambio iónico, en consecuencia, la concentración de ác. carboxílicos en el medio de cultivo disminuye, amortiguando los procesos celulares de inhibición por producto. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la fermentación extractiva como método para la mejora de la producción en lote de H_2 y de ác. carboxílicos por fermentación oscura, utilizando una columna empacada con una resina de intercambio aniónico de base débil.

Metodología. Se operó un reactor de tanque agitado en lote adaptando condiciones establecidas (5), con 15 $g_{lactosa}$/L como concentración inicial de suero de leche. Se acopló al reactor una columna empacada con la resina Purolite A110, trabajando con un tiempo de contacto de cama vacía de 30 min durante la fase exponencial de fermentación y recirculando el efluente tratado al reactor. La producción de H_2, azúcares totales y ác. carboxílicos fueron cuantificados por metodologías previamente reportadas (5). Finalmente, el modelo modificado de Gompertz fue ajustado a la cinética de producción de H_2.

Resultados. La figura 1 muestra la cinética de producción de H_2 con extracción simultanea de ác. carboxílicos mediante el uso de una columna de intercambio iónico y un experimento de control sin extracción. Al remover los ác. carboxílicos del medio de fermentación el volumen de H_2 generado aumenta en un 15.2% mientras que la velocidad máxima de producción de H_2 (R_{max}) incrementa en un 21.4% en comparación con el experimento de control. Por otra parte, la fase de latencia (λ) se reduce a 7.2 h. El porcentaje de remoción de sustrato en ambos casos fue del 98%, sin embargo, al extraer los ác. carboxílicos los rendimientos molares de acetato y butirato aumentaron en un 62 y 71.2 % respectivamente. Los resultados anteriores sugieren que la extracción de ác. carboxílicos mitiga los procesos celulares de inhibición por producto.

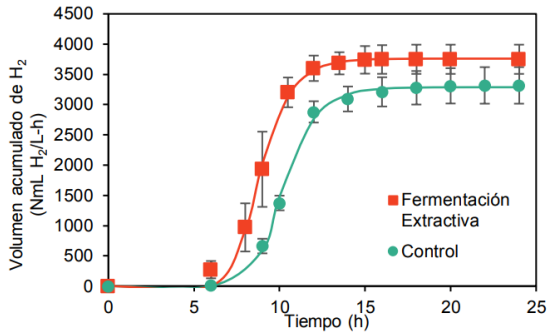


Fig. 1. Cinética de producción de H_2 con extracción simultanea de ác. carboxílicos, los marcadores indican los puntos experimentales mientras que las líneas muestran el modelo modificado de Gompertz ajustado a la cinética

Tabla 1. Parámetros obtenidos con el modelo modificado de Gompertz y rendimientos molares correspondientes a la cinética de producción de H_2 con extracción simultanea de ác. carboxílicos.

Experimento	H_{max} (NmL H_2/L)	R_{max} (NmL H_2/h-L)	λ (h)	RMH (mol H_2/mol hexosa)	RMA (mol acetato/ mol hexosa)	RML (mol lactato/ mol hexosa)	RMB (mol butirato/ mol hexosa)
Control (sin extracción)	3289 ± 279	922 ± 13	8.4 ± 0.2	1.8 ± 0.2	0.5 ± 0.0	0.05 ± 0.0	0.6 ± 0.0
Fermentación extractiva	3763 ± 229	1121 ± 47	7.2 ± 0.6	2.1 ± 0.1	0.8 ± 0.1	N.D.	1.0 ± 0.2

RMH: Rendimiento molar de H2; RMA: Rendimiento molar de acetato; RML: Rendimiento molar de lactato; RMB: Rendimiento molar de Butirato; N.D.: No detectado

Conclusiones. La extracción de ác. carboxílicos utilizando una columna de intercambio iónico se vislumbra como una alternativa prometedora para mejorar el desempeño de la fermentación oscura. Futuras investigaciones deberán abordar que rutas metabólicas de la fermentación oscura resultan favorecidas por la extracción a través de intercambio iónico y posteriormente llevar el sistema a un reactor de tanque agitado en continuo

Agradecimiento. Fondo sectorial SEP-CONACYT A1-S37174.

Bibliografía.

1. Bundhoo M.A.Z., Mohee R. (2016) Int J Hydrogen Energy;41: 6713–33.
2. Redwood M.D., Orozco R.L., Majewski A.J., Macaskie L.E. (2012) Bioresour Technol; 119: 384–92
3. Kidanu W.G., Trang P.T., Yoon H.H. (2017) Biotechnol Bioprocess Eng; 22: 612–9.
4. Karekar S.C, Srinivas K, Ahring BK. Bioresour Technol Reports 2020;12:100568.
5. Montoya-Rosales J. J., Palomo-Briones R., Celis L.B., Etchebehere C., Razo-Flores E. (2020) Int J Hydrogen Energy; 45: 17260–9.

HIDROLISIS ENZIMATICA DEL BAGAZO DE AGAVE: EL ROL DE LOS DIFERENTES CARBOHIDRATOS EN LA PRODUCCIÓN DE HIDROGENO.

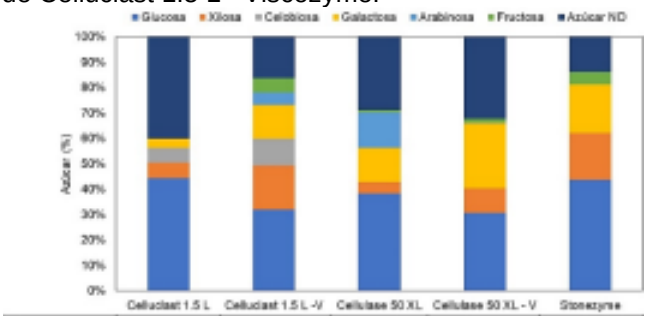
Paola Janet Delgado Espitia, José de Jesús Montoya Rosales, Rodolfo Palomo Briones, Elías Razo Flores. Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica A.C., División de Ciencias Ambientales, San Luis Potosí, SLP. 78216.
paola.delgado@ipicyt.edu.mx

Palabras clave: biohidrógeno, hidrólisis enzimática, carbohidratos.

Introducción. La fermentación oscura es un proceso anaerobio que tiene la capacidad de generar hidrógeno (H_2) a partir de diferentes materias primas ricas en carbohidratos, por lo que este método biológico tiene la ventaja de emplear una amplia variedad de sustratos. El bagazo de agave posee un gran potencial para la producción de H_2 dado su alto contenido de azúcares, que pueden ser liberados a través de una hidrólisis enzimática (1)**.** La efectividad de este proceso se determina frecuentemente por la cantidad de azúcares liberados; sin embargo, una alta concentración de azúcares no es equivalente a una alta producción de H_2 (2). La variedad de azúcares liberados durante la hidrólisis enzimática tiene una influencia directa en la eficiencia de producción de H_2 ya que el tipo de azúcar definirá que rutas metabólicas se verán favorecidas y que microorganismos se desarrollarán en el sistema. De esta manera, el presente trabajo tiene como objetivo evaluar la contribución de los principales carbohidratos presentes en cinco hidrolizados enzimáticos obtenidos a partir del bagazo de agave en la producción de H_2 y su efecto en la evolución de la comunidad microbiana.

Metodología. Las hidrólisis enzimáticas del bagazo de agave se llevaron a cabo utilizando la metodología establecida previamente (2). Se evaluó de forma individual Stonezyme, Celluclast 1.5 L y Cellulase 50 XL. A su vez, estas dos últimas fueron probadas empleando a Viscozyme como enzima accesoria. Posteriormente se realizó una caracterización en función de azúcares de los hidrolizados. De igual forma, se evaluó el potencial de producción de H_2 de cada hidrolizado tomandoen cuenta la metodología establecida en el protocolo de producción especifica de hidrógeno emitido por la Red Latinoamericana de Biohidrógeno (3). La caracterización de las comunidades microbianas en la producción de H_2 se llevó a cabo mediante la extracción y secuenciación del gen 16S-ARNr.

Resultados. En la Figura 1 se observa que al emplear Viscozyme como enzima accesoria se presenta un aumento en los azúcares que se encuentran principalmente en la fracción de hemicelulosa (xilosa, galactosa y fructosa). Este incremento es debido principalmente a que Viscozyme se ha establecido previamente como una enzima con actividad hemicelulolítica (4). En cuanto a la producción de H_2 y los parámetros cinéticos, Celluclast 1.5 L–Viscozyme, es el hidrolizado con el que se obtiene tanto el mayor volumen acumulado de H_2 (Hmax) como la mayor velocidad volumétrica de producción de H_2 (VVPH). Mientras que Stonezyme es el hidrolizado que obtiene los menores valores de Hmax a pesar de tener una composición similar a la de Celluclast 1.5 L– Viscozyme.



	Celluclast 1.5 L	Celluclast 1.5 L -V	Cellulase 50 XL	Cellulase 50 XL - V	Stonezyme
AT(gL)	7.70 ± 0.43	16.82 ± 0.04	17.27 ± 0.21	19.09 ± 0.38	17.75 ± 0.38
Hmax (L H_2/L)	1.87 ± 0.10	1.69 ± 0.09	1.31 ± 0.13	1.42 ± 0.06	1.02 ± 0.06
VVPH (L H_2/L – d)	2.09 ± 0.43	4.42 ± 0.44*	1.94 ± 0.14	3.94 ± 0.17*	2.32 ± 0.26

Fig. 1. Composición y parámetros de producción de hidrógeno de los hidrolizados enzimáticos obtenidos a partir del bagazo de agave.

A pesar de que Celluclast 1.5 L–Viscozyme y Stonezyme tienen una composición similar, al analizar la comunidad microbiana, Stonezyme tiene principalmente presencia de *Clostridium* (abundancia relativa 99%), mientras que Celluclast 1.5 L–Viscozyme tiene presencia de otros géneros microbianos como *Enterobacter*, *Enterococus* y *Klebsiella*.

Conclusiones. Las diferencias observadas entre Celluclast 1.5 L–Viscozyme y Stonezyme podrían deberse principalmente a que dentro de la composición no determinada de Celluclast 1.5 L–Viscozyme hay otros azúcares complejos (oligosacáridos) que permiten el desarrollo de una comunidad más diversa en el sistema, lo que conlleva a un mejor desempeño en la producción de H_2.

Agradecimiento. Proyecto SENER-CONACYT, Clúster Biocombustibles Gaseosos 247006.

Bibliografía.

1. Palomo R. *et al*. (2018). *CTEP* 20 (7); 1423-1441. 2. Valencia C. *et al*. (2021) *JECE*. 9 (105448)
3. Carrillo J. *et al*. (2019). IJHE 44: 26237-26247.
4. Montoya J. *et al*. (2019) *BIORES TECH* 283; 251-260.

CO-DIGESTIÓN ANAEROBIA DE AGUA RESIDUAL PARA LA PRODUCCIÓN CONTINUA DE BIOHIDRÓGENO: EFECTO DE LA CONFIGURACIÓN DEL REACTOR ANAEROBIO DE FLUJO ASCENDENTE

Alejandra A. Casanova-Mina[1,2], Santiago Iván Suárez-Vázquez[2], Arquímedes Cruz-López[2*], Juan Manuel Alfaro[1 1]
[1] Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Químicas, Monterrey, N.L., 64570. [2] Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ingeniería Civil, San Nicolás de los Garza, N.L. México, 66455
cruzlopeza2015@gmail.com

Palabras clave: suero de queso, agua residual de panificación, inóculo, ácido graso volátil

Introducción. Los desechos lácteos como el suero de queso (SS) se encuentran disponibles en 27 estados de México con una alta carga orgánica entre 40 a 100 g L^{-1} [1, 2]. Por otro lado, el mercado de panificación ha ocupado el segundo lugar de producción y se pronostica un importante crecimiento de esta industria [3], sin embargo, desde el punto de vista ambiental existe la preocupación por la alta carga orgánica de las descargas de agua de este sector (HS) [4]. Los procesos biológicos representan una alternativa de bajo costo y amigable con el medio ambiente para el tratamiento del agua residual y consecuente extracción de energía a través de la fermentación oscura. Sin embargo, este proceso enfrenta varios retos para producir biohidrógeno de manera continua. En este trabajo se presenta un estudio comparativo a iso-condiciones entre un reactor anaerobio de flujo ascendente (RAFA) y un reactor anaerobio híbrido de flujo ascendente (RAHFA) con la finalidad de incrementar el rendimiento de biohidrógeno durante la operación continua de los reactores.

Metodología. Los reactores RAFA y RAFHA de 1.5 L de volumen de operación fueron inoculados con 10% volumen de lodo granular y el resto con la co-digestión (SS-HS) con la relación C/N 30. El RAFA se operó con un TRH 8 h mientras el RAFHA por 30 ciclos en los TRH 3, 8 y 12. Al final de cada Tiempo de Retención Hidráulico (TRH) se midió la producción de biogás y se analizó el efluente. Para la corriente de gas se utilizó el método de desplazamiento de agua y a su vez la composición química por CG-TCD (H_2, CO_2). Mientras que al efluente fue caracterizado para dar seguimiento a las reacciones bioquímicas a través del pH, métodos espectrofotométricos para DQO, Carbohidratos, Nitrógeno Total y por CG-FID a los ácidos grasos volátiles.

Resultados. En la Figura 1A se presentan los resultados de biogás producido para ambas configuraciones del reactor. Ahí se puede observar que el RAFA solo operó por 6 ciclos con una producción menor de 1L de biogás en cambio con el RAHFA fue posible la fermentación oscura por 30 ciclos con los siguientes resultados 2 L (TRH= 3) < 2.6 L (TRH= 12) < 5.8 L (TRH= 8). Respecto al porcentaje de biohidrógeno en el biogás, la operación del reactor con TRH= 3 fue muy inestable (30 a 60%), mientras que durante la operación del reactor con TRH= 8, el % de biohidrógeno incrementó lentamente en los primeros 10 ciclos, y luego se mantuvo alrededor del 60%, y posterior al ciclo 26 la producción cae. Para el TRH= 12 el comportamiento fue similar a lo anteriormente descrito pero el máximo porcentaje fue 50%. Respecto al pH, el RAHFA se acidificó hasta 4.3 con el TRH= 3 a pesar de la adición de NaOH mientras que con los TRH's= 8 y 12, la co-digestión presentó características amortiguadoras que coadyuvaron para que presentara un porcentaje de degradación de materia orgánica entre 60 a 85%. Para los tres TRH's los análisis de ácidos grasos confirmaron la predominancia de la ruta de acidogénesis, principalmente ácido acético (25 mMol) y ácido butírico (5 mMol). La productividad para el RAFHA durante 30 ciclos fue de 0.087 mL H_2 mL^{-1} d^{-1} (TRH=8 h) > 0.034 mL H_2 mL^{-1} d^{-1} (TRH= 12 h) > 0.032 mL H_2 mL^{-1} d^{-1} (TRH= 3 h).

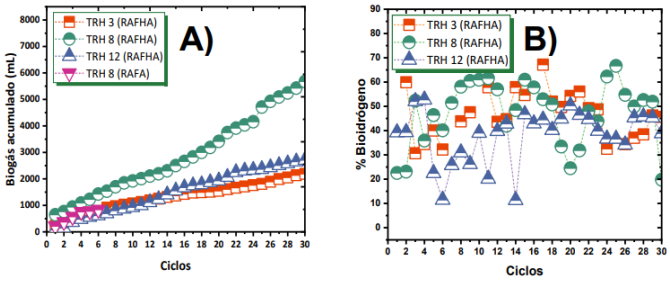


Figura 1. Resultados de la Fermentación oscura para la co-digestión SS-HS a diferentes TRH. A) Producción de biogás en los reactores RAFA y RAHFA y B) producción de biohidrógeno en el reactor RAHFA.

Conclusiones. El estudio muestra que es posible la producción continua de biohidrógeno empleando la codigestión SS-HS a pH constate 5.5 y relación C/N= 30 con diferentes TRH's. La mayor producción de biogás y biohidrógeno fue con el TRH 8 h alcanzando una productividad de 0.087 mL H_2 mL^{-1} d^{-1}.

Agradecimiento. Los autores agradecen al proyecto CONACyTSENER-Sustentabilidad Energética (249908) por el soporte financiero. AACM agradece al CONACYT por el apoyo económico brindado 737071.

Bibliografía.

1 Secretaría de Energía. Atlas Nacional de Biomasa.
2 Valta K. et al. (2017) Waste Biomass Valor. (8): 1649-1663.
3 Latin American baking industry undergoing significant transformation.
4. De Santana M.M., (2018). Proc Safe Environ Protection. (116): 685-692.

VALORIZACIÓN DEL AGUA RESIDUAL DE LA INDUSTRIA ALIMENTICIA EMPLEANDO CONSORCIOS MICROBIANOS MIXTOS MEDIANTE FERMENTACIÓN OSCURA

Roberto Carlos Campos-Flores, Santiago Iván Suárez-Vázquez, Lirio Reyna-Gómez, Arquímedes Cruz-López
Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ingeniería Civil, Departamento de Ingeniería Ambiental, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, 66455
roberto_44carlos@hotmail.com

Palabras clave: Nejayote, Agua Residual de Rastro, bioenergía, PTAR

Introducción. El H_2 es uno de los principales candidatos para sustituir a los combustibles fósiles debido a su gran densidad energética de 122 kJ/g [1]. Existen diferentes procesos biológicos de producir biohidrógeno (bioH_2). Una de las metodologías más prometedoras para producir este gas es la fermentación oscura (FO), la cual consiste en la fermentación de sustancias ricas en carbohidratos por medio de bacterias anaerobias. Del análisis bibliográfico se sabe que parámetros como el pH, temperatura, relación carbono/nitrógeno (C/N) y la configuración del reactor son determinantes en el proceso de la FO [1-3]. Con el objetivo de tener una mejor amortiguación de pH y de hacer más eficiente la relación C/N, se opta por el uso de codigestiones ya que funcionaran como fuente de carbono y nitrógeno, además de suministrar nutrientes a las bacterias.
Este trabajo estudia la generación de bioH_2 mediante el proceso de FO utilizando agua residual de rastro (ARR) y agua residual del proceso de nixtamalizado del maíz (nejayote, NE) como sustratos y lodo granular de una planta tratadora de agua residual (PTAR) de la industria cervecera como inóculo, con la finalidad de extraer energía, así como disminuir la carga orgánica del agua.

Metodología. El inoculo fue tratado térmicamente a 100ªC por 30 minutos. En seguida de montó una serie de microrreactores batch de la codigestión ARR-NE con un volumen de trabajo de 90 mL empleando las relaciones C/N 20 y 30, previo tratamiento con sonoquímica (30 min) de los sustratos. La FO duró 48 horas y cada 12 h se midió la evolución de la reacción mediante parámetros fisicoquímicos como pH (NMX-AA-008-SCFI-2016), Carbohidratos totales (CHT) por el método fenol sulfúrico, DQO (NMX-AA-030-SCFI-2001), Nitrógeno total (NT) por el método de digestión con persulfato, sólidos totales y sólidos volátiles totales (ST y SVT) (NMX-AA-034-SCFI 2015). Para el biogás se utilizó el método de bureta invertida y el bioH_2 se analizó en un cromatógrafo de gases con detector de conductividad térmica (CG-TCD).

Resultados. A partir de los resultados de la caracterización fisicoquímica de los sustratos se establecieron las relaciones C/N de las codigestión ARR-NE. Una vez iniciada la FO, se dio seguimiento del pH en ambos microrreactores (C/N 20 y C/N 30) obteniendo valores de 4.06 y 4.37 a 48 h, respectivamente. Estos resultados concuerdan con la literatura, ya que, es ampliamente reportado que la acidificación del sistema está ligada a la adaptación de los consorcios microbianos dentro de la etapa de acidogénesis durante el proceso de fermentación oscura. Además, la disminución de pH es resultado de la producción de ácidos grasos volátiles AGVs en la etapa de acidogénesis [3]. En el caso de los CHT, el microrreactor con relación C/N 20 se determinó un consumo del 26 % al término de la FO, en contraste con el reactor C/N 30 que presentó un consumo de 35 %. Para el caso de la DQO ambos experimentos reportaron degradaciones en el intervalo de 18 a 21%. El bajo porcentaje de la degradación de CHT Y DQO podría atribuirse a la complejidad de los sustratos para ser degradados por los microorganismos. En las determinaciones ST y SVT, ambas codigestiones tuvieron pérdidas de peso cercanas al 20%. A partir de las mediciones de biogás durante las 48 h, los experimentos revelan que el microrreactor con relación C/N 30, produjo 86 mL de biogás, siendo 80% superior respecto a la relación C/N 20. Este comportamiento coincidió con los resultados de otras codigestiones de sustratos orgánicos realizados en el mismo intervalo de relación C/N, que reportan como el óptimo para la producción de bioH_2 [2]. Respecto al porcentaje de bioH_2 presente en el biogás, los análisis de CG-TCD cuantificaron en promedio 12% para la relación C/N 30, en contraste con el microrreactor con relación C/N 20, el cual logró 44 %. Sin embargo, la mayor productividad de bioH_2 fue de 0.23 mmolH_2.gDQO para la relación C/N 30.

Conclusiones. Este trabajo exploratorio presenta a la FO como una alternativa para la extracción de energía y descontaminación del agua. A través de la codigestión ARR-NE (C/N 30) y de lodos de PTAR fue posible favorecer la producción de bioH_2 en ausencia de metano.

Agradecimientos. A la convocatoria 2014-01 CONACYT SENER-sustentabilidad energética por el proyecto 249908. RCCF agradece a CONACYT por el Financiamiento 779898

Bibliografía

[1] Cieciura-Włoch W. et al., (2019). *JEELM;* 27, 101-102.
[2] Reyna-Gómez L. M. et al., (2019). *SUSTENTABILITY*. 11, 1-13.
[3] Santiago S. G. et al., (2019) Lett. Appl. Microbiol,.SFAM. 138-147.

EVALUACIÓN DE LAS CONDICIONES DE PRETRATAMIENTO POR EXPLOSIÓN DE VAPOR E HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA DE BAGAZO DE AGAVE PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOMETANO

Verónica Duran-Cruz[1] Sergio Hernandez[2] Irmene Ortiz[2], [1]Posgrado en Ciencias Naturales e Ingeniería Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa [2]Departamento de Procesos y Tecnología Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Ciudad de México C.P. 05348
irmene@cua.uam.mx.

Palabras clave: Bagazo de agave, explosión de vapor, metano.

Introducción. Los residuos lignocelulósicos, en su mayoría, son desechados causando problemas ambientales, por lo que una solución sustentable es su utilización como materia prima en la producción de biocombustibles. En México, se generan aproximadamente 540 mil toneladas por año de bagazo de agave (BA) proveniente de la industria tequilera (1). Debido a su estructura recalcitrante, se requiere de procesos de pretratamiento (PT) e hidrólisis enzimática (HE) para la obtención de azúcares fermentables y de esta manera poder ser aprovechado. El objetivo de este trabajo fue evaluar los rendimientos de azúcares obtenidos de BA pretratado con explosión de vapor e hidrolizado enzimáticamente para su posterior conversión a metano.

Metodología. El PT se llevó a cabo por explosión de vapor a factores de severidad (FS) de 1.65, 2.41, 2.54, 2.77 y 2.89 (1). Posteriormente, se realizó la HE tanto a la fracción sólida y como a la fracción líquida resultantes del PT, utilizando Cellic CTec2 con concentraciones de 1x (0.12 $mg_{proteína}/g_{BA}$), 10x, 20x y 30x (1). Adicionalmente, se realizó una prueba de potencial bioquímico de metano (PBM) a los hidrolizados obtenidos a FS 2.41 sin HE y con HE (20x)(2). Los azúcares totales (AT) fueron cuantificados con la metodología de fenol ácido sulfúrico (3), mientras que la glucosa (GLU) y xilosa (XIL) utilizando un analizador bioquímico (YSI-2700).

Resultados. La HE de ambas fracciones resultantes de PT resultó en un incremento de 40 y 155% en los rendimientos de AT y XIL, respecto a cuando se utiliza únicamente la fracción sólida pretratada. Los rendimientos de AT, GLU y XIL obtenidos con 1x y 10x fueron estadísticamente similares (α=0.05). Mientras que las concentraciones enzimáticas 20x y 30x mejoraron los rendimientos de AT un 8 y 48%, respecto a 1x. Adicionalmente, los rendimientos de GLU y XIL a 20x (0.12 y 0.03 g g^{-1}_{AB}) fueron 24 y 16% mayores a los obtenidos a 1x pero estadísticamente similares a los observados a 30x. Por otro lado, la contribución del PT al rendimiento global de AT (considerando PT e HE) varió entre 13 y 34% para los diferentes sistemas estudiados (Fig. 1a). Mientras que esta contribución fue marginal para los rendimientos globales de GLU y XYL (Fig. 1b, c). El mejor rendimiento global de AT (0.7 g g^{-1}_{AB}) se obtuvo a los FS 2.41 y 2.54, siendo significativamente mejor que el de los demás sistemas estudiados. Mientras que el mayor rendimiento de GLU (0.12 g g^{-1}_{AB}) se obtuvo a FS 2.41 y 2.89, que fueron significativamente mayores que los obtenidos a FS 1.65 y 2.54. Mientras que los rendimientos globales de XIL se mantuvieron entre 0.01 y 0.04 g g^{-1}_{AB}, observándose que el incremento de FS favoreció los rendimientos de XIL, excepto para las condiciones más severas (Fig. 1c).

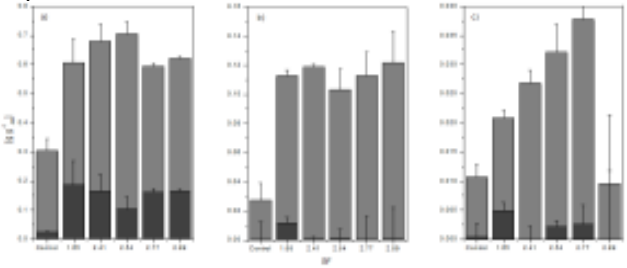


Fig. 1. Rendimientos globales de (a) AT, (b) GLU y (c) XIL, contribución del PT (gris oscuro) e HE (gris claro) en función del SF.

El PBM de los hidrolizados enzimáticos de los materiales pretratados fue de 0.28 NL CH_4 g^{-1}_{DQO}, siendo 68% mayor que el sistema sin HE, con una remoción del 78.4% de la demanda química de oxígeno (DQO). El PBM obtenido es comparable con lo reportado en la literatura para diversos tipos de pretratamiento (1).

Conclusiones. El incremento en la concentración enzimática tuvo un efecto positivo en los rendimientos de GLU y XIL, hasta 20x. Los mejores rendimientos no correspondieron a las condiciones más severas, lo cual es favorable ya que la energía requerida será menor, impactando a los costos para la producción de biogás. La combinación del PT y la HE incrementaron significativamente los valores de PBM, respecto a utilizar únicamente el PT.

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por proyecto 247006 “Cluster Biocombustibles Gaseosos” y se agradece por la beca otorgada a V. Duran-Cruz.

Bibliografía.

1. Duran-Cruz V, Hernández S & Ortiz I. (2021) *Bioenergy Res.* https://doi.org/10.1007/s12155-021-10245-9
2. Angelidaki I, Alves M, Bolzonella D, Borzacconi L, Campos JL, Guwy AJ, Kalyuzhnyi S, Jenicek P, van Lier JB (2009). *Water Sci Technol* 59:927–934.
3. Dubois M, Gilles KA, Hamilton JK, Rebers PA, Smith F (1956) *Anal Chem* 28:350–356.

POTENCIAL DE LA BIOMASA DE *Agave salmiana* PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL

Alonso Guadalupe Hernández Mendoza, Sergio Martínez Hernández, Héctor Arturo Ruiz Leza, Angel Isauro Ortiz Ceballos, Alejandro Antonio Castro Luna, Magdiel Láinez González.
Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Departamento de Biotecnología, Xalapa, C.P.91090.
alonso_energy@hotmail.com

Palabras clave: Bioetanol, Agave salmiana, Sostenible.

Introducción. La producción sostenible de biocombustibles lignocelulósicos requiere un suministro suficiente de biomasa. La biomasa de *Agave salmiana* (BAgs) representa cultivos bioenergéticos altamente eficientes, tiene características fisiológicas tipo CAM, además, no compite con los principales cultivos alimentarios (1). Se estima una cantidad de residuos de 42 t/ha-año de BAgs. Por otro lado, su alto contenido de azúcares y bajo contenido de lignina lo convierten en un cultivo atractivo desde una perspectiva de bioprocesamiento (2). En este contexto se realizó un estudio del potencial bioenergético del bagazo de las pencas BAgs para la producción de bioetanol.

Metodología. El área de estudio se ubicó dentro del Ejido de Tenextepec, municipio de Perote, Veracruz (Fig. 1). Se realizó la caracterización morfológica de las pencas de BAgs de 9-10 años, para determinar el potencial biomásico (3). Se caracterizaron los componentes lignocelulósicos de BAgs (4). El rendimiento teórico de bioetanol se estimó de acuerdo con la ecuación 1 (5).

$$Y_{Bioetanol} = 0.99\ x\ [0.9\ x\ 0.85\ x\ 0.982(X_{Xilosa} + X_{Arabinosa})\ x\ 0.51143 + 0.95\ x\ 0.97(0.099\ x\ X_{Glucosa} + 0.912\ x\ X_{Celulosa})\ x\ 0.51143] \quad \text{Ec.1.}$$

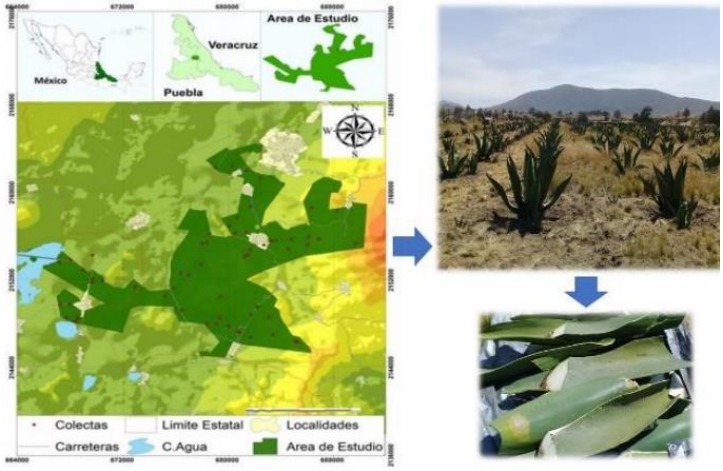


Fig. 1. Ubicación del área de estudio y pencas de Bags

Resultados. El contenido de humedad de las pencas de BAgs fue de 89 %. El potencial biomásico de BAgs fue de 96.6 ± 0.16 kg/planta$_{BAgs}$ (Tabla 1), obteniendo 10.62 kg en base seca, alcanzando un promedio de 7.8 t/ha (5). En las pencas de BAgs se encontró un contenido de azúcares de 49.1 % (Tabla 2). Respecto al potencial teórico de bioetanol se obtuvo un rendimiento de 198.2 kg$_{bioetanol}$/t$_{BAgs}$ superior a lo reportado por Yang (1) e inferior a Sadhukhan (5).

Conclusiones. El contenido de azúcares del bagazo fue superior a 49 %. Se obtuvo un potencial biomásico de 7.8 t/ha, y un rendimiento teórico de bioetanol de 198.2 kg$_{bioetanol}$/t$_{BAgs}$. Los residuos de *Agave salmiana* podrían considerarse como un potencial bioenergético para su bioprocesamiento a bioetanol.

Agradecimiento. Se agradece al Ejido de Tenextepec, por las muestras de *Agave salmiana* obtenidas.

Bibliografía.

[1] Yan, X., Corbin, K. R., Burton, R. A., & Tan, D. K. Y. (2020). *Journal of Cleaner Production*, *261*: 121283.
[2] Palomo-Briones, R., López-Gutiérrez, I., Islas-Lugo, F., Galindo Hernández, K. L., Munguía-Aguilar, D., Rincón-Pérez, J. A., Cortés Carmona, M. Á., Alatriste-Mondragón, F., & Razo-Flores, E. (2018). *Clean Technologies and Environmental Policy*, *20*(7): 1423–1441. [3] García Núñez, R. M. G. N. M., Galán Reséndiz, M., Cuevas Sánchez, J. A., & Álvarez Hernández, R. (2020). *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, *11*(4): 917–929.
[4] Láinez, M., Ruiz, H. A., Arellano-Plaza, M., & Martínez-Hernández, S. (2019). *Renewable Energy*, *138*: 1127–1133.
[5] Sadhukhan, J., Martinez-Hernandez, E., Amezcua-Allieri, M. A., Aburto, J., & Honorato S, J. A. (2019). *Bioresource Technology Reports*, *7*(March): 100230.

INTERACCIONES MICROBIANAS EN DIGESTORES AnSBBR HIDROGENOGÉNICOS ALIMENTADOS CON VINAZAS TEQUILERAS EN CO-DIGESTIÓN CON HIDROLIZADOS ÁCIDOS DE BAGAZO TEQUILERO

Raúl Snell Castro, José Eduardo Gabriel Barajas, Jorge Arreola Vargas, Alma Toledo Cervantes, Hugo Oscar Méndez Acosta y Juan Carlos Rivera González. Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Departamento de Ingeniería química, Guadalajara, C.P. 44430.
raul.snell@cucei.udg.mx.

Palabras clave: Bagazo tequilero, bio-hidrógeno, interacciones microbianas.

Introducción. El potencial de la materia orgánica en los residuos tequileros (vinazas y bagazo) ha conducido al desarrollo de nuevas biotecnologías para la producción de biocombustibles como el H_2, ya que tiene un alto contenido energético (142.0 kJ/g) (1). En este contexto, la fermentación oscura ha sido implementada usando vinazas tequileras como sustrato, obteniéndose altas productividades (12.3 L-H_2/L•d) (2). Sin embargo, pocos estudios han evaluado las interacciones microbianas. Además, ningún estudio ha reportado un proceso estable utilizado bagazo tequilero como sustrato. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue analizar las interacciones microbianas usando reactores anaerobios secuenciales de biopelícula (AnSBBR) hidrogenogénicos alimentados con vinazas tequilaras en codigestión con hidrolizados ácidos de bagazo tequilero (HABT).

Metodología. Se implementaron 2 AnSBBRs para la producción de H_2 por fermentación oscura usando como inóculo lodo granular anaerobio tratado térmicamente a 104ºC durante 24 h. Durante las etapas 1 y 2 ambos digestores fueron alimentados con vinazas tequileras para la formación de la biopelícula y evaluación de la fase de operación, respectivamente. En la etapa 3, solo el segundo digestor siguió su operación alimentado con vinazas tequileras en co-digestión con HABT (80:20 y 90:10). Las etapas duraron 72 ciclos de 0.5 d con una carga volumétrica aplicada de 10±0.28 g-DQO/L•d. Se analizaron el H_2, DQO, azúcares, ácidos orgánicos y se colectó la biomasa al final de cada etapa para la caracterización molecular de la comunidad microbiana (1, 3). Las variables biológicas y fisicoquímicas fueron correlacionadas mediante un análisis de componentes principales para elucidar las interacciones microbianas.

Resultados. El desempeño de los AnSBBRs mostró una asimilación de azúcares >50% durante el bioproceso, aunado a una disminución >50% en la producción de H_2. Esto estuvo vinculado a la reducción de la abundancia relativa de las poblaciones productoras de H_2 (PPH_2) y aumento de las poblaciones no productoras de H_2 ($PNPH_2$) (Tabla 1). Sugiriendo que las $PNPH_2$ ejercieron exclusión competitiva asociada a la competencia por azúcares, agotamiento de elementos esenciales (Mn), producción de bacteriocinas por bacterias acidolácticas (BAL) y resistencia a compuestos inhibitorios (furfurales).

Tabla 1. Azúcares asimiladas, velocidad de producción de H_2 (VHPR) y abundancias relativas ≥1% de las PPH_2 y $PNPH_2$.

	Etapa 1	Etapa 2	Etapa 3
PPH_2	31.60%	39.77%	33.73%
$PNPH_2$	48.75%	53.99%	56.55%
Azúcares asimiladas (g/L)	0.65±0.03	0.76±0.13	1.08±0.02
VHPR (L-H_2/L•d)	0.55±0.09	0.50±0.04	0.23±0.02

Las dinámicas poblacionales de las PPH_2 indicaron que *Ethanoligenens harbinense*, *Clostridium tyrobutyricum, Ruminiclostridium cellobioparum* y *Oscillospira guillier mondii*, fueron responsables de la producción de H_2 mediante las fermentaciones acética y butírica. Por otra parte, entre las $PNPH_2$, que ejercieron exclusión compe titiva, se identificaron a *Prevotella stercorea, P. oris, P. baroniae, Ruminococcus bromii, Dialister propionicifa ciens, Serinibacter salmoneus y las BAL Sporolactoba cillus shoreae, Pediococcus ethanolidurans, Enteroco ccus camelliae* y *Lactobacillus manihotivorans.*

Conclusiones. El análisis de componentes principales correlacionó la disminución de la producción de H_2 con la relación molar lactato:acetato inicial. Dado que al inicio de la etapa 3 (co-digestión) esta relación tuvo un valor (3.1) cercano al mínimo (3.0) para una ganancia neta de ATP (4). Entonces, esta condición pudo causar la reducción de *C. tyrobutyricum* de 13.78% a 8.72%, reduciendo la VHPR. Este es el primer estudio que demuestra la viabilidad de la producción estable de H_2 por *Clostridiales* a partir de HABT en co-digestión con vinazas tequileras.

Agradecimiento. Este estudio fue financiado por el Fondo Sectorial SENER-CONACyT de Sustentabilidad Energética, Clúster Biocombustibles Gaseosos. Proyecto 247006.

Bibliografía.

1. Toledo-Cervantes, A., Villafán-Carranza, F., Arreola-Vargas, J., Razo-Flores, E. y Méndez-Acosta, H.O. (2020). *Int J Hydrogen Energy*. 45: 11000-11010.
2. García-Depraect, O., Muñoz, R., van Lier, J.B., Rene, E.R., Diaz Cruces, V.F. y León-Becerril, E. (2020). *Bioresour Technol*. 307: 123160.
3. Snell-Castro, R., Méndez-Acosta, H.O., Arreola-Vargas, J., González-Álvarez, V., Pintado-González, M., González-Morales, M.T. y Godon, J.J. (2019). *J Appl Microbiol*. 126 (5): 1618-1630.

PRODUCCIÓN DE METANO ASISTIDA ELECTROQUÍMICAMENTE EN UN REACTOR ANAEROBIO DE FLUJO ASCENDENTE

Víctor H. Tlapalcoyoa*, Ignacio González**, Germán Buitrón*. *Laboratorio de Investigación en Procesos Avanzados de Tratamientos de Aguas, Unidad Académica Juriquilla, Instituto de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México, Querétaro 76230, **Departamento de Química, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, 09340, CDMX, Email: GBuitronM@iingen.unam.mx.

Palabras clave: biogás, celda de electrólisis microbiana, electrometanogénesis.

Introducción. El metano producido a través de la digestión anaerobia constituye alrededor del 60% del biogás y la presencia de CO_2 disminuye su poder calorífico; así como sus aplicaciones (1). Los reactores anaerobios de flujo ascendente (UASB) han demostrado ser eficientes en la producción de biogás. Una alternativa para enriquecer el biogás, son las celdas de electrólisis microbianas (CEM) mediante la electrometanogénesis. En este proceso, al imponer una diferencia de potencial eléctrico (DPE) en la celda, la materia orgánica se oxida en el ánodo y los electrones producidos se transfieren hacia el cátodo, en donde ocurre la reducción asistida de CO2 a metano (2). El objetivo del trabajo es evaluar el efecto de la integración de un sistema CEM a un reactor UASB en el proceso de digestión anaerobia.

Metodología. Se operaron en paralelo dos reactores UASB inoculados con lodo granular anaerobio: uno asistido electroquímicamente (RE) y un control (RC). Como sustrato se empleó una mezcla de ácidos grasos volátiles (57% butírico, 30% acético y 13% propiónico). En la sección superior del RE se colocaron como cilíndricos concéntricos el ánodo de fieltro de grafito (exterior) y el cátodo de espuma de Ni (interior). En la primera etapa (I) se evaluó el efecto de la carga orgánica volumétrica (COV) y el DPE. En la etapa II se evaluó la influencia del DPE sobre el RE. Se realizaron análisis de DQO, índice alfa para la alcalinidad, medición y composición del biogás para calcular las variables de respuesta: productividad volumétrica (Q), rendimiento (Y), y composición del biogás (%CH_4). Se caracterizó la biopelícula microbiana mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) y medición de densidad de biomasa al final del experimento.

Resultados. Los resultados se muestran en la tabla 1. Se observó que, con una COV de 5, el desempeño del reactor (Q y Y) fue inferior a los valores teóricos para RC y RE, debido a un pH desfavorable para la actividad metanogénica (3). Al disminuir la COV a 1, se recuperaron ambos reactores. Se observó un ligero aumento al aplicar PE con diferencias significativas en las variables de respuesta para el RE contra el RC; lo cual también se observó en la etapa II al evaluar el DPE en RE ($p<0.05$). El contenido de CH_4 en el biogás con COV 1 en las etapas I y II, fue estable en 79% y 77%, y 79% y 78% para RE y control respectivamente. En la **figura 1,** se aprecia que la formación de biopelícula en ambos electrodos no fue robusta ni uniforme. Esto puede explicar la poca diferencia entre ambos reactores. Se encontró una densidad de biomasa de 16±1 y 31±1 contra lo reportado de 460±86 y 55.6±11.9 $gSVm^{-2}_{soporte}$ para el ánodo y el cátodo, respectivamente (4).

Tabla 1. Resultados obtenidos durante la operación de RE y RC.

Etapa		Efecto COV y DPE (I)			Efecto DPE en RE (II)	
COV ($gDQOL^{-1}d^{-1}$)		5	1	1	1	1
Voltaje RE (V) Control RC		0.5 RC	0.5 RC	0.8 RC	0.5 RE (0.0V)	0.8 RE (0.0V)
Q ($NL_{CH4}\ L^{-1}d^{-1}$)	RE	0.59±0.14	0.30±0.02	0.29±0.01	0.30±0.02	0.28±0.01
	RC	0.79±0.13	0.31±0.03	0.29±0.02	0.22±0.04	0.22±0.04
Y ($NL_{CH4}\ kg^{-1}DQO$)	RE	95±32	240±30	232±7	240±30	242±4
	RC	115±36	227±24	213±7	209±19	209±19

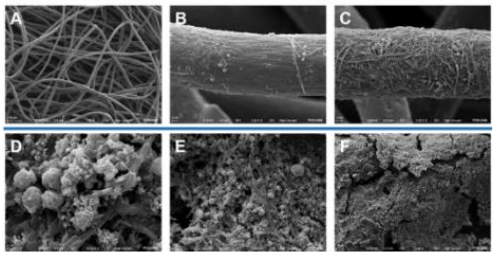


Fig. 1 Micrografías de desarrollo de biopelículas. En el ánodo A-C, se aprecia poca biomasa adherida, mientras que en el cátodo D-E se aprecia una biopelícula más densa.

Conclusiones. Al integrar el sistema CEM al reactor UASB con un PE de 0.8V, se obtuvo biogás con un contenido de metano mayor al del reactor control. Lo anterior es posible asociarlo a la interacción del H_2, producido en el cátodo, con el enriquecimiento de metanógenos hidrogenotróficos, que transforman el CO_2 a metano. Se debe tener especial cuidado con la colonización efectiva de los electrodos.

Agradecimiento. Al Clúster Biocombustibles gaseosos a través del proyecto 247006 SENER-CONACYT.

Bibliografía.

1 Eerten, M., Heijne, A., Buisman, C., & Hamelers, H. (2012). Int. J. Energy Res. 36, 809-819.
2 Buitrón, G., Cardeña, R., & Arcila, J. S. (2019). Bioelectrosynthesis of methane integrated with anaerobic digestion. En: Microbial electrochemical technology. Mohan, S. Elsevier. 899-919.
3 Visser, A., y col. (1996). Wat. Sci. Tech. 33, 99-110.
4 Eerten, M. y col. (2013). Archaea. 2013.

GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UNA CEPA DE *Saccharomyces cerevisiae* TOLERANTE A ESTRÉS POR TEMPERATURA, PH Y ÁCIDO ACÉTICO

Salas Navarrete Prisciluis Caheri[1,2], Montes de Oca Miranda Arturo[1,2], Rosas Santiago Paul[1], Hernández Chávez Georgina[1], Martínez Jimenez Alfredo[1] y Caspeta Guadarrama Luis[1]
[1]Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México.
[2]Centro de Investigación en Biotecnología, Universidad Autónoma del Estado de Morelos.
prisciluis.salas@ibt.unam.mx

Palabras clave: Evolución Adaptativa en Laboratorio, Tolerancia a estrés, Saccharomyces cerevisiae.

Introducción. La producción de compuestos de interés industrial a partir de materiales lignocelulósicos genera condiciones estresantes para la levadura *Saccharomyces cerevisiae* (*S. cerevisiae*). Los procesos de evolución adaptativa en laboratorio (EAL) han ayudado a generar cepas tolerantes a condiciones de estrés como 39°C (Caspeta et al., 2014, 2019), así como a pH 4.5 y 9 g/L de ácido acético (González Ramos et al., 2016). Sin embargo, no se ha reportado hasta la fecha ninguna cepa que sea capaz de tolerar ambos tipos de estrés de manera simultánea. Nosotros llevamos a cabo un EAL para generar una cepa termo ácido tolerante que sea capaz de crecer en una condición de doble estrés.

Metodología. Para los ensayos de EAL partimos de la cepa silvestre S288C y de una cepa termotolerante (cepa TT23) reportada por nuestro grupo de trabajo (Caspeta et al., 2019).

Resultados. Las cepas TT23 y S288C se evolucionaron por más de 800 generaciones. Al final de esta evolución aislamos una cepa doble tolerante que nombramos TAT12, asilamos una cepa tolerante solo al estrés ácido que nombramos SAT22. En la condición de estrés por ácido la μ de las cepas es: 0 para la S288C, 0.18 para la TT23, 0.19 para la SAT22 y 0.18 para la TAT12 (figura 1B). En la condición de estrés por temperatura la μ de las cepas es: 0.24 para la cepa S288C, 0.32 para la TT23, 0.30 para la SAT22 y 0.35 para la TAT12 (figura 1C). En la condición del doble estrés solo la cepa TAT12 presenta un fenotipo de crecimiento, su μ es de 0.21 (figura 1D). Los análisis de secuenciación masiva mostraron que aproximadamente el 40 % de la mutaciones ocurrieron en el genoma mitocondrial o en genes que codifican para proteínas relacionadas con las funciones mitocondriales. Asimismo, es interesante la cantidad de mutaciones sobre genes que codifican para proteínas relacionadas con las funciones vacuolares. La tinción con mitoracker red ROS nos muestra que no hay potencial de membrana en las mitocondrias de las cepas evolucionadas, lo que nos dice que estas cepas no tienen activa la cadena de transporte de electrones (figura 2 A). La tinción con CMAC Blue nos muestra que hay un patrón de fragmentación vacuolar distinto entre as cepas evolucionadas.

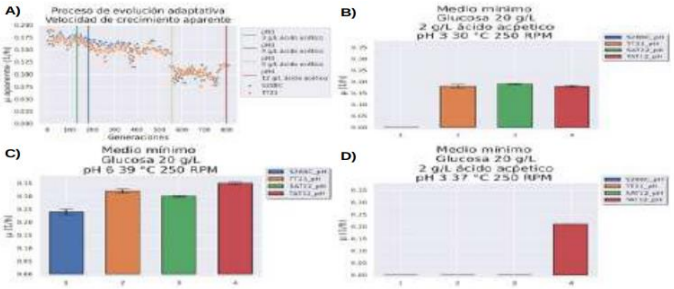


Fig. 1. A) Velocidad de crecimiento aparente de las poblaciones durante el EAL. B) , C) y D) Velocidad específica de crecimiento en diferentes condiciones de estrés.

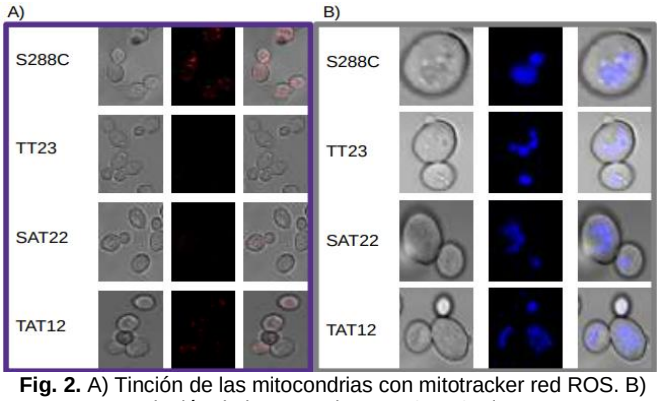


Fig. 2. A) Tinción de las mitocondrias con mitotracker red ROS. B) Tinción de las vacuolas con CMAC Blue.

Conclusiones. La termo-ácido tolerancia de la cepa TAT12 está asociada con una disminución en las funciones mitocondriales y con un aumento en la fragmentación vacuolar.

Agradecimiento. Agradecemos al CONACyT por la beca de doctorado otorgada para Caheri Salas y a la DEGAPA-UNAM por el donativo otorgado a Luis Caspeta PAPIIT TA200119.

Bibliografía.

1. Caspeta et al., 2014. Altered sterol composition renders yeast thermotolerant. Science, 6205, 75-78.
2. Caspeta et al. 2019. Engineering high-gravity fermentations for ethanol production at elevated temperature with *Saccharomyces cerevisiae.* Biotechnology and Bioengineering, 10, 2587-2597.
3. Gonzles-Ramos et al., 2016. A new laboratory evolution approach to select for constitutive acetic acid tolerance in Saccharomyces cerevisiae and identification of causal mutations. Biotechnology for Biofuels, 1, 1-18.

EXCLUSIÓN COMPETITIVA EJECUTADA POR BACTERIAS ACIDOLÁCTICAS CONTRA CLOSTRIDIALES DURANTE LA PRODUCCIÓN DE H_2 EN UN DIGESTOR TIPO CSTR ALIMENTADO CON VINAZAS TEQUILERAS

Raúl Snell Castro, Alma Toledo Cervantes, Hugo Oscar Méndez Acosta, Jorge Arreola Vargas, José Eduardo Gabriel Barajas y Mariana Nohely Aguilar Mota. Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Exactas e Ingenierías, Departamento de Ingeniería química, Guadalajara, C.P. 44430.
raul.snell@cucei.udg.mx.

Palabras clave: Vinazas tequileras, bio-hidrógeno, exclusión competitiva.

Introducción. El contenido de materia orgánica en las vinazas tequileras ha propiciado su revalorización mediante la producción de biocombustibles como el H_2 debido a su alto contenido energético (142.0 kJ/g) (1). Una de las biotecnologías más implementada ha sido la fermentación oscura donde se ha reportado la máxima productividad de 12.3 L-H_2/L•d usando como inóculo un consorcio ATCC PTA-124566 (2). Sin embargo, pocos estudios han evaluado las interacciones microbianas a partir de inóculos provenientes de lodos granulares anaerobios pre-tratados termicamente para favorecer la esporulación de poblaciones hidrogenogénicas. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad, abundancia relativa y dinámica poblacional Archaea y Bacteria para comprender las interacciones microbianas involucradas en la producción de H_2 en un digestor tipo CSTR alimentado con vinazas tequileras.

Metodología. Se implementó un digestor tipo CSTR continúo alimentando con vinazas tequileras para la producción de H_2 por fermentación oscura, usando como inóculo lodo granular anaerobio tratado térmicamente a 104ºC durante 24 h. El bioproceso inició con una carga volumétrica aplicada de 20 g-DQO/L•d (TRH=24 h) y se incrementó a 36 (TRH=18 h) y 54 (TRH=12 h). Se analizaron el H_2, DQO, azúcares, ácidos orgánicos y se colectó la biomasa suspendida al final de cada etapa para la caracterización molecular de la comunidad microbiana (1, 3). Las variables biológicas y fisicoquímicas fueron correlacionadas mediante un análisis de componentes principales para elucidar las interacciones microbianas durante el bioproceso.
Resultados. El análisis de la comunidad microbiana indicó que las poblaciones productoras de H_2 (PPH_2) estuvieron afiliadas a *Clostridium tyrobutyricum*, *C. swellfunianum*, *Ethanoligenens harbinense* y *Oscillospira guilliermondii*. El desempeño del digestor mostró una velocidad de producción de H_2 baja y un aumento en la asimilación de azúcares en cada etapa. Esto aunado al aumento constante de las abundancias relativas de las poblaciones no productoras de H_2 ($PNPH_2$) afiliadas a las bacterias acidolácticas (BAL) principalmente, sugirió que la competencia por los sustratos (azúcares) entre las PPH_2 y $PNPH_2$ fue dominada por éstas últimas durante el bioproceso (Tabla 1).

Tabla 1. Azúcares asimiladas (AA), velocidad de producción de H_2 (VHPR) y abundancias relativas ≥1% de las PPH_2 y $PNPH_2$.

CVA (g-DQO/L•d)	20	36	54
PPH_2	17.70%	25.76%	21.06%
$PNPH_2$	54.05%	68.23%	71.74%
AA (g/L•d)	1.17±0.38	1.32±0.37	1.49±0.28
VHPR (L-H_2/L•d)	0.15±0.01	0.35±0.02	0.67±0.04

Las posibles interacciones microbianas entre las PPH_2, $PNPH_2$ y poblaciones arqueanas invasoras sugirieron la ejecución de mecanismos de exclusión competitiva como la competencia por los sustratos (azúcares), la producción de bacteriocinas por las $PNPH_2$ y el agotamiento de micronutrientes como manganeso y nickel (4). Estos supuestos mecanismos impactaron negativamente la dinámica poblacional de las PPH_2 durante la última etapa del bioproceso, observándose la disminución de 18.20% a 13.89% en la abundancia relativa de la PPH_2 más dominante *E. harbinense* y el estancamiento de *C.tyrobutyricum* en un valor alrededor de 6.71% a pesar del incremento de la CVA.

Conclusiones. El escenario global obtenido por las correlaciones del análisis de componentes principales sugirió que los TRH largos aplicados al inicio del bio proceso condujeron al dominio de las $PNPH_2$ afiliadas a las BAL, reduciendo la VHPR. Este estudio proporciona información relevante para comprender el desempeño de la fermentación oscura de las vinazas tequileras para la producción de H_2.

Agradecimiento. Este estudio fue financiado por el Fondo Sectorial SENER-CONACyT de Sustentabilidad Energética, Clúster Biocombustibles Gaseosos. Proyecto 247006.

Bibliografía.

1. Toledo-Cervantes, A., Villafán-Carranza, F., Arreola-Vargas, J., Razo-Flores, E. y Méndez-Acosta, H.O. (2020). *Int J Hydrogen Energy*. 45: 11000-11010.
2. García-Depraect, O., Muñoz, R., van Lier, J.B., Rene, E.R., Diaz Cruces, V.F. y León-Becerril, E. (2020). *Bioresour Technol*. 307: 123160.
3. Snell-Castro, R., Méndez-Acosta, H.O., Arreola-Vargas, J., González-Álvarez, V., Pintado-González, M., González-Morales, M.T. y Godon, J.J. (2019). *J Appl Microbiol*. 126 (5): 1618-1630.
4. Gabriel-Barajas, J.E., Arreola-Vargas, J., Toledo-Cervantes, A., Méndez-Acosta, H.O., Rivera-González, J.C. y Snell-Castro, R. (2021). *J Appl Microbiol*. In press.

PRODUCCIÓN DE METANO A PARTIR DE BAGAZO DESLIGNIFICADO CON EL PRETRATAMIENTO DE ORGANOSOLV ALCALINO

Meza-Maytorena Lilia Chizelt[a], Ruiz-Leza Héctor Arturo[b], Razo-Flores, Elías[a], Alatriste-Mondragón Felipe[a] [a]División de Ciencias Ambientales, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C., San Luis Potosí, SLP, México, 78216. Email: lilia.meza@ipicyt.edu.mx
[b]Grupo de Biorefinería, Departamento de Investigación de Alimentos, Universidad Autónoma de Coahuila, Saltillo Coahuila, 25280, México.

Bagazo de agave, Producción de metano, Organosolv Alcalino

Introducción. El bagazo de agave (BA) es un residuo lignocelulósico con potencial para obtener productos de alto valor agregado como biocombustibles, lignina, celulosa microcristalina y hemicelulosa. Adicionalmente, el BA es una biomasa lignocelulósica recalcitrantes debido a que posee un contenido importante de lignina (11-20%) [1]. Diferentes pretratamientos han sido aplicados al BA con la finalidad de incrementar su biodegradabilidad y su potencial de producción de metano. Específicamente, el pretratamiento de Organosolv, que utiliza solventes de bajo punto de ebullición, ha sido utilizado en diferentes estudios para la deslignificación de BA, como el realizado por Caspeta et al. 2014 [2], quienes reportaron una deslignificación del 65.11%. Sin embargo, este pretratamiento no se ha empleado en condiciones alcalinas para esta biomasa. Aunado a lo anterior, la fibra remanente enriquecida en celulosa y hemicelulosa puede ser sometida a una hidrólisis enzimática para la producción de metano. Por lo tanto, el presente trabajo tiene como objetivo estudiar el efecto de la deslignificación del bagazo de agave sobre la producción de metano.

Metodología. El BA fue pretratado con el método de organosolv descrito por Fernández-Rodríguez et al., 2017 [3] con algunas modificaciones. Para determinar las mejores condiciones de deslignificación se realizaron los diseños experimentales Placket Burman y Central compuesto. La fibra obtenida con las mejores condiciones de deslignificación, así como el bagazo sin tratamiento fueron sometidas a una hidrólisis enzimática utilizando la preparación enzimática Cellic CTec2 (Novozymes, Dinamarca). Posteriormente con los hidrolizados obtenidos se llevó a cabo la producción en lote de metano. Para ello se utilizó un equipo con sistema automático de potencial de metano (AMPTS II. Bioprocess Control. Lund, Suecia), empleando el Protocolo BMP reportado por Tapia-Rodriguez et al. (2019) [4].

Resultados. El pretratamiento de Organosolv alcalino logró una deslignificación del 91.5 % del BA. Esto se vio reflejado en el rendimiento específico de hidrólisis enzimática, el cual se incrementó 1.7 veces cuando se utilizó el pretratamiento (Tabla 1). Por lo que se puede inferir que la estructura de los polisacáridos quedó más expuesta al ataque enzimático debido a la remoción de lignina durante el pretratamiento de Organosolv alcalino.

Tabla 1. Caracterización de los hidrolizados obtenidos con Cellic CTec2 a partir del bagazo de agave sin pretratamiento y pretratado con Organosolv.alcalino.

Hidrolizado	DQO (g/L)	AT (g/L)	REH (mg AT/g BSP)
BSP	26.09 ± 0.20	21.36 ± 0.008	211.21 ± 7.17
BPO	80.84 ± 1.35	86.35 ± 2.40	353.11 ± 9.83

BSP: Bagazo sin pretratar, BPO: Bagazo pretratado con organosolv alcalino, AT: Azúcares totales, REH: Rendimiento específico de hidrólisis

En lo que respecta a la producción de metano, el rendimiento específico de producción de metano del BPO fue ligeramente mayor que el del BSP.

Tabla 2. Parámetros obtenidos de los datos experimentales de producción de metano utilizando hidrolizados enzimáticos de BA.

Hidrolizado	BMP (NmLCH$_4$/gDQO)	Rendimiento de metano (NmLCH$_4$/gDQOr)	VVPM (NmLCH$_4$/L.d)	REPM (NmLCH$_4$/g BSP)
		Cellic CTec2		
BSP	275.33 ± 0.94	294.57 ± 4.86	137.67 ± 0.47	111.23 ± 0.38
BPO	311.02 ± 4.83	361.40 ± 27.40	133.80 ± 5.80	124.17 ± 4.34
Glucosa	308.24 ± 2.13	330.70 ± 8.11	156.18 ± 4.35	

BSP: Bagazo sin pretratar, BPO: Bagazo pretratado con organosolv alcalino, VVPM: Velocidad volumétrica de producción de metano, REPM: Rendimiento específico de metano.

Conclusiones. El procedimiento de organsolv alcalino alcanzó porcentajes de remoción de lignina superiores a los reportados en la literatura. La deslignificación del BA tuvo un efecto significativo en la hidrólisis enzimática y la producción de metano al obtenerse los mayores rendimientos específicos cuando se utilizó la fibra pretratada.

Agradecimiento. Proyecto SENER-CONACYT, Clúster de Biocombustibles Gaseosos 247006. CONACYT quien otorgó una beca académica (762620) a LCMM.

Bibliografía.

[1] Palomo-Briones et al. (2018). Clean Technologies and Environmental Policy, 20, 1423–1441.
[2] Caspeta et al. (2014). *Appl. Energy*, vol. 113, pp. 277– 286
[3] Fernández-Rodríguez et al. (2017). *Journal of Cleaner Production*, *142*, 2609–2617.
[4] Tapia-Rodríguez et al. (2019). Int. J. Hydrogen Energy. 44; 17792–17801.

FERMENTACIÓN DE HIDROLIZADOS LIGNOCELULÓSICOS DE *Agave salmiana* MEDIANTE DOS CEPAS TERMOTOLERANTES PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL

Moisés Santiago Gómez, Sergio Martínez Hernández
Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Zona Universitaria, Xalapa C.P. 91090
Moigomez96@hotmail.com

Palabras clave: K. marxianus, S. cerevisiae, biocombustible.

Introducción. Problemas ambientales relacionados con el uso de combustibles fósiles, así como el agotamiento de sus reservas por actividades humanas, han detonado diversas investigaciones en la búsqueda de energías que tengan un impacto favorable sobre el ambiente y la sociedad. Una alternativa prometedora son los biocombustibles que se producen a partir de fuentes renovables y son amigables con el medio ambiente. Dentro de ellos, se encuentra el bioetanol (1). Por lo que el presente trabajo aborda su producción a partir de la biomasa de *Agave salmiana*.
El objetivo consistió en evaluar la fermentación de hidrolizados de *A. salmiana* comparando dos cepas de levadura termotolerantes (*S. cerevisiae* y *K. marxianus*) a 40 ºC.

Metodología. El trabajo se planteó de acuerdo a las siguientes fases: 1. Colección y acondicionamiento de biomasa lignocelulósica de *A. salmiana*. 2. Pretratamiento ácido-térmico de la biomasa de acuerdo con Tolentino Luna (2). 3. Hidrólisis enzimática, que se desarrolló a 50ºC conforme a NREL/TP-5100-63351 (3). 4. Evaluación de la fermentación alcohólica de los hidrolizados de *A. salmiana* a 40ºC utilizando *K. marxianus* OFF1 y *S. cerevisiae* a 40ºC y teniendo ensayos con glucosa como control. Los azúcares reductores se cuantificaron por la técnica colorimétrica (DNS) (4) y el etanol mediante cromatografía de gases.
Resultados. En la hidrólisis enzimática se registró una concentración de azúcares reductores de 104.89 ± 6.29 g/L a las 72 horas. Los parámetros de la fermentación se muestran en la Tabla 1. Con medio sintético las concentraciones de etanol fueron de 43.11 ± 5.89 g/L y 48.55 g/L para *K. marxianus* y *S. cerevisiae*, respectivamente. Ambas cepas mostraron un consumo de azúcares similar (99.5%), pero diferentes en cuanto a rendimientos, siendo mayores para *S. cerevisiae* con 93.36%. Respecto a las realizadas con hidrolizados, se obtuvieron concentraciones de etanol de 44.45 ± 1.89 g/L y 32.34 ± 3.76 g/L, respectivamente. En cuanto a consumo y rendimiento mostró mejores valores la cepa *K. marxianus* que *S. cerevisiae.* Por otro lado, al evaluar el comportamiento de los hidrolizados frente a los controles, se observa que disminuyó la eficiencia de consumo en un rango de 10 a 11%. Respecto a los rendimientos, sólo la cepa de *S. cerevisiae* mostró decremento, siendo este de 18.21%. Esto último podría atribuirse a que *K. marxianus* tiene mayor capacidad de operar en presencia de posibles inhibidores en el medio.

Tabla 1. Parámetros cinéticos de fermentaciones con dos cepas fermentativas a 40 °C.

Fermentación	Eficiencia de consumo (%)	Rendimiento de etanol (%)
Medio sintético (*K. marxianus*)	99.58 ± 0.02	83.44 ± 5.89
Medio sintético (*S. cerevisiae*)	99.57 ± 0.01	93.36 ± 3.4
Hidrolizados (*K. marxianus*)	89.64 ± 0.02	84.54 ± 3.79
Hidrolizados (*S. cerevisiae*)	88.92 ± 0.44	76.36 ± 4.8

Conclusiones. Las cepas *S. cerevisiae* y *K. marxianus* demostraron termotolerancia y capacidad de fermentar azúcares de hidrolizados, en la que *K. marxianus* alcanzó mayores concentraciones de etanol (43.11 g/L), eficiencias de consumo (89.64%) y rendimiento de etanol (84.54%).

Agradecimientos. Al fondo sectorial SAGARPA CONACYT: 2011-15-174696.

Bibliografía.

1. Carrillo-Nieves, D., Rostro Alanís, M. J., de la Cruz Quiroz, R., Ruiz, H. A., Iqbal, H. M. N., & Parra-Saldívar, R. (2019). *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, *102*, 63–74.
2. Tolentino Luna, D. A. (2019). *Evaluación del efecto de las condiciones de pretratamiento ácido sobre la hidrólisis enzimática de biomasa lignocelulósica de Agave salmiana*. Universidad Veracruzana. 2. Resch, M. G., Baker, J. O., y Decker, S. R. (2015). Low solids enzymatic saccharification of lignocellulosic biomass. *Laboratory Analytical Procedure (LAP)*.
4. Miller, G. L. (1959). Use of dinitrosalicylic acid reagent for determination of reducing sugar. *Analytical chemistry*, *31*(3), 426.

EVALUACIÓN TEÓRICA DE LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL A PARTIR DE RESIDUOS GENERADOS EN EL PROCESO Y CONSUMO DE CAFÉ

Pérez-Montoya Luz Mariana[a]; López-Pérez Pablo Antonio[b]; Navarro-Sotelo Perla Xochitl[a]; Bañuelos-Barrón Cecilia[a]*
[a]Programa Transdisciplinario en Desarrollo Científico y Tecnológico para la Sociedad. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional. Av. Instituto Politécnico Nacional No. 2508, Colonia San Pedro Zacatenco, 07360, Ciudad de México, México,[b]Escuela Superior de Apan. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Apan-Calpulalpan Km 8, Col. Chimalpa, 43920, Apan, Hidalgo, Méx
cebanuelos@cinvestav.mx*.

Palabras clave: bioetanol, residuos, café

Introducción. En México el café es un cultivo estratégico porque ocupa uno de los primeros lugares a nivel mundial, siendo Chiapas el estado de mayor producción. Las comunidades dedicadas a la producción agrícola de este cultivo lo hacen por medio del procesamiento semitecnificado que incluye cinco etapas: cultivo, cosecha, beneficio húmedo, beneficio seco y tostado. En la agroindustria del café solamente se utiliza el 9.5% del peso total del fruto en la preparación de bebidas y el 90.5% son residuos vertidos al ambiente [1], por ejemplo la cascarilla, pulpa, mucílago y en la etapa de consumo la borra de café. Se prevé que estos residuos son una fuente importante de carbohidratos con los cuales es posible generar bioenergía a partir del etanol. Por lo tanto, en este trabajo se evaluó la producción teórica de bioetanol a partir de la composición química de estos cuatro residuos.

Metodología. El desarrollo de este trabajo constó de cuatro etapas: 1) Búsqueda de la composición química de los 4 residuos (pulpa, mucílago, cascarilla y borra de café) [2, 3], 2) Programación del modelo de hidrólisis química [4] y fermentación alcohólica [5] por *Saccharomyces cerevisiae* en el software Matlab®, 3) Estimación de valores de producción de etanol en 24 horas con los residuos antes mencionados y 4) Prueba estadística de ANOVA en el software R Studio®.
Modelo de hidrólisis química [4]:

Celulosa: $\frac{dS}{dt} = D_H(Sa - S) - Sk_1$

Glucosa: $\frac{dG}{dt} = D_H(0 - G) + Sk_1 - \varphi Gk_2$

Productos de Degradación: $\frac{dX}{dt} = D_H(0 - X) + \varphi Gk_2$

Modelo de fermentación alcohólica [5]:

Biomasa: $\left(\frac{dx}{dt}\right) = \mu_{maxg} X \left(\frac{g}{Ks_g + g}\right)$

Sustrato: $\left(\frac{dg}{dt}\right) = -\left[\left(\mu_{maxg}\left(\frac{X}{Y_{xg}}\right)\left(\frac{g}{Ks_g + g}\right)\right)\right]$

Etanol: $\left(\frac{de}{dt}\right) = \left[\left(r_{maxe}\left(\frac{X}{Y_{\frac{x}{e}}}\right)\left(\frac{g}{Ks_e + g}\right)\right)\right]$

Resultados. En la Fig.1 se observa que el residuo que ofrece mejores rendimientos [kg_{etanol}/ $kg_{residuo}$] de producción de etanol es mucílago, seguido por la pulpa, la cascarilla y la borra de café. Al realizar las pruebas estadísticas de ANOVA se obtiene un valor de p de 0.0001057 < F (30); por lo que existe diferencia estadísticamente significativa de la producción de bioetanol según el tipo de residuo empleado.

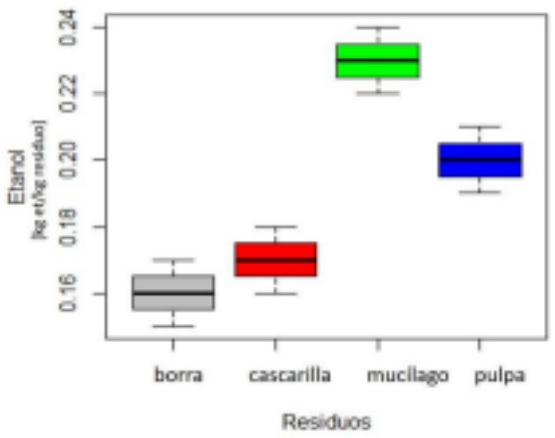


Fig. 1. Producción de etanol por diferentes residuos del proceso de café.

Conclusión. Teóricamente se prevé que posible producir 0.16, 0.17, 0.23 y 0.2 kg de bioetanol de segunda generación a partir un kg de residuo de borra, cascarilla, mucílago y pulpa respectivamente.

Agradecimiento. Al apoyo recibido por CONACyT y al programa de Doctorado en DCTS del Cinvestav.

Bibliografía.

[1] Suarez-Agudelo, JM. (2012). *Aprovechamiento de los residuos sólidos provenientes del Beneficio del café, en el municipio de Betania Antioquia: usos y aplicaciones.* Tesis de especialización. Facultad de ingenierías. Colombia.
[2] Rodríguez, N., Zambrano D. (2010). *Los subproductos de café: fuente de energía renovable*. Cenicafé, 393.

[3] Arias, RA., Meneses, JD. (2016). *Caracterización fisicoquímica de residuos agroindustriales como materia prima potencial para la obtención de bioetanol*. Tesis de Licenciatura. UNAN-Managua.
[4] Kumar, VS., Fenila F., Shastri Y. (2017*) Sensitivity analysis and stochastic modelling of lignocellulosic feedstock pretreatment and hydrolysis. Computers and Chemical Engineering*, 106:23–39
[5] Pérez, L.M. (2016). *Análisis teórico-experimental de la ruta metabólica fermentativa de Saccharomyces cerevisiae en la obtención de etanol*. Tesis de Maestría, Departamento de Biotecnología, CINVESTAV.

PRODUCCIÓN DE BIOGÁS Y RECUPERACIÓN DE MICROCELULOSA A PARTIR DE BAGAZO DE AGAVE DENTRO DE UN CONCEPTO DE BIORREFINERÍA.

Dendera Munguía-Aguilar; Elías Razo-Flores; Héctor Arturo Ruiz-Leza; Cesar Nieto-Delgado; Edith Marleny Camarena-Chamorro; Felipe Alatriste-Mondragón.
División de Ciencias Ambientales, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica A.C., San Luis Potosí, SLP, México. C.P. 78216.
*dendera.munguia@ipicyt.edu.mx

Palabras clave: Bagazo de agave, microcelulosa, biogás.

Introducción. Las biorrefinerías de biomasa lignocelulósica permiten el procesamiento sostenible de la biomasa para la obtención de un amplio espectro de productos comercializables y bioenergía. El bagazo de Agave tequilana Weber var. Azul es un residuo agroindustrial con un alto potencial para ser empleado como materia prima de una biorrefinería, debido a que se desechan grandes cantidades y a su composición química (celulosa amorfa y microcelulosa, hemicelulosa y lignina). Para la obtención de la microcelulosa, se puede aplicar tratamientos que permita remover primero la hemicelulosa, seguido de lignina y finalmente celulosa amorfa. De esta forma, los azúcares removidos de la hemicelulosa y la celulosa amorfa se pueden utilizar como fuente de carbono en la digestión anaerobia para la producción de biogás.

El objetivo de este trabajo es evaluar la producción de biogás y obtener microcelulosa a partir de bagazo de agave empleando un proceso secuencial de tres tratamientos dentro del concepto de biorrefinería.

Metodología. El bagazo sin tratamiento (BST) fue tratado hidrotérmicamente a 180°C, por 50 min en un reactor de acero presurizado, para remover la hemicelulosa. La fase líquida resultante se empleó para realizar pruebas de producción de biogás [1]. El bagazo tratado hidrotérmicamente (BTH) se deslignificó empleando ácido *p*-toluensulfónico [2]. Finalmente, se optimizó el tratamiento para remover la celulosa amorfa de la fibra deslignificada, empleando la enzima Cellic® CTec-2. Se realizó un diseño central compuesto (DCC), en donde se evaluaron dos factores: cantidad de enzima (100-300 FPU/g bagazo) y tiempo (2-9 h). La variable de respuesta fue el índice de cristalinidad (IC%) [3]. Al líquido resultante (hidrolizado) también se utilizará para evaluar la producción de biogás (estos resultados se presentarán hasta el congreso). La microcelulosa se caracterizó por SEM, XRD y NREL [4].

Resultados. En la Fig. 1 se encuentra el balance de masa del proceso secuencial para la recuperación de microcelulosa del bagazo de agave (MC-Bag), así como la producción de biogás a partir del hidrolizado hidrotérmico. El tratamiento hidrotérmico, fue efectivo para remover hemicelulosa (96%), y el tratamiento de deslignificación *p*-TsOH, para remover lignina (66% con respecto al BTH y 68.44 con respecto al BST). Además, el tratamiento con *p*-TsOH removió 97.45% de las cenizas con respecto al BST. La Fig.2 muestra la superficie de respuesta del DCC. La mejor condición para obtener MC-Bag requirió 100FPU/g bagazo por 2 h

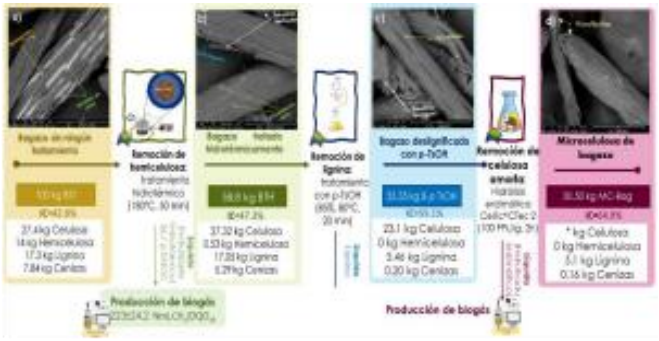


Fig. 1. Micrografías y balance de masa con base en 100 kg de bagazo de agave para la obtención de microcelulosa y producción de biogás.

alcanzándose un IC de 64.9% (Fig. 2-b) semejante al del AVICEL (68.5%). El biogás obtenido a partir del hidrolizado hidrotérmico fue de 223 ±24.2 NmL $CH_4/DQO_{añad}$, valor cercano al reportado para otros hidrolizados [5].

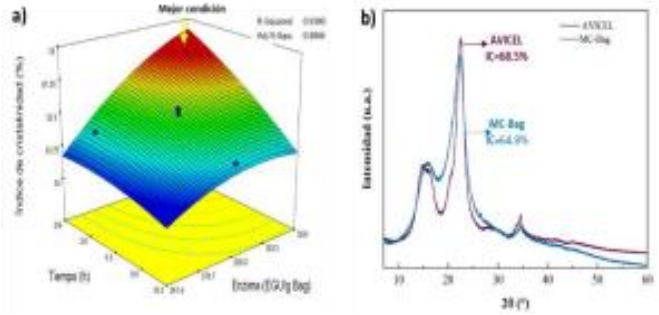


Fig. 2 a) Superficie de respuesta del DCC para la remoción de celulosa amorfa usando Cellic®CTec2. b) Difractogramas de la MC-Bag recuperada bajo la mejor condición del DCC, y del estándar AVICEL.

Conclusiones. Debido a las altas eficiencias de remoción de hemicelulosa, lignina y celulosa amorfa, el IC de la celulosa microcristalina recuperada del bagazo incrementó 1.5 veces en comparación con el bagazo sin ningún tratamiento.

Asimismo, el hidrolizado hidrotérmico produjo biogás con valores cercanos a los reportados en la literatura.

Agradecimiento. Proyecto SENER-CONACYT, Clúster de Biocombustibles Gaseosos 247006. Beca doctorado CONACYT (634206) para Dendera Munguía Aguilar

Bibliografía.

[1] Tapia-Rodríguez et al. (2019). Int. J. Hydrogen Energy. 44; 17792–17801.
[2] Bian et al. (2017). Green Chem. 19; 3370–3379.
[3] Pérez-Pimienta et al. (2020). RSC Adv. 10; 14025–14032.
[4] NREL Laboratory Analytical Procedure (2008). https://www.nrel.gov/docs/gen/fy13/42618.pdf.
[5] Valdez-Vazquez et al. (2020). Ind. Crops Prod. 145; 112160.

CARACTERIZACIÓN DE LA HIDRÓLISIS QUÍMICA Y ENZIMÁTICA DEL TALLO DE AMARANTO PARA LA OBTENCIÓN DE AZÚCARES FERMENTABLES.

Ana Maria Garcia[1], Agustín Mora[1], Ernesto Enciso[1], Maria Belem Arce[1] *[1]Eficiencia energética y Energías Renovables, División de Ingeniería Mecánica, Mecatrónica e Industrial, Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec, Av. Tecnológico S/N, Ecatepec de Morelos, C.P.55210, Estado de México, México.
*mariaarce@tese.edu.mx

Palabras clave: hidrólisis enzimática, tallo de amaranto, bioetanol.

Introducción. En la búsqueda de fuentes alternas renovables, la biomasa lignocelulósica es una materia prima que se perfila para la producción de biocombustibles [1]. El tallo de amaranto (T.A.) representa el 75% de la biomasa generada del cultivo de amaranto y por su disponibilidad, composición estructural, bajo costo, así como los efectos positivos que tiene al disminuir los factores de contaminación que implica su quema a cielo abierto [2] se puede utilizar para la producción de etanol. Se tiene por objeto evaluar el rendimiento de azúcares liberados por la hidrólisis química y enzimática del tallo de *Amaranthus hypochondriacus L.* para la obtención de bioetanol.

Metodología. Se obtuvo harina mediante la molienda y el tamizado con malla de 420 µm. Se deslignificó 50g de harina con NaOH 1N y $CaSO_4$, relación 1:20, durante 15min. Para el proceso de sacarificación se realizó una hidrólisis ácida con H_2SO_4 al 2.5% (v/v), variando las temperaturas (70, 90 y 110ºC) y tiempos (60, 90, 110, 150 y 210 min) de hidrólisis. Se realizo la hidrólisis enzimática usando como sustrato T.A. en buffer de acetatos con un pH 5.0, comparando dos tratamientos enzimáticos; el primer tratamiento fueron enzimas por separadas endo-1-4-β-D-glucanosa, cellobiohydrolasa, a 45ºC por un tiempo de 4h posteriormente se agregó hemicelulasa y celulasa a 37ºC en agitación constante a 150 rpm. Para el segundo tratamiento se utilizó el coctel comercial de enzimas Driselase™ en agitación a 150 rpm a una temperatura de 50°C, y un tiempo de 10h.

Resultados.

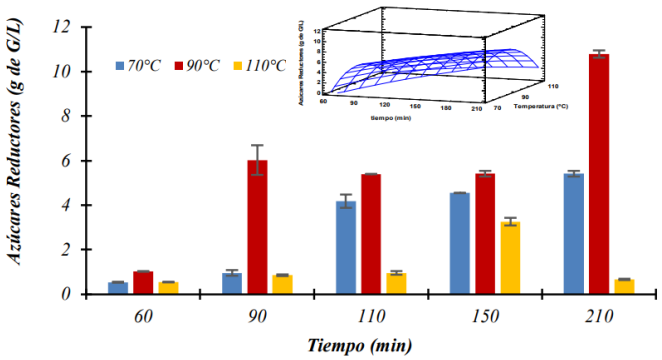


Fig. 1. Producción de azúcares del tallo de amaranto.

En la Fig. 1. se observa la hidrolisis química con H_2SO_4 al 2.5% (v/v) y las diferentes condiciones de operación. A una temperatura de 90ºC, y un tiempo de 210min, se presentó la mayor liberación de azúcares (10.79±0.21 g de glucosa/g T.A.). Los resultados obtenidos superan lo reportado por [3] donde se realiza la hidrólisis ácida con 8% de H_2SO_4 durante 6h sobre paja obteniendo 0.41 g de glucosa/g de paja.

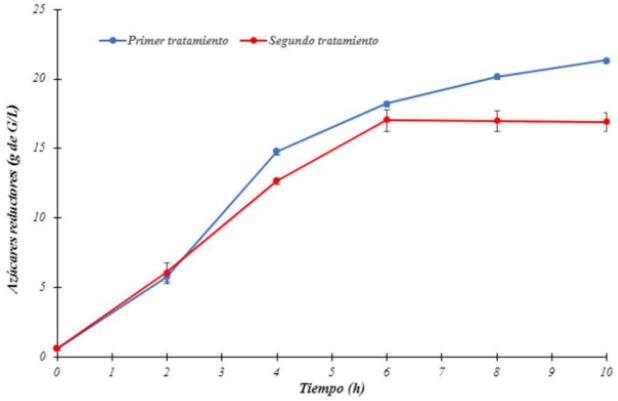


Fig. 2. Producción de azúcares reductores durante la hidrólisis enzimática con los dos tratamientos propuestos.

En la Fig. 2. Se presenta la hidrólisis enzimática del tallo de amaranto. Se observo que con el primer tratamiento se obtuvo 21.27±0.32 g de G/g de T.A. y con el segundo tratamiento 17.01 ±0.74 g de G/g de T.A. Al comparar los resultados obtenidos con lo investigado se observa una mayor producción de azúcares que lo reportado por [4] quien aplico un conjunto enzimático en la cascarilla de cebada con un pH 5.0 a 50ºC por un tiempo de 5h obteniendo 16.5g/L. Conclusiones. Al realizar una deslignificación del material lignocelulósico y romper la pared celular del tallo de amaranto se obtiene el doble de azúcares por hidrólisis enzimática comparada con la hidrólisis química. Los licores obtenidos, pueden ser usados para producir bioetanol mediante una fermentación en un proceso posterior.

Agradecimiento. Por el apoyo para la realización de este proyecto al COMECYT folio EESP2021-0051.

Bibliografía.

1. Saini, J. K., Saini, R., & Tewari, L. (2015). Biotech 5(4), 337-353.
2. Ruiz, F., Barrera, A., Alquicira, E., Pérez, J., Ramos, R., & Santos, J (2019). African Journal of Traditional 16(1), 1-12.
3. Albarracín, K. G., Jaramillo, L. I., & Albuja, M. (2015). Politécnica, 36(2), 109.
4. Cruz Y., Cadena E., & Arango J. (2019). Información tecnológica, 30(4), 41-50.

PRODUCCIÓN DE ETANOL A PARTIR DE SACARIFICADOS DE BAGACILLO DE CAÑA USANDO *S. cerevisiae* RP2-BGL.

Connie Marisol Chávez Rodríguez, Teresa Ponce Noyola, Ana C. Ramos Valdivia, Héctor M. Poggi Varaldo. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (CINVESTAV-IPN), Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, CDMX, C.P. 07360
connie.chavez@cinvestav.mx.

Palabras clave: bioetanol, S. cerevisiae, sacarificados

Introducción. Actualmente, el bioetanol es uno de los biocombustibles más producidos a nivel mundial (1). Una estrategia para su producción es mediante Hidrólisis y Fermentación Secuenciales (SHF, por sus siglas en inglés), cuya principal ventaja es operar en las mejores condiciones de cada proceso (2). En este trabajo se utilizó al bagacillo de caña de caña de azúcar (BCC) como fuente de biomasa lignocelulósica y a *S. cerevisiae* RP2-BGL, la cual expresa extracelularmente una β-glucosidasa (3) que le confiere la capacidad de utilizar a la celobiosa, también presente en los sacarificados de bagacillo de caña (SBCC). El objetivo de este trabajo es producir bioetanol mediante *S. cerevisiae* RP2-BGL en SBCC.

Metodología. El proyecto se dividió en las siguientes etapas: **a)** pretratamiento del BCC con NaOH 2% p/v y determinación de celulosa, holocelulosa, lignina, humedad y cenizas; **b)** sacarificación enzimática del BCC pretratado, utilizando un cóctel comercial de celulasas (Celluclast® BG) a pH 4.8 y, mediante la metodología de Superficie de Respuesta y Diseño Central Compuesto se buscó su optimización; c) producción de etanol en cultivo en lote a 30°C bajo condiciones limitadas de aire y 60 rpm usando SBCC equivalente a 20 g/L de azúcares reductores cuantificados por DNS. Se tomaron muestras cada 2 h a las cuales se evaluó el crecimiento interpolando la DO a 660 nm, en una curva estándar de biomasa (g/L). Los diferentes celo-oligosacáridos así como la glucosa y el etanol fueron cuantificados mediante HPLC.

Resultados. El pretratamiento alcalino del BCC favoreció la remoción de la lignina logrando un incremento en la proporción de la celulosa (Tabla 1). Este incremento en la celulosa es favorable para la sacarificación ya que a partir de ella se obtienen la glucosa y la celobiosa que serán fermentadas. Mediante la optimización de la sacarificación se logró obtener 11.3 g/L. Los SBCC se usaron como sustrato en la fermentación por *S. cerevisiae* RP2-BGL.En la cinética en lote se observa que a pesar de realizarse en condiciones limitadas de oxígeno, hubo un ligero incremento en la biomasa. Se produjo etanol con una concentración de 7.45 g/L a las 12 h donde se observa un agotamiento del sustrato. El rendimiento obtenido en esas condiciones fue 0.49 $g_{etanol}/g_{azúcares}$ (Figura 1). Estos resultados señalan que S. cerevisiae RP2-BGL es capaz de utilizar los azúcares presentes en los SBCC sin una inhibición aparente por presencia de compuestos fenólicos en el sacarificado.

Tabla 1. Composición del Bagacillo de caña

Componente	No pretratado (%)	Pretratado (%)	Cambio (%)
Celulosa	34.98 ±4.05	56.84 ±1.63	43.67
Hemicelulosa	33.52 ±0.25	33.52 ±0.18	-13.31
Lignina	21.90 ±2.62	8.90 ±1.48	-59.36
Humedad	5.46 ±0.002	5.44 ±0.001	-0.33
Cenizas	4.48 ±0.44	2.34 ±0.13	-47.85

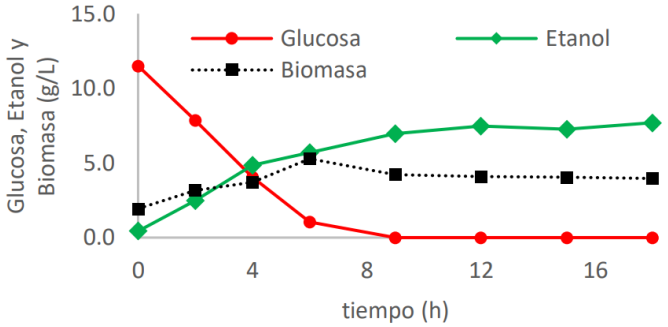


Fig. 1. Producción de etanol por S.cerevisiae RP2-BGL en SBCC.

Conclusiones. -El tratamiento con NaOH 2% p/v incrementó cerca del 44% la proporción de celulosa en el BCC -Se logró la producción de etanol a partir de sacarificados de BCC

Agradecimiento. CMCR es becaria del Conacyt 775214

Bibliografía.

1. Alalwan, H.A., Alminshid, A.H. & Aljaafari, H.A.S. (2019). *Promising evolution of biofuel generations. Subject review. Renewable Energy Focus* 28: 127-139.
2. Menon, V. & Rao, M. (2012). *Trends in bioconversion of lignocellulose: Biofuels, platform chemicals & biorefinery concept. Prog Energy Combust Sci* 38: 522-550.
3. Ríos-Fránquez, F.J., Gónzález-Bautista, E., Ponce-Noyola, T., Ramos-Valdivia, A.C., Poggi-Varaldo, H.M., García-Mena, J. & Martínez, A. (2017). *Expression of a codon-optimized β-glucosidase from Cellulomonas flavigena PR-22 in Sachharomyces cerevisiae for bioethanol production from cellobiose*. Arch Microbiol 199: 605- 611

HIDRÓLISIS QUÍMICA DE LA SEMILLA DE AGUACATE Y SU USO POTENCIAL PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL

Luis Caballero, Alejandra Vargas-Tah, Agustín Castro, Facultad de Ingeniería Química, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, Mich., 58030
luis.caballero.schez@gmail.com

Palabras clave: semilla de aguacate, almidón, hidrólisis química.

Introducción. En México se estima que, por cada millón de toneladas cosechadas de aguacate, al menos 45% de cáscaras y semillas se van a la basura. La semilla de aguacate es una fuente rica en almidón que tiene alto potencial para la producción de bioetanol carburante de 1ª generación. El bioetanol se obtiene mediante la transformación de los polisacáridos que constituyen la materia vegetal a través de un proceso de fermentación, previo a esta etapa, se requieren azúcares simples que se obtienen a partir de la descomposición de los carbohidratos estructurales de la biomasa, mediante la acción de enzimas o ácidos.

El objetivo de este trabajo es obtener la mayor cantidad de glucosa liberada en la hidrólisis ácida del almidón contenido en la semilla de aguacate.

Metodología. Se recolectó la semilla de aguacate tipo Hass, se lavó con agua corriente y se secó en horno a 80 °C por 24 horas. Posteriormente se molió y tamizó, recuperándose el material entre las mallas 20-80. La extracción de almidón se realizó empleando por separado semillas de aguacate frescas y secas utilizando la técnica descrita en (1). La hidrólisis ácida se realizó a la semilla molida, almidón extraído y almidón comercial. Se preparó una mezcla de reacción de 100 g con una carga de almidón de 10.72% p/p y el resto de H_2SO_4 al 2% p/p, la reacción se llevó a 87 °C y 100 rpm por 12 h. Para identificar y cuantificar azúcares reductores se utilizaron los métodos DNS (2) y HPLC. Todos los experimentos se realizaron por triplicado.

Resultados. Los resultados de la extracción de almidón mostraron un rendimiento de 16.85% para semillas secas y 29.79% para semillas frescas. Esta diferencia se podría atribuir al proceso de secado, pues se ha reportado que este proceso dificulta la separación del almidón en otros materiales (3). La figura 1 muestra los azúcares reductores obtenidos de la hidrólisis de los materiales analizados. Se observa un aumento en la concentración de azúcares reductores con el tiempo, siendo el porcentaje de almidón hidrolizado de 88.12% para la semilla molida, de 86.38% para el almidón extraído, y de 88.22% para el almidón comercial. Los azúcares identificados por cromatografía y su concentración se muestran en la tabla 1, observándose que la concentración de glucosa en el almidón extraído es mayor respecto a la semilla molida, mientras que en la hidrólisis de ésta última se observa la presencia de azúcares estructurales del material lignocelulósico de la semilla. Estos resultados indican que el almidón es hidrolizado en forma más eficiente en el almidón extraído respecto al almidón contenido en la semilla completa.

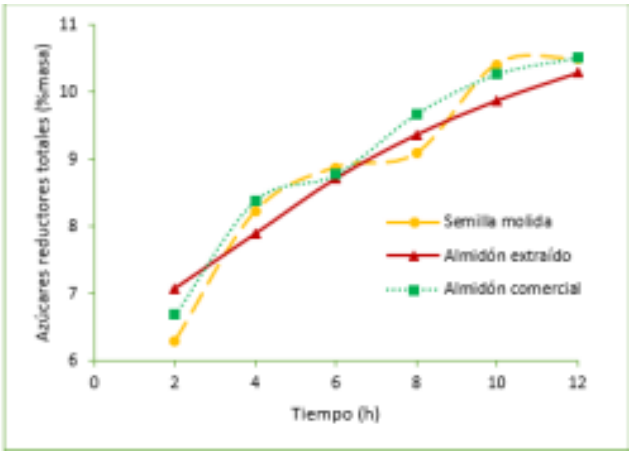


Fig. 1. Hidrólisis ácida en función del tiempo.

Tabla 1. Concentración de azúcares identificados por HPLC de los materiales hidrolizados.

	Concentración de azúcares reductores (g/L)		
	Semilla molida	Almidón extraído	Almidón comercial
Glucosa	69.28 ± 2.04	84.32 ± 0.92	95.01 ± 1.53
Xilosa	20.22 ± 1.08	3.51 ± 0.55	0.00
Arabinosa	2.71 ± 0.21	0.64 ± 0.19	0.00
Total	92.21	88.47	95.01

Conclusiones. La hidrólisis de la semilla molida presentó mayor cantidad de azúcares reductores comparado al hidrolizado del almidón extraído; sin embrago, presenta cantidades considerables de pentosas provenientes de la hidrólisis de la parte hemicelulósica de la semilla. En ambos hidrolizados se tiene la ventaja de que no hubo formación de furfural y HMF, compuestos inhibidores en la fermentación de azúcares.

Agradecimiento. A CONACyT por la beca otorgada para realizar mis estudios de maestría.

Bibliografía.

1. Souza D., Dos Santos I., De Melo L., Pereira J., Pereira W., Palmeira J. y Feitosa R. (2018). *Food Research International*. vol (124), 181-187.
2. Ghose T. K. (1987). *Pure & Appl. Chem*. vol (59), 257-268.
3. Rivera G., Amaya C. y De la Rosa J. (2019). *International Journal of Food Science and Technology*. vol (54), 2447-2457.

PRODUCCIÓN DE BIOETANOL A PARTIR DE LA SEMILLA DE AGUACATE UTILIZANDO *Saccharomyces cerevisiae*

Luis Caballero, Alejandra Vargas-Tah, Agustín Castro, Facultad de Ingeniería Química, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, Mich., 58030,
luis.caballero.schez@gmail.com

Palabras clave: semilla de aguacate, Saccharomyces cerevisiae, bioetanol.

Introducción. La biomasa es materia orgánica originada en un proceso biológico que puede emplearse en la obtención de diversos productos con valor agregado, entre ellos el etanol que puede emplearse como combustible o como desinfectante. La semilla de aguacate es una fuente de biomasa, en donde la tercera parte de su peso es almidón (1), el cual puede extraerse e hidrolizarse para ser transformado por vía fermentativa hacia etanol; valorizando de ésta forma la semilla de aguacate.
El objetivo de este trabajo es fermentar hacia etanol la glucosa obtenida de la hidrólisis química del almidón extraído del hueso de aguacate, empleando como organismo fermentativo *S. cerevisiae.*

Metodología. Se extrajo el almidón de semillas frescas de aguacate tipo Hass, como se describe en (2). Para la hidrólisis química se empleó una mezcla de reacción de 100 g con 15% p/p de almidón y el resto de H_2SO_4 al 2% p/p, la reacción se llevó a 87 °C y 100 rpm por 12 h. El hidrolizado fue llevado a pH de 5.0 con NH_4OH al 14.6% v/v. La fermentación se realizó en matraces con 100 ml de volumen, empleando 0.5 g de levadura liofilizada (hidratada en 2.5 ml de medio YPD a 35 °C por 30 min). Fueron probadas dos cepas comerciales de *S. cerevisiae*. La levadura fue inoculada en el hidrolizado y se monitoreó durante 48 h. Las muestras de la hidrólisis química del almidón y de la fermentación fueron analizadas por HPLC. Todos los experimentos se realizaron por triplicado.

Resultados. Al final de la hidrólisis del almidón se obtuvieron: 109.79 g/L de glucosa, 0.99 g/L de xilosa y 0.38 g/L de arabinosa. Indicando que hay trazas de material lignocelulósico en el almidón extraído; sin embargo, el análisis por HPLC no indicó la presencia de furfural y HMF, característicos de la hidrólisis de materiales lignocelulósicos, que son compuestos inhibidores del crecimiento de células de levadura (3). La fermentación del hidrolizado por las dos cepas probadas se muestra en las figuras 1 y 2. La concentración de etanol obtenida fue de 47.61 g/L y 49.05 g/L utilizando la cepa Fermentum-vocatus y DistilaMax® DS, respectivamente. La tabla 1 presenta la comparación de los parámetros cinéticos entre ambas cepas, $Y_{p/s}$ y Q.

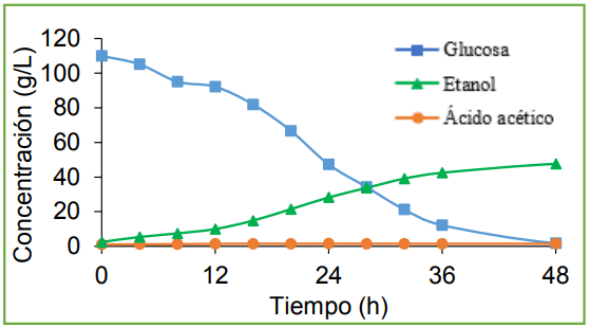


Fig. 1. Perfil de consumo de glucosa y producción de bioetanol utilizando la cepa Fermentum-Vocatus.

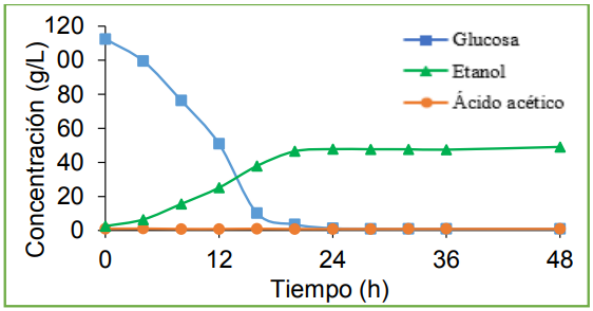


Fig. 2. Perfil de consumo de glucosa y producción de bioetanol utilizando la cepa DistilaMax® DS.

Tabla 1. Comparación de los parámetros cinéticos entre cepas.

Parámetro	Fermentum-Vocatus	DistilaMax®DS
$Y_{p/s}$ ($g_{etanol}/g_{glucosa}$)	0.41 ± 0.01	0.41 ± 0.02
Q (g_{etanol}/Lh)	1.07 ± 0.09	1.89 ± 0.06

Conclusiones. Se logró hidrolizar el almidón de la semilla de aguacate hacia glucosa mediante hidrólisis química, sin la presencia de compuestos inhibitorios que impidieran la fermentación; además no fue necesario adicionar sales al hidrolizado para promover la fermentación.

Agradecimiento. A CONACyT por la beca otorgada para realizar mis estudios de maestría.

Bibliografía.

1. Lacerda L., Denck T., Bauab T., Da Silva M., Mottin I., Carvalho E. y Schnitzler E. (2013). J. Therm. Anal. Calorim. vol (115), 1893–1899.
2. Souza D., Dos Santos I., De Melo L., Pereira J., Pereira W., Palmeira J. y Feitosa R. (2018). Food Research International. vol (124), 181-187.
3. Bušic A., Marđetko N., Kundas S., Morzak G., Belskaya H., Šantek M., Komes D., Novak S. y Šantek B. (2018). Food Technol. Biotechnol. vol (56), 289-309.

CARACTERIZACIÒN CINÈTICA DE *CHLORELLA VULGARIS* CF. EN UNA COLUMNA TIPO AERLIFT

Elisa Leonor García Cruz[a], Gustavo Alberto Núñez Alvares[a], Armando González Sánchez[b] y Wenceslao Cuauhtémoc Bonilla Blancas[a].[a]Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec-TESE, Posgrado de eficiencia energética y energías renovables. Av. Tecnológico s/n, 55210, Ecatepec de Morelos, Méx.[b]Instituto de Ingeniería-UNAM, Circuito escolar s/n, 04510, CDMX.
wcbonilla@tese.edu.mx,

Palabras clave: Microalgas, airlift, lípidos

Introducción. Las microalgas son organismos fotosintéticos, con una gran capacidad de fijar CO_2, tienen una alta productividad de biomasa y pueden contener lípidos hasta en un 50% (p/p) (Kassim et al., 2017). Está reportado que la acumulación de lípidos en las microalgas se promueve con la restricción de nitrógeno, sin embargo, la biomasa estará condicionada a bajas productividades (Dragone et al., 2011).
En este sentido, el objetivo de este estudio fue optimizar los parámetros operacionales de una columna de absorción *airlif* a fin de obtener biomasa con alto porcentaje de lípidos sin restricción de las productividades de la biomasa.

Metodología. Se empleó una cepa de *Chlorella vulgaris cf*., cultivada en una columna *airlift*, cultivo en lote, luz permanente, con un volumen de 9.0 L de medio BG11. La columna *airlift*, fue diseñada y construida en el laboratorio de energías alternas y renovables del TESE. La determinación de lípidos totales se realizó mediante una técnica colorimétrica (Knight et al., 1972). Mientras que la biomasa se cuantifico por gravimetría (APHA). Los parámetros cinéticos fueron determinados mediante las siguientes ecuaciones:1) Tasa especifica de crecimiento (μ), 2) productividad de la biomasa (P_x) y 3) productividad de lípidos (P_L). Donde biomasa (x) [g m^{-3}], tiempo (t) [d] y lípidos (L) [g m^{-3}].

$$1)\ \mu = \frac{L_n x_t - L_n x_0}{t - t_0};\quad 2) P_x = \frac{x_t - x_0}{t - t_0};\quad 3) P_L = \mu * L$$

Resultados. La Fig.1., muestra el consorcio de *C. vulgaris cf*. Se desarrolló y puso en marcha la columna *airlift*, ver Fig.2., con un sistema de control para regular ciclos de luz/oscuridad. Está reportado que la luz continua puede afectar negativamente el funcionamiento del aparato fotosintético de las microalgas reduciendo su productividad, aunque en el presente trabajo se estimó una productividad de 500 $gm^{-3}d^{-1}$que es un valor promedio, ampliamente reportado para el cultivo de microalgas con ciclos de luz oscuridad (Zhao y Su, 2014). Aun no se han determinado los lípidos de la biomasa, sin embargo, asumiendo una composición de la biomasa con un contenido de lípidos del 20% como se ha reportado (Kassim et al., 2017), se obtendrían 100 $gm^{-3}d^{-1}$. Asumiendo una composición de la biomasa con el 50% (p/p) de lípidos se obtendrían una productividad de 250 $gm^{-3}d^{-1}$. Estos valores son mayores a los obtenidos por Toledo- Cervantes 2013 et al., por lo que el cultivo de *C. vulgaris* cultivado en la columna *airlift* tendría potencial de aplicación como precursor de biodiesel.

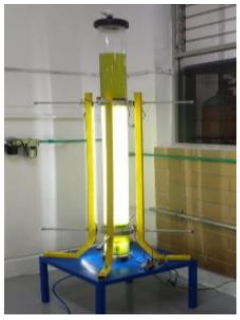


Fig.1. Columna *Airlif*

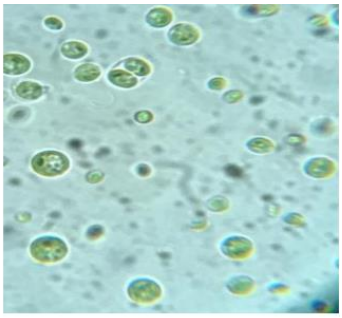


Fig. 2. Microfotografía 100 x de *C. vulgaris cf*.

Conclusiones. La limitación de nitrógeno promovió la acumulación de lípidos, sin restricción de la productividad debido a la iluminación permanente.

Agradecimiento. Al Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología (COMECyT), por la beca otorgada mediante el programa: “Estancias de Investigación Especializadas”.

Bibliografía.

1. Kassim, M., Meng, T. (2017). Carbon dioxide (CO2) biofixation by microalgae and its potential for biorefinery and biofuel production. Sci. Tot. Envi. 584–585 (1): 1121–1129.
2. Dragone, G., Fernandes, B.D., Abreu, A.P., Vicente, A.A., Teixeira, J.A., (2011). Nutrient limitation as a strategy for increasing starch accumulation in microalgae. Appl. Energy 88 (10), 3331–3335.
3. Knigth, J.A, Anderson, S., Rawle, J.M. (1972). Chemical basis of sulpho-phosphovanillin reaction for stimating total serum lipids. Clin.Chem. (18): 199-202.
4. Zhao, B. y Su, Y. (2014). Process effect of microalgal-carbon dioxide fixation and biomass production: A review. Renewable and Sustainable Energy Reviews (31):121–132.
5. Toledo-Cervantes, A., Morales, M., Novelo, E., Revah, S. (2013). Bioresour. Technol. (130): 652–658.



Área VII

Biopolímeros y biomateriales

Contenido

MICOPLÁSTICO: *Ganoderma curtisii* COMO SUSTITUTO DEL POLIESTIRENO EXPANDIDO
María Fernanda Gutiérrez Pérez, Yarey Maldonado Calixto, Sonia Esmeralda Luna Irineo, Sandra Ivonne Martínez Mejía, Yulma Cinthya Calixto Morales, Andrea Coba de Ita, Aimeé Hernández Acuña, Alberto Hernández Crespo, M.C. Montserrat Vázquez Balbuena, Biól. Eloy Herrera Vázquez y M.I. Carolina Osnaya Gamboa 266

FUNCIONALIZACIÓN SUPERFICIAL DEL PEEK POR PROYECCIÓN TÉRMICA POR PLASMA ATMOSFÉRICO
John Henao, Benjamín Ortega, Elmer A. Lugo P., Jorge Corona, Astrid Giraldo, Carlos Poblano 267

CARACTERIZACIÓN DE ANDAMIOS DE ALGINATO-QUITOSANO PARA SU APLICACIÓN EN INGENIERÍA DE TEJIDOS
Daniela I. Angeles Cruz, Cinthya González Jacinto, Yenifer Alba Trejo, Emmanuel Francisco Solano, Nohra E. Beltrán Vargas 268

ESTANDARIZACIÓN DE UNA METODOLOGÍA PARA LA OBTENCION DE HIDROGEL MIXTO PARA EL ENCAPSULAMIENTO DE CELULAS DE GLIOBLASTOMA MULTIFORME
Janette Aguilera, Guadalupe De Dios, Edwin Reza, Alejandro Canales, Pavel Lugo 269

OPTIMIZACIÓN DE UN PROCESO PARA OBTENER ÁCIDO LÁCTICO A PARTIR DE ALMIDÓN
Denisse Elibeth Ramos Suarez, Norma Angélica Chávez Vela, Gpe. Javier Araiza Arvilla, E. Verónica Moreno Córdova 270

OBTENCIÓN DE POLIHIDROXIALCANOATOS A PARTIR DE CONSORCIOS DE CIANOBACTERIAS PROCEDENTES DE AGUAS RESIDUALES
Enrique Romero Frasca, Germán Buitrón 271

CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN DE LA VIDA DE ANAQUEL DEL MUCÍLAGO DE NOPAL *Opuntia ficus indica*
Kenia Itzel Guerrero Téllez, Isadora Martínez Arellano, María Soledad Córdova Aguilar 272

OBTENCIÓN DE RECUBRIMIENTOS POROSOS DE HAp POR HVOF PARA APLICACIONES EN ORTOPEDIA
Juan Jamboos, John Henao, Carlos Poblano 273

FABRICACIÓN DE UNA COLUMNA DE FASE ESTACIONARIA MONOLÍTICA PARA CROMATOGRAFÍA DE PROTEÍNAS
Elizabeth Pérez Rodríguez, Mirna Lorena Sánchez, José Guillermo González Valdez, Marco Arnulfo Mata Gómez 274

EVALUACIÓN DEL PROCESO DE ELECTROHILADO EN LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE MEMBRANAS ELABORADAS DE BIOPOLÍMEROS Y COMPONENTES VEGETALES
Karla Katiushka Solís Arévalo, Carlos Solís Rojas, María del Socorro Flores González, Katiushka Arévalo Niño 275

DETERMINACIÓN DE LA FUNCIÓN DE DOS NUEVAS PROTEÍNAS PHASIANAS EN LA PRODUCCIÓN DE PLÁSTICOS BIODEGRADABLES EN *Azotobacter vinelandii*
Jessica Ruiz Escobedo, Josefina Guzmán, Soledad Moreno, Alma Reyes González, Guadalupe Espín, Daniel Segura 276

DEL ALMIDÓN MODIFICADO AL ALMIDÓN NATIVO: POSIBILIDAD DE USO POR VÍA NASAL
Nathaly Vasquez-Martínez, Pedro Medina-Granados, Daniel Alejandro Guillen-Santos, Roció Casañas-Pimentel, Romina Rodríguez-Sanoja 277

ANALISIS DE LA REGULACIÓN DE LA POLIMERIZACIÓN DE BIOPLÁSTICO POLIHIDROXIBUTIRATO (PHB) POR LAS PROTEÍNAS PhbF y Avin_33510 en *Azotobacter vinelandii*
Thalía Barrientos Millán, Libertad Adaya, Holjes Salgado, Josefina Guzmán, Soledad Moreno, Carlos Peña, Guadalupe Espín, Daniel Segura González 278

CARACTERIZACIÓN DE ALMIDÓN RECUPERADO DE PAPA DE RESIDUO INDUSTRIAL
María Diana G. Montoya-Anaya, Claudia Grijalva-Verdugo, César L. Aguirre-Mancilla, J. Tomás Madera-Santana, J. Rubén Rodríguez-Núñez 279

MATERIALES BIOHÍBRIDOS: NANOVESÍCULAS DE LÍPIDOS, PROTEÍNAS Y POLÍMEROS
R. Pérez-Isidoro, F.J. Guevara-Pantoja, C. Ventura-Hunter, C. Guerrero-Sánchez, E Saldívar-Guerra 280

BIOSÍNTESIS DE POLIHIDROXIALCANOATOS UTILIZANDO GLICEROL CRUDO COMO FUENTE DE CARBONO Y PSEUDOMONAS
Valeria Ramírez, Liliana Cruz, Alejandra. Álvarez, Juan de Dios. Galindo y Vanessa Vallejo 281

APLICACIÓN DE LA TÉCNICA DE ELECTROHILADO EN LA FABRICACIÓN DE ANDAMIOS DE GELATINA
José Luis Quijano Mendoza, Nayeli Rodríguez Fuentes, Fernando Hernández Sánchez, Hugo Joel Carrillo Escalante 282

MICOPLÁSTICO: *Ganoderma curtisii* COMO SUSTITUTO DEL POLIESTIRENO EXPANDIDO

María Fernanda Gutiérrez Pérez, Yarey Maldonado Calixto, Sonia Esmeralda Luna Irineo, Sandra Ivonne Martínez Mejía, Yulma Cinthya Calixto Morales, Andrea Coba de Ita, Aimeé Hernández Acuña, Alberto Hernández Crespo, M.C. Montserrat Vázquez Balbuena, Biól. Eloy Herrera Vázquez y M.I. Carolina Osnaya Gamboa. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP), Facultad de Ciencias Biológicas, Puebla, Pue. 72570.
maria.gutierrezpere@alumno.buap.mx

Palabras clave: Bioplástico; Micelio; Unicel

Introducción. El actual uso desmedido de los plásticos de un solo uso ha generado una problemática medioambiental que puede traer grandes consecuencias a futuro. Debido a ello, en los últimos años se ha propuesto la fabricación de materiales biodegradables que funcionen como una alternativa al uso del plástico. Se han utilizado como objetos de estudio el micelio de *Agaricus bisporus, Pleurotus ostreatus, Ganoderma lucidum, Pycnoporus sanguineus, Pleurotus albidus* y *Lentinus velutinus* (1,2,3) para la elaboración de materiales de construcción y materiales biodegradables de bajo costo de producción. Sin embargo, aún no se ha explorado el potencial del micelio de *Ganoderma curtisii* como una alternativa para producir un bioplástico que pueda sustituir al poliestireno expandido (unicel).

El objetivo de este proyecto fue determinar si cuatro propiedades físicas de los bioplásticos obtenidos a base del micelio de *G. curtisii,* cultivado en paja (grupo control) o sustratos vegetales ricos en celulosa (olote de maíz) o lignina (aserrín de encino), son equiparables a los valores registrados para el poliestireno expandido (EPS).

Metodología. Se inoculó *G. curtisii* en diferentes sustratos ricos en polisacáridos (lignina o celulosa), se dejó crecer el micelio durante 28 días (4). Posteriormente se les realizaron cuatro pruebas mecánicas (resistencia a la compresión, impermeabilidad, densidad y resistencia térmica), una espectroscopia de rayos X de energía dispersiva (EDS) y una microscopía electrónica de barrido (SEM). Finalmente, los valores registrados se contrastaron con los del poliestireno expandido.

Resultados. La resistencia a la compresión del bioplástico cultivado en olote (52.86 MPa) fue la más alta de todos los grupos (paja: 22.98 MPa; aserrín: 11.49 MPa); mientras que el unicel presenta una resistencia de sólo 0.132 MPa y una densidad de 0.03 kg/L (5). De forma similar, todos los bioplásticos tuvieron una densidad mayor a la del unicel, aunque el bioplástico crecido en aserrín presentó el valor medio más alto, seguido del olote y la paja (0.246 Kg/L, 0.176 Kg/L y 0.155 Kg/L, respectivamente). En cuanto a la impermeabilidad, los biobasados de paja y aserrín obtuvieron valores (15.72 y 15.13%, respectivamente) similares a los del unicel (13-17%), mientras que en el olote la impermeabilidad fue baja (7.90%). Por último, en la prueba de la resistencia térmica, todas las muestras no sufrieron alteraciones físicas en temperaturas inferiores a 500°C. El análisis EDS evidenció que las tres muestras tienen una composición similar de C, O, Mg, Cl, y K. Deducimos que el porcentaje de O (paja: 45.2%; aserrín: 47.1%; olote: 48.7%) fue determinante para que la microestructura de los tres bioplásticos mostrara diferencias en cuanto a la compactación y entrelazado del micelio con la biopelícula formada (Figura 1).

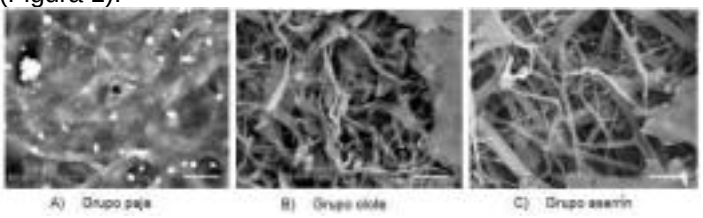


Fig. 1. Microestructura de los plásticos biobasados. En el grupo paja se observa una biopelícula completa y lisa (A), mientras que en el grupo olote se formó una biopelícula incompleta (B) al igual que en el grupo aserrín (C). Imágenes obtenidas por SEM (2000x), barra de escala equivale a 10 µm.

Conclusiones. Los bioplásticos obtenidos presentan una mejor resistencia a la compresión y una impermeabilidad similar a las del EPS, por lo que pueden ser utilizados como sustitutos del unicel para la fabricación de materiales de embalaje, de construcción o desechables.

Agradecimiento. Al laboratorio del Centro Universitario de Vinculación y Transferencia de Tecnología (CUVyTT) de la BUAP por realizar las pruebas EDS y SEM; y al Laboratorio de Procesamiento de Materiales de la FIQ por ayudarnos con las pruebas físicas.

Bibliografía.

1. Román, J., Luna, F., y Bailón, L. (2014). *Informes de la construcción.* 66 (1): 12-30.
2. Haneef, M., Ceseracciu, L., Canale, C., Bayer, I., Heredia, J., y Athanassiou, A. (2017). *Scientific Reports.* 7 (1): 1-11.
3. Bruscato, C., Malvessi, E., Brandalise, R. y Camassola, M. (2019). *Journal of Cleaner Production*. 234 (10): 225-232.
4. Sheng, Q. (2017). Producción comercial de la seta *Pleurotus spp.*
5. Pérez, N., Garnica, P., Peréz, A., Juárez, R y Castro, F. (2016). *Evaluación de las propiedades mecánicas del poliestireno expandido.* Querétaro, México: Secretaría de Comunicaciones y Transporte. 75 pp.

FUNCIONALIZACIÓN SUPERFICIAL DEL PEEK POR PROYECCIÓN TÉRMICA POR PLASMA ATMOSFÉRICO

John Henao*, Benjamín Ortega, Elmer A. Lugo P., Jorge Corona, Astrid Giraldo, Carlos Poblano

Palabras clave: Bioactividad, Biocompatibilidad, Recubrimiento

Introducción La polieteretercetona (PEEK) se ha posicionado como el material polimérico más empleado en sustitución de componentes metálicos en aplicaciones biomédicas, esto debido en gran medida a su módulo elástico (8.3GPa), cercano al del hueso cortical humano (17.7 GPa), el cual es mucho más bajo que el de otros materiales ampliamente utilizados en dichas aplicaciones como son las aleaciones de titanio (116 GPa) y de cromo-cobalto (210 GPa) [1]. En aplicaciones que implican regeneración de tejido óseo, materiales como el PEEK se encuentran limitados por su carencia de bioactividad. Hoy en día existen diferentes técnicas para modificar superficialmente materiales poliméricos con el fin de proveer a éstos de propiedades bioactivas, entre ellos la proyección térmica que consiste en la aplicación de energía térmica y cinética para fundir y acelerar partículas del material a depositar como recubrimiento hacia la superficie de una pieza o dispositivo [1, 2]. En años recientes, se han hecho esfuerzos para recubrir al PEEK con cerámicos bioactivos con poco éxito debido a las altas temperaturas requeridas para depositar estos materiales [3]. En el presente trabajo se presenta una metodología que habilita la fabricación de recubrimientos biocerámicos sobre PEEK para proveerlo de bioactividad superficial.

Metodología. Se empleó dióxido de titanio (Metco 102, Oerlikon Metco) e hidroxiapatita (Captal 30, Plasma Biotal, UK) en polvo de origen comercial, ambos materiales conocidos por su biocompatibilidad y bioactividad. El proceso de proyección térmica por plasma (APS) fue empleado para la fabricación de recubrimientos. Este proceso permite fundir y proyectar hacia la superficie del sustrato (PEEK) las partículas cerámicas a partir de un plasma formado por argón e hidrogeno que alcanza temperaturas entre 5,000 °C y 10,000 °C. Para habilitar la formación de los recubrimientos sobre el PEEK, se controló la tasa de calentamiento y enfriamiento del sustrato, así como la de la superficie al plasma. Para evaluar el éxito del método, se realizaron medidas de rayado e inmersión *in-vitro*, así como caracterización microestructural por microscopia electrónica de barrido.

Resultados. Los resultados obtenidos muestran que se requiere mantener una temperatura promedio en la superficie del PEEK inferior a la temperatura de fusión. Cuando esta se supera, produce degradación del polímero y, con ello, produce una caída en la eficiencia de depósito del proceso. En el presente trabajo se obtuvo un recubrimiento bicapa de óxido de titanio y seis capas de hidroxiapatita sobre PEEK. Los resultados del análisis de la sección transversal de los recubrimientos indican que los recubrimientos con la mayor eficiencia de depósito presentaron un espesor promedio de 85 µm para la primera capa y de 54 µm para la segunda capa, así como una porosidad 3.45% y 2.59%, respectivamente. La caracterización por rayado sobre los recubrimientos permitió calcular el esfuerzo de adhesión necesario para delaminar la capa de recubrimiento. El esfuerzo de adhesión calculado para el recubrimiento bicapa fue de 50 MPa. Finalmente, la caracterización *in-vitro* sugiere la formación de apatita en la superficie del material recubierto. Las curvas de pH en la Figura 1 muestran una mayor interacción del PEEK recubierto con respecto al que no lo está, el cual permanece a pH casi constante durante los 14 días de prueba.

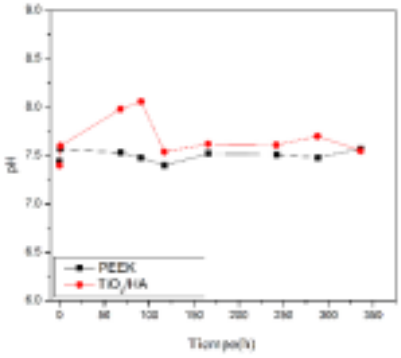


Fig. 1. Curva de pH realizada en los recubrimientos de óxido de titanio/ hidroxiapatita en comparación con el PEEK en fluido corporal simulado a 37°C por 14 días.

Conclusiones. El control de las condiciones de enfriamiento y calentamiento del PEEK permite la fabricación de recubrimientos sobre este material con propiedades bioactivas y con propiedades mecánicas funcionales para la industria biomédica.

Agradecimiento. Programa de Cátedras CONACYT 848 y 881, y al programa nacional de posgrados PNPC, beca 756422.

Bibliografía.

1. Ortega-Bautista B, González H.(2020). *Rev. Col. Ing. De Materiales*. vol (16): 90-103.

2. Fauchais P., Montavon G. (2008). *Key Eng. Mater*, vol (348): 1-59.

3.Barillas, L., Testrich, H., Cubero-Sesin, J. M., Quade, A., Vargas, V. I., Polak, M., & Fricke, K. (2018). *IEEE Transactions on Radiation and Plasma Medical Sciences*, *2*(5), 520-525.

CARACTERIZACIÓN DE ANDAMIOS DE ALGINATO-QUITOSANO PARA SU APLICACIÓN EN INGENIERÍA DE TEJIDOS.

Daniela I. Angeles Cruz, Cinthya González Jacinto, Yenifer Alba Trejo, Emmanuel Francisco Solano, Nohra E. Beltrán Vargas, Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Ciudad de México, C.P. 05300.
nbeltran@cua.uam.mx

Palabras clave: hidrogeles, alginato, quitosano

Introducción. Los hidrogeles de alginato-quitosano han sido utilizados en ingeniería de tejidos principalmente en la formación de tejido óseo. La combinación de estos biomateriales mejora sus propiedades mecánicas y las interacciones celulares (Baysal et al., 2013), en el caso de ingeniería de tejidos, el alginato favorece la angiogénesis y lo hace reticulable mientras que, el quitosano da al andamio estructura mecánica y favorece la porosidad. Porcentajes de hinchamiento mayores a 2000% han sido reportados como adecuados para generación de tejidos blandos (Bushkalova et al, 2019). La permeabilidad se relaciona directamente con el grado de interconectividad de los poros ya que controla el flujo de nutrientes a través del andamio hacia las células que migran en su interior, logrando así un crecimiento celular eficiente (Macías et al., 2017). Nuestro grupo ha propuesto la generación de nuevos andamios de 0.75% p/v de alginato y 1.25% p/v de quitosano, para la generación de constructos de tejido cardiaco.

Los objetivos de este trabajo son evaluar diferentes metodologías para generar los andamios, determinar sus propiedades de hinchamiento y permeabilidad e identificar la mejor metodología para el crecimiento de cardiomiocitos.

Metodología. Los andamios fueron generados mediante el método de liofilización utilizando sonicación o agitación magnética para la mezcla de los biomateriales. En todos los casos el agente entrecruzante fue gluconato de calcio. Se probaron 4 métodos de fabricación: (1) agitación con 15 min de entrecruzamiento, (2) sonicación por 10 min con 15 min de entrecruzamiento, (3) agitación con 30 min de entrecruzamiento, y (4) sonicación por 10 min con 30 min de entrecruzamiento. Se midió el porcentaje de hinchamiento y la permeabilidad en los diferentes métodos de fabricación. Se calculó la porosidad y se hizo un ensayo de viabilidad celular para cada método.

Resultados. Los porcentajes de hinchamiento del método (2) fueron menores a 2000 %, mientras que el método (3) llegó a valores superiores a 3000 %. En cuanto a la permeabildiad, el método (2) presenta valores superiores a $1.5x10^{-8}\ m^2$ mientras que los otros tres métodos presentan resultados inferiores a $1x10^{-8}\ m^2$.

Tabla 1. Porcentajes de porosidad por método de fabricación de los andamios.

Método	% de porosidad
Agitación con 15 min de entrecruzamiento	92.73
Sonicación con 15 min de entrecruzamiento	87.78
agitación con 30 min de entrecruzamiento	93.26
sonicación con 30 min de entrecruzamiento	93.68

Los porcentajes de viabilidad celular fueron superiores al 80% en todos los métodos propuestos, sin embargo, el método (3) de agitación con 30 min de entrecruzamiento fue el de mayor porcentaje de viabilidad. Todos presentan baja toxicidad por lo que pueden ser utilizados en ingeniería de tejidos.

Conclusiones. Se obtuvieron altos porcentajes de hinchamiento, así como altos valores de permeabilidad en comparación a lo reportado a la literatura, esto al evaluarse los diferentes métodos de elaboración de andamios propuestos. Los andamios del método (3) agitación con 30 min de entrecruzamiento, son los presentan mayor porcentaje de hinchamiento, mayor viabilidad celular y tienen altos porcentajes de porosidad y permeabilidad, por lo cual creemos que son los mejores para el crecimiento de células cardiacas.

Agradecimiento. El proyecto fue financiado por la Secretaría de Educación, Ciencia, Tecnología e Innovación (SECTEI) de la Ciudad de México.

Bibliografía.

1. Baysal, K., Aroguz, A. Z., Adiguzel, Z., & Baysal, B. M. (2013). Chitosan/alginate crosslinked hydrogels: Preparation, characterization and application for cell growth purposes. *Int J of Biol Macromolecules, 59*, 342-348.
2. Bushkalova, R., Farno, M., Tenailleau, C., Duployer, B., Cussac, D., Parini, A., Girod Fullana, S. (2019). Alginate-chitosan PEC scaffolds: A useful tool for soft tissues cell therapy. *Int J Pharm, 571*, 118692.
3. Macías-Andrés, V. I., Orozco-Sixtos, J. M., Maldonado-Paleo, J., & Aguilar-Reyes, E. A. (2017). Evaluación de la Permeabilidad en Andamios Macroporosos de Bioglass 45S5 para Ingeniería de Tejidos. *Rev mex de ing biomédica, 38*, 273-279

ESTANDARIZACIÓN DE UNA METODOLOGÍA PARA LA OBTENCION DE HIDROGEL MIXTO PARA EL ENCAPSULAMIENTO DE CELULAS DE GLIOBLASTOMA MULTIFORME.

Janette Aguilera, Guadalupe De Dios, Edwin Reza, Alejandro Canales, Pavel Lugo.
Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco (CIATEJ), Departamento de Biotecnología Médica y Farmacéutica, Guadalajara 44270, Pavel Lugo, plugo@ciatej.mx.

Palabras clave: Cultivo 3D, glioblastoma, hidrogel mixto.

Introducción. El glioblastoma multiforme (GBM) es un tumor cerebral altamente agresivo e invasivo que presenta una sobrevida inferior a un año, debido a múltiples factores, entre ellos la limitada disponibilidad de terapias sistémicas (1). El desarrollo de terapias para GBM representa un desafío importante para los científicos, debido a la alta tasa de fracaso observada, la cual representa más del 90% y está relacionada con la ineficiencia de los modelos de evaluación (2).
Derivando en la necesidad de desarrollar modelos que sean capaces de proporcionar datos clínicamente relevantes; Se ha observado que la tecnología de cultivo 3D pueden reducir la brecha entre el cultivo celular y el tejido vivo al imitar características específicas de los tejidos y por ende se presume que este tipo de tecnologías podrían contribuir a disminuir los tiempos y costos de evaluación de nuevas terapias (3).

Metodología. Se realizó formulación de hidrogel mixto a base de polímeros de origen natural (alginato y gelatina en proporción 1.5:1) en medio mínimo esencial de Eagle (EMEM) (4). Se encapsulan 100,000 células U87-MG por cada 700 µL de hidrogel, posteriormente se deposita la mezcla en moldes de silicona, se someten a entrecruzamiento térmico a 4 °C y entrecruzamiento iónico con una solución de CaCl2 a 150 mM y finalmente se incuban en medio EMEM suplementado a 37 °C, 5% CO2. Se realizó pruebas de reproducibilidad, durabilidad y citotoxicidad.

Resultados. Se analizó la reproducibilidad de la metodología, evaluando las dimensiones de la matriz: diámetro y altura. Se observó un porcentaje de variación ≤ 3% en los hidrogeles (Figura 1A), no se encontraron diferencias significativas entre replicas. Se evaluó la durabilidad del hidrogel con y sin células a 37 °C y 5% CO2 observándose estabilidad por un periodo mayor a 30 días (Figura 1B); Se determinó el porcentaje de captación de agua, observando la máxima captación a las 24 horas (Figura 1C); finalmente se evaluó citotoxicidad mediante la medición de actividad metabólica con resarzurina/ Alamar blue®, obteniendo un promedio del porcentaje de viabilidad celular dentro del hidrogel del 50% a las 96 horas de incubación (Figura 1D).

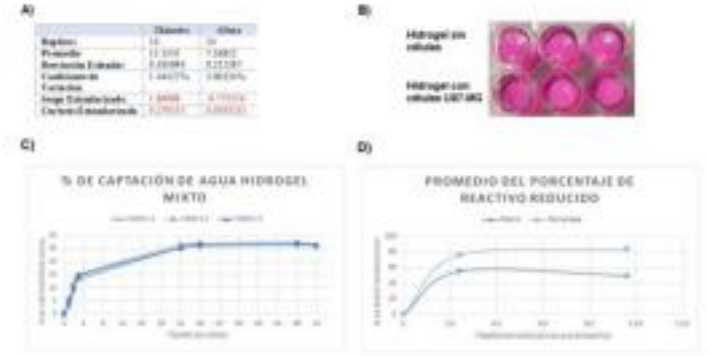


Figura 1. Resultados de evaluación de reproducibilidad (A), durabilidad (B), captación de agua (C) y citotoxicidad (D) de hidrogel mixto.

Conclusiones. Se desarrolla una metodología reproducible para la obtención de hidrogeles a base de polímeros naturales, los cuales se observó que presentaron durabilidad y estabilidad a través del tiempo, así como biocompatibilidad con la línea celular U87-MG, postulándose como un modelo de cultivo 3D apto para desarrollar modelos fisiopatológicos de tumores sólidos como el GBM, con capacidad para su empleo en la evaluación de nuevas moléculas con acción terapéutica.

Agradecimiento
Este proyecto no tuvo financiamiento para su desarrollo.
Se agradece a la beca de posgrados del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Bibliografía

1. Chaicharoenaudomrung, N., Kunhorm, P., Promjantuek, W., Heebkaew, N., Rujanapun, N., & Noisa, P. (2019). Fabrication of 3D calcium-alginate scaffolds for human glioblastoma modeling and anticancer drug response evaluation. *Journal of Cellular Physiology*, *234*(11), 20085–20097.
2. Jensen, C., & Teng, Y. (2020, March 6). Is It Time to Start Transitioning From 2D to 3D Cell Culture? *Frontiers in Molecular Biosciences*, Vol. 7, p. 33.
3. Maeda, H., & Khatami, M. (2018). Analyses of repeated failures in cancer therapy for solid tumors: poor tumor- selective drug delivery, low therapeutic efficacy and unsustainable costs. *Clinical and Translational Medicine*, *7*(1), 1–20.
4. 4. Witthayanuwat, S., Pesee, M., Supaadirek, C., Supakalin, N., Thamronganantasakul, K., & Krusun, S. (2018). Survival analysis of Glioblastoma Multiforme. *Asian Pacific Journal of Cancer Prevention*, *19*(9), 2613–2617.

OPTIMIZACIÓN DE UN PROCESO PARA OBTENER ÁCIDO LÁCTICO A PARTIR DE ALMIDÓN

Denisse Elibeth Ramos Suarez[1], Norma Angélica Chávez Vela[1], Gpe. Javier Araiza Arvilla[1], E. Verónica Moreno Córdova[1], Universidad Autónoma de Aguascalientes Departamento de Ing. Bioquímica, Aguascalientes CP 20100, elibethr0601@gmail.com.

Palabras clave: Ácido Láctico, Almidón, L. rhamnosus

Introducción. El uso de los polímeros de la petroquímica ha traído muchos beneficios a la humanidad, sin embargo, el ecosistema se daña considerablemente como resultado del uso de materiales no degradables para la fabricación de artículos desechables (Herryman y Blanco, 2005). Uno de los primeros bioplásticos que ayudan con esta problemática es el ácido poliláctico (PLA) que puede ser obtenido por vía biotecnológica este procedimiento está basado en la fermentación de sustratos ricos en carbohidratos por microorganismos que pertenecen a las familias *Streptococcaceae* y *Lactobacillaceae*. (Serna, et al. 2005). Debido a su importancia y a que este se obtiene generalmente por fermentación de lactosa o de glucosa, es deseable obtener el ácido láctico a partir de sustratos baratos y con alto rendimiento como el almidón. En este trabajo se tiene como objetivo optimizar un proceso biotecnológico para obtener ácido láctico a partir de almidón de maíz.

Metodología. Para la producción de ácido láctico se probaron tres bacterias lácticas y dos medios de cultivo: medio Man Rogosa y Sharpe (MRS) y un medio mínimo (glucosa 5%, extracto levadura 1%, K2HPO4 0.2%m MgSO4 0.002%, MnSO4 0.002%). La fermentación láctica se realizó en tres días a 37ºC una vez terminada la fermentación se precipito el ácido láctico con H2SO4 y se filtró. Se determinó la eficiencia para verificar que el bioproceso se llevara a cabo eficazmente. Se extrajeron azucares con enzimas de soluciones de almidón y estos se midieron por el método de DNS**.**

Resultados. Selección de microorganismo productor de ácido láctico y medio de fermentación. En la Fig. 1 se observa que *L. rhamnosus* fue significativamente la mejor cepa bacteriana para la producción del ácido láctico siendo su máximo de 45.68%.

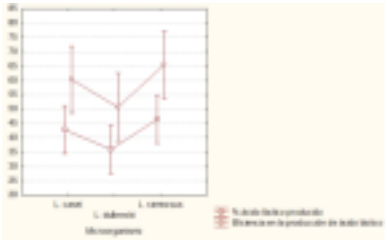


Fig. 1 Gráfica del porcentaje y eficacia de la producción del ácido láctico por las tres cepas bacterianas.

En la Fig. 2 se observa que el mejor medio de fermentación fue el medio mínimo ya que tuvo una diferencia significativa contra el medio MRS.

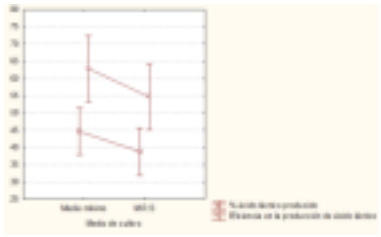


Fig. 2 Gráfica del porcentaje y eficacia de la producción de ácido láctico producido en cada medio de fermentación.

Una vez formulado el medio después de la fermentación se obtuvo un rendimiento del 0.46g/g azúcar. El ácido láctico obtenido fue de color blanco, cristalino.



Fig. 3 ácido láctico obtenido de la fermentación de los azucares de almidón.

Conclusiones. Ha sido posible obtener ácido láctico a partir de almidón de maíz con un rendimiento de 0.46 gr ácido/gr azúcar por *L. rhamnosus* en el medio mínimo. El medio mínimo utilizado cumple con las características nutrimentales de las bacterias y es de bajo costo. Es recomendable tratar de aumentar el rendimiento, para lo cual se podría usar una fermentación por cultivo continuo.

Agradecimiento. A la Universidad Autónoma de Aguascalientes, el laboratorio de Biotecnología.

Bibliografía.

1. Garcia, C. A., Arrázola, G. S., & Durango, A. M. (2010). Producción biotecnológica de ácido láctico biotechnological production of lactic acid. Temas agrarios 15(2)
2. Herryman Munilla, M; Blanco Carracedo, G; (2005). Ácido láctico y poliláctico: Situación actual y tendencias. ICIDCA. Sobre los Derivados de la Caña de Azúcar, XXXIX() 49-59.
Serna-Cock, L. Rodríguez de Stouvenel, A. (2005). Producción biotecnológica de ácido láctico: estado del arte. Cienc. Tecnol. Aliment. Vol. 5 (1) pp 54-65

OBTENCIÓN DE POLIHIDROXIALCANOATOS A PARTIR DE CONSORCIOS DE CIANOBACTERIAS PROCEDENTES DE AGUAS RESIDUALES

Enrique Romero Frasca, Germán Buitrón, Instituto de Ingeniería, Unidad Académica Juriquilla, UNAM, Querétaro, 76230, gbuitronm@iingen.unam.mx

Palabras clave: Biopolímeros, Microalgas, Polihidroxibutiratos

Introducción. Los plásticos biodegradables se han planteado como una solución para reducir las descargas de plásticos sintéticos en rellenos sanitarios y ecosistemas acuáticos (1). Los polihidroxibutiratos (PHB) representan uno de los bioplásticos más importantes por su abundancia en naturaleza, fácil mineralización, renovabilidad y propiedades termomecánicas similares a los plásticos sintéticos (2). Comúnmente, la producción de PHB se realiza empleando cultivos axénicos en sustratos refinados ricos en carbono, proceso que llega a representar hasta 50% del costo total de producción (3). En vista de lo anterior, el empleo de consorcios nativos productores de PHB junto con sustratos de crecimiento más económicos y con mayor disponibilidad resulta de gran interés para mejorar la sustentabilidad del proceso y disminuir los gastos asociados a la operación, producción y procesamiento.
El objetivo del presente estudio es determinar los parámetros de operación que promuevan la generación de polihidroxialcanoatos en cultivos mixtos de cianobacterias empleando fotobiorreactores tipo panel plano alimentados con aguas residuales.

Metodología. Para el desarrollo del presente trabajo, la fase experimental se divide en tres etapas como se observa en la figura 1.



Fig. 1. Esquema resumen de la metodología experimental

La síntesis de PHB se verifica de manera cualitativa e *in situ* mediante tinción con Azul Nilo A durante la propagación (4) mientras que la producción de PHB se cuantifica durante la optimización por medio de cromatografía de gases (5) en biomasa previamente liofilizada y solubilizada en solvente orgánico (metanólisis ácida + cloroformo).

Resultados. Se obtuvieron comunidades granulares de cianobacterias (filamentosas y esféricas), bacterias, algas eucarióticas y diatomeas a partir de lodos activados en efluente primario. Luego de 3 días de operación en medio BG-11, las comunidades granulares fueron dominadas por cianobacterias y en menor medida, algas eucarióticas y bacterias heterotróficas. En el día 8, la presencia de cianobacterias en el consorcio nativo superó (>90%) al de otros microorganismos. Los resultados indican que las especies obtenidas son productoras de PHB (Fig. 2). Sin embargo, se requieren estudios complementarios para optimizar la producción de este polímero en efluentes municipales.

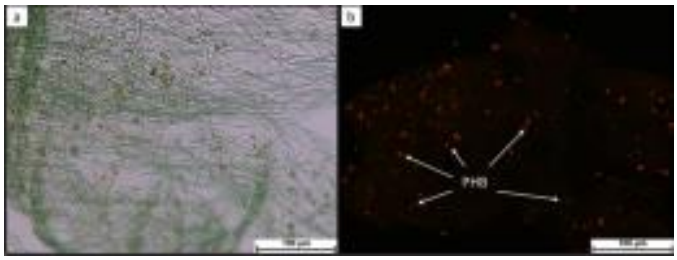


Fig. 2. Observación al microscopio de consorcio nativo de cianobacterias. (a) Imagen en contraste de fases, (b) Imagen tinción con Azul Nilo A.

Conclusiones. Las cianobacterias productoras de PHB pueden obtenerse a partir de consorcios mixtos procedentes de lodos activados y dominar los mismos por medio de limitación de nutrientes esenciales como nitrógeno y fósforo.

Agradecimiento. Este trabajo es parte del programa SEP CONACYT-ANUIES-ECOS NORD (México 296514/Francia M18A01). E. Romero Frasca agradece el financiamiento otorgado por el Programa de Becas CONACYT-OEA AMEXCID (no. 855766).

Bibliografía.

1. Geyer, R. (2020). Production, use, and fate of synthetic polymers. En: *Plastic Waste and Recycling*. Letcher, T. M. Associated Press, EE.UU., 13-32.

2. Zhang, C., Show, P., Ho, S. (2019). *Bioresour. Technol*. 289: 1-6.

3. Yadav, B., Pandey, A., Kumar, L. R., Tyagi, R. D. (2020). *Bioresour. Technol*. 298: 1-10.

4. Sánchez, A. I., Rojas, U., Meraz, M., Álvarez, J., Salazar, M., Fajardo, C. (2021). *J. Water Process. Eng.* 40(March): 1-10.

5. Rueda, M., García-Galán, M. J., Díez-Montero, R., Vila, J., Grifoll, M., García, J. (2020). *Bioresour. Technol*. 295: 1-10

CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN DE LA VIDA DE ANAQUEL DEL MUCÍLAGO DE NOPAL *Opuntia ficus indica*.

Kenia Itzel Guerrero Téllez, Isadora Martínez Arellano, María Soledad Córdova Aguilar,
Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología - UNAM, Ciudad Universitaria, CDMX, 04510.
marisol.cordova@icat.unam.mx

Palabras clave: mucílago de nopal, funcionalidad, vida de anaquel

Introducción. El mucílago de nopal es muy relevante para las industrias alimentaria, química y farmacéutica. Está bien definido como un polisacárido complejo, que contiene diversas proporciones de L-arabinosa, D galactosa, L-ramnosa y D-xilosa, así como también ácido D-galacturónico, que es el que le confiere las propiedades como espesante (1). Es un polímero que tiene una alta capacidad de absorción de agua, es soluble en agua, produce soluciones coloidales con alta viscosidad, es formador de geles, agente emulsificante, mejorador de textura, estabilizador de suspensiones así como formador de películas y cubiertas comestibles (2). En este trabajo se propone la caracterización tecnofuncional y estabilidad del mucílago de nopal de desecho obtenido por extracción mecánica para definir si la naturaleza del mucílago cambia con respecto a sus condiciones originales durante su almacenamiento, distribución y/o manipulación.

Metodología. Se adquirió residuos derivados de la práctica de la poda de nopal *Opuntia ficus indica* de Milpa Alta, CDMX. El mucílago se obtuvo por extracción mecánica (3) y el mucílago seco se obtuvo en un secador por atomización Niro Atomizer (GEA, Alemania). Las partículas secas fueron empacadas al vacío en una máquina de envasado Webomatic (D-44866, Alemania) en bolsas de Polietileno/Nylon. El almacenamiento se evaluó en dos condiciones ambientales: 27±2 °C / 45% HR, y en una cámara climática (ICAT, UNAM) a 37±0.1 °C / 56±2 % HR. La estabilidad fisicoquímica de producto se evaluó en los días 1, 30, 45, 60 y 75 días, determinando pH, solubilidad, acidez titulable, actividad de agua (aw), humedad relativa, color, textura, grados Brix, viscosidad, potencial Z, índice de refracción, densidad, análisis por espectroscopia infrarroja en la región de 1200 cm^{-1} y 800 cm^{-1}. La evaluación microbiológica se hizo por Método de Cuenta en Placa y las metodologías indicadas en la NOM-111, 092 y 113- 1994 correspondiente a hongos y levaduras, mesófilos y coliformes totales.

Resultados. En la tabla 1, se observa que en condiciones de almacenamiento aceleradas, la actividad del agua aumenta, pero la humedad disminuye, logrando que el mucílago muestre atributos de textura indeseables como es dureza, sequedad y endurecimiento. El mucílago a temperatura ambiente no presenta cambios.

Muestra	Mucílago Poda		
	27±2°C	27±2°C	37°C
Parámetro	D1	D30	
Aw	0.1602 ±0.0078	0.1776 ±0.0018	0.2494 ±0.0035
Humedad (%)	3.43 ±0.23	3.15 ±0.35	3.17 ±0.08
pH	4.37 ±0.19	4.03 ±0.01	4.04 ±0.01
Acidez (%)	48.620 ±0.567	53.933 ±0.228	55.965 ±3.818
Índice de refracción	1.349 ±0.000	1.348 ±0.000	1.348 ±0.000
° Brix	10.6 ±0.1	10.0 ±0.0	10.0 ±0.0
Densidad (g/cm^3)	0.578 ±0.050	0.570 ±0.078	-
Solubilidad (%)	9.907 ±0.444	12.464 ±1.347	8.050 ±1.739

Tabla 1. Caracterización fisicoquímica de las partículas secas de mucílago del día 1 y a los 30 días de almacenamiento

No se observa crecimiento de coliformes totales pero si hay ligero incremento de mesófilos aerobios. El espectro de infrarrojo no presenta cambios considerables en el paso del tiempo en ambas condiciones de almacenamiento.

Conclusiones. En condiciones ambientales el mucílago seco presentó mejores características de estabilidad que a condiciones aceleradas, donde se observan cambios antes de los 30 días. La vida de anaquel podrá ser mayor a 45 días en condiciones de 27 ± 2 °C / 45 % HR.

Agradecimiento. Financiamiento de proyecto SECTEI 097/2017. Se agradece al Ing. Abel Blancas Cabrera, Unidad de Bioprocesos del Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM por soporte técnico en la extracción y secado del mucílago.

Bibliografía.

1. Stintzing, F.C., Carle, R. (2005) *Molecular nutrition & food research* 49, 175-194.
2. El-Mostafa K. et al. (2014) *Molecules* 19(9): 14879- 14901.
3. Reyes, I., Córdova, M., Guzmán, G., Blancas, A., Ascanio, G. (2019) *Journal of food Processing Engineering*. 42 (1):1-9

OBTENCIÓN DE RECUBRIMIENTOS POROSOS DE HAp POR HVOF PARA APLICACIONES EN ORTOPEDIA

Juan Jamboos, John Henao, Carlos Poblano

Palabras clave: Recubrimiento, Porosidad, Hidroxiapatita, Bioactividad

Introducción. La hidroxiapatita (HAp), de composición química Ca10(PO4)6(OH)2, es el constituyente inorgánico principal de los tejidos óseos en todos los vertebrados [1]. La HAp sintética es un fosfato de calcio con una composición química muy similar a la del hueso humano, lo cual la hace biocompatible con los tejidos vivos. La biocompatibilidad posibilita su uso en variadas aplicaciones médicas [2]. La HAp se utiliza como recubrimiento de implantes metálicos de titanio para permitir su osteointegración al hueso que actúa de soporte como en las prótesis totales de cadera o los tornillos para restauraciones en pacientes edéntulos [3].

Por otro lado, estudios experimentales han demostrado que el recubrimiento de hidroxiapatita mejora la fijación de implantes articulares inestables no cementados cuando hay espacios entre el hueso y el implante [4]. La HAp aunado a la presencia de porosidad en el recubrimiento facilita aun más superar los problemas de aflojamiento y movimientos que experimentan estos implantes los cuales alcanzan tasas de hasta el 70% [5].

Metodología. En la fabricación de los recubrimientos se empleó titanio (Ti) como sustrato y dióxido de titanio (TiO2) como bond coat para facilitar el anclaje de la hidroxiapatita (HAp). Estos dos últimos se usaron en polvo de origen comercial, ambos materiales conocidos por su biocompatibilidad y bioactividad. El proceso se realizó por Proyección Térmica de Alta Velocidad por combustión de Oxígeno (HVOF – High Velocity Oxygen Fuel), que permite fundir y proyectar hacia el sustrato las partículas cerámicas de HAp y del polímero (poliester) a partir de la combustión de oxígeno, alcanzando los 2500 ºC. El polímero se usó en polvo que se mezcló con la HAp para obtener relaciones diferentes en peso de la mezcla HAp/polímero (70/30, 80/20 y 90/10) y una más que consistió en 100% de HAp. Se realizó el rociado a tres diferentes distancias (160 mm, 200 mm y 260 mm) y luego se hizo con cinco ángulos de proyección diferentes (50º, 60º, 70º, 80º y 90º), buscando generar porosidad en la capa externa de HAp para su posterior caracterización mediante DRX.

Resultados. La Difracción por Rayos X (DRX) muestra que la HAp y el poliéster no experimentan cambios de fase en las diferentes distancias de rociado consideradas.

Sin embargo, independientemente de la distancia de rociado, los recubrimientos obtenidos con la mezcla más baja de poliester en la relación HAp/polímero (90/10) resultó ser la que mejor conservó las propiedades de los compuestos junto con la 80/20, mientras que la relación 70/30 presentó signos de degradación del polímero. Por otro lado, los recubrimientos obtenidos a diferentes ángulos solo con HAp muestran desfase en la mayoría de los picos del DRX en el recubrimiento obtenido con el ángulo de 80º, lo que hace suponer que hubo un cambio de fase de la HAp por razones que aun se investiga.

Conclusiones. Se requiere continuar con la experimentación para definir el rango angular, de distancia y de temperatura para la optimización y control del proceso que permita generar porosidad de alrededor de las 150 µm e interconectada conservando las propiedades de adherencia, dureza y resistencia a la fractura. Se espera que la presencia del polímero aunado al ángulo de proyección sean variables más relevantes que la velocidad de rociado, temperatura de la flama o incluso la distancia de proyección, en la búsqueda de porosidad óptima.

Agradecimiento. Grupo de investigación de Plásticos y Materiales Avanzados. CIATEQ A.C.

Bibliografía.

1. María Esperanza López, Alejandro Echavarría, Ricardo Suárez, Natalia Herrera (2003). Rev. Fac. de Ingeniería No. 30. pp. 109-124.

2. Marta Elena Londoño, Alejandro Echavarría, Francenith De La Calle (2006). Rev. EIA, ISSN 1794 1237 Número 5 p. 109-118.

3. Riaño B. Carlos, Echavarría V. Alejandro, Noreña G. Antonio (2016). HA sintética de porosidad inducida - Comparación con el hueso calcinado. Revista Facultad de Ingeniería. Universidad de Antioquia.

4. Ingemar Onsten, Anders Nordqvist, ¨ Ake S. Carlsson, Jack Besjakov, ˚ Susan Shott. (1998). J Bone Joint Surg [Br]; 80-B:417-25.

5. Beckmann N.A., Bitsch R.G., Gondan M., Schonhoff M., Jaeger S. (2018). Bone Joint Res. 7:282–288

FABRICACIÓN DE UNA COLUMNA DE FASE ESTACIONARIA MONOLÍTICA PARA CROMATOGRAFÍA DE PROTEÍNAS.

Elizabeth Pérez Rodríguez, Mirna Lorena Sánchez, José Guillermo González Valdez, Marco Arnulfo Mata Gómez
Tecnológico de Monterrey, Departamento de Ciencias, Puebla, Puebla 72453,
A01420789@itesm.mx

Palabras clave: cromatografía, intercambio iónico, ácido 4-guanidino butírico

Introducción. La cromatografía adsortiva es un proceso muy utilizado en la industria biotecnológica para recuperación de proteínas. La fase estacionaria juega un papel indispensable en este tipo de técnicas, debido a esto, es necesario el desarrollo de nuevos materiales con el objetivo de mejorar la eficiencia de la purificación de las proteínas. Los monolitos, materiales poliméricos porosos, han adquirido gran interés en el desarrollo de fases estacionarias para cromatografía de proteínas debido a su estabilidad mecánica y química, así como la característica de poseer una mayor tasa de transferencia de masa comparada a resinas de cromatografía tradicionales (1). La modificación química de monolitos con ligandos novedosos es un área que sigue creciendo con la finalidad de generar soportes cromatográficos con un mejor desempeño. En ese sentido, se propone la fabricación de un monolito a base de metacrilatos dentro de una columna de polipropileno impresa en 3D y su posterior modificación con ácido γ-guanidino butírico (Gnd) para generar un adsorbente cromatográfico de intercambio aniónico. Este ligando tiene una estructura resonante de grupos amino cuyo pKa de 12.07 permite que esta molécula se mantenga cargada positivamente en un amplio rango de pH (2). Por lo tanto, esta estrategia permite generar un adsorbente de intercambio aniónico funcional en un amplio rango de pH.

Metodología. La columna cromatográfica (5 mm d.i. x 20 mm altura) se diseñó en AutodeskAutoCAD 2021. La impresión del diseño se llevó a una impresora Ultimaker S5 usando filamento de polipropileno reforzado con 30% fibra de vidrio (BASF Black Ultrafuse, PPGF 30). Los monolitos fueron fabricados dentro de la columna usando glicidil dimetacrilato co polimerizado con dimetacrilato de etilenglicol (GMA-co EDMA). La pared de la columna de PPGF 30 fue silanizada y después modificada con 3-(trimetoxisilil) propil metacrilato (γ-MAPS) (3). Posteriormente, el γ MAPS de la pared de la columna se coopolimerizo con GMA y EDMA (GMA-co-EDMA) (4). Para la incorporación del ligando Gnd, primero se hizo recircular una solución de etilendiamina (EDA, 50% v/v) a 60 °C por 12 h a través de la columna usando microbombas de jeringa (20uL/min), seguido de la recirculación de una solución de 1-etil-3-(3-dimetilaminopropil)carbodiimida (EDC) 0.1M conteniendo Gnd (10mg/mL) a temperatura ambiente. Se evaluó el desempeño del monolito modificado con guanidino (M-Gnd) para adsorber proteína. Para esto, se hizo pasar una solución de BSA (2.5 mg/mL) a través de la columna monolítica modificada con GnD y la no modificada (GMA-co-EDMA), previamente equilibradas con buffer Tris pH 8.5, 10 mM, a un flujo de 250 uL/min. La desorción se realizó con NaCl 1M y se determinó el porcentaje de retención de proteína.

Resultados.



Fig.1 (A) Modelo CAD de la columna (5mm ID x 20 mm largo). (B) Columna impresa en polipropileno reforzado con fibra de vidrio (PPGF 30). (C) Vista transversal de la columna impresa en PPGF 30, flecha roja señala monolito polimerizado en el canal.

Tabla 1. Porcentaje de retención de BSA en el monolito modificado (M Gnd) y no modificado (GMA-co-EDMA).

Fase estacionaria	Proteína adsorbida	Porcentaje de retención
GMA-co-EDMA	0.37 mg	7.4%
M-Gnd	1.57 mg	34%

Conclusiones. Se logró sintetizar y modificar un monolito funcional de GMA-co-EDMA con el ligando ácido 4-guanidino butírico en columnas de polipropileno impresas en 3D (Fig. 1) con el objetivo de obtener una fase estacionaria de intercambio aniónico para la separación de proteínas. El monolito fabricado M-Gnd mostró una capacidad de adsorción de proteína BSA de 34%, mientras que el monolito no modificado retuvo poca cantidad de proteína, 7%, Tabla 1. Por lo tanto, la adsorción se debe a la presencia del ligando GnD. La columnas será caracterizada químicamente y se evaluará su desempeño cromatográfico a detalle.

Agradecimiento. Los autores agradecen el financiamiento de CONACyT (beca No. 1048547) y del GIEE en Bioprocesos del Tecnológico de Monterrey.

Bibliografía

1. Lynch, K. B., Ren, J., Beckner, M. A., He, C., & Liu, S.(2018). *Anal. Chim. Acta*. 1046: 48-68
2. David, C. (2019). Chemical synthesis of an anion exchange adsorbent using γ-guanidinobutyric acid as a ligand for the separation of proteins. Tesis de maestría en Ciencias en Biotecnología. Tecnológico de Monterrey, Monterrey.
3. Abdulhussain, N., nawada, S., Currivan, S., Passamonti, M., & Schoenmakers, P. (2020). J. Chromatogr A, 1623 (461159)
4. Lin, L., Chen, H., Wei, H., Wang, F., Lin, J.-M. (2011). *Analyst* 136(20):4260-4267

EVALUACIÓN DEL PROCESO DE ELECTROHILADO EN LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE MEMBRANAS ELABORADAS DE BIOPOLÍMEROS Y COMPONENTES VEGETALES

Karla Katiushka Solís Arévalo, Carlos Solís Rojas, María del Socorro Flores González, Katiushka Arévalo Niño, Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Ave. Pedro de Alba S/N, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.
katiushka.arevalonn@uanl.edu.mx

Palabras clave: nanofibras, Hamamelis virginiana, Salvia hispanica.

Introducción. Entre los principales microorganismos causantes de infecciones asociadas a la atención de la salud (1) se encuentran: *Staphylococcus aureus* (13 %), *Pseudomonas* spp. (13 %) y *Candida* spp. (5 %) (2). El electrohilado permite obtener fibras a escala micrométrica o nanométrica con mayor superficie de contacto y poros que permite adicionar agentes biológicos en su estructura. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la actividad antimicrobiana de membranas electrohiladas a base de polímeros como: a) schizophyllan y b) acetato de celulosa incorporadas con *Hamamelis virginiana* (Hv) y aceite de *Salvia hispanica* L. (ASH), respectivamente, contra *Staphylococcus aureus*, *Candida albicans* y *Pseudomonas aeruginosa*.

Metodología. Se elaboraron membranas electrohiladas a partir de una mezcla de alcohol polivinílico al 8% con una concentración final de 3% de schizophyllan y la concentración mínima inhibitoria (CMI) previamente determinada de Hv (membranas Hv). Las condiciones para generar nanofibras con características homogéneas fueron 20 cm de distancia de aguja-colector, 20 kV y 0.3 mL/h de flujo de solución. De igual manera, se elaboraron membranas electrohiladas a partir de una mezcla de acetato de celulosa (AC) 15% p/v en acetona y tres veces la CMI del ASH (membrana ASH) para evitar la pérdida de actividad observada en el experimento anterior. Los parámetros de electrohilado establecidos fueron 15 cm de distancia de aguja-colector, 13 kV y 1 mL/h de flujo de solución para obtener nanofibras homogéneas como se observa en la Figura 1.

Resultados. Para las membranas Hv, se observó pérdida de actividad antimicrobiana por las condiciones de electrohilado de alto voltaje utilizado (20 kV) (3). En el caso de las membranas ASH, se observó pérdida de actividad antimicrobiana contra los tres microorganismos en cuestión. Sin embargo, ambas soluciones sin previo procesamiento por electrohilado mostraron una inhibición de crecimiento de los microorganismos similar, como se observa en la Tabla 1.

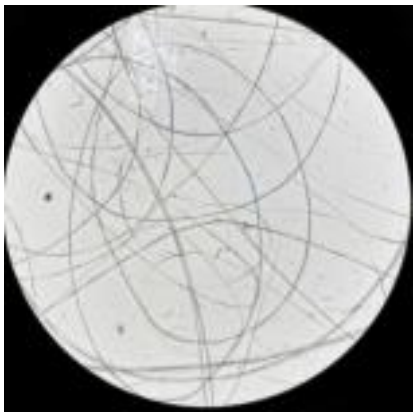


Fig. 1. Morfología de las nanofibras homogéneas obtenidas

Solución	*S. aureus*	*P. aeruginosa*	*C. albicans*
Solución control	16 ± 3	24 ± 5	16 ± 2
Solución ASH	16 ± 3	23 ± 5	10 ± 1
Control positivo (amikacina / fluconazol)	11 ± 1	7 ± 0	0

Tabla 1. Halos de inhibición en mm

Conclusiones. Con base a estos resultados, se considera que una variante del electrohilado como puede ser el electrohilado tipo coaxial puede ser una alternativa para evitar la pérdida de actividad en componentes cuya composición puede verse afectada por los parámetros de procesamiento del electrohilado de aguja simple.

Bibliografía.

1. Rincón León, H. A., Navarro Fuentes, K. R. (2016). *Rev Med del Inst Mex del Seg Soc.* 54(1): 32-41.
2. Arias Flores, R., Rosado Quiab, U., Vargas Valerio, A., Grajales Muñiz, C. (2016). *Rev Med del Inst Mex del Seg Soc.* 54(1): 20-24.
3. DeSimone, E., Aigner, T. B., Humenik, M., Lang, G., Scheibel, T. (2020). *Mat Sci and Engi C.* 106: 110- 145

DETERMINACIÓN DE LA FUNCIÓN DE DOS NUEVAS PROTEÍNAS PHASIANAS EN LA PRODUCCIÓN DE PLÁSTICOS BIODEGRADABLES EN *Azotobacter vinelandii*

Jessica Ruiz Escobedo, Josefina Guzmán, Soledad Moreno, Alma Reyes González, Guadalupe Espín, Daniel Segura.
Instituto de Biotecnología / UNAM, Av. Universidad # 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, C.P. 62210. Tel. 52 (777) 329 1629.
daniel@ibt.unam.mx.

Palabras clave: phasinas, polihidroxibutirato, metabolismo

Introducción. El polihidroxibutirato (PHB) es un poliéster natural sintetizado por *Azotobacter vinelandii*, como reserva de carbono y energía. Industrialmente se utiliza como plástico biodegradable (1). El PHB se acumula intracelularmente en la bacteria como gránulos de polímero cuando hay abundancia de la fuente de carbono, pero se degrada cuando se agota la fuente de carbono. Los gránulos de PHB se encuentran rodeados por proteínas involucradas en el metabolismo de PHB, ya sea en su síntesis o en su degradación (2). Existen otras proteínas asociadas con los gránulos de PHB, denominadas phasinas, que constituyen el componente proteico mayoritario de los gránulos, aunque no tienen actividad catalítica en el metabolismo de PHB (3). Sin embargo, algunas phasinas pueden actuar modulando las enzimas de síntesis o degradación de PHB. Para las phasinas minoritarias no se ha determinado cuál es su función.

Este trabajo se centra en determinar la función de las proteínas PhbP2 y PhbP3 en el metabolismo de PHB de *Azotobacter vinelandii*.

Metodología. Se realizaron cinéticas de acumulación de PHB con las cepas mutantes, complementadas y sobreexpresantes de los genes *phbP2* y *phbP3*, comparándolas con la cepa silvestre OP. Se analizó la morfología de los gránulos de PHB de las cepas mutantes, comparándolas con la cepa silvestre OP en el microscopio de contraste de fases.

Resultados. Para determinar el efecto de la interrupción de los genes *phbP2* y *phbP3* sobre la morfología del gránulo de PHB de *A. vinelandii*, se observaron al microscopio de contraste de fases, células en medio líquido PY sacarosa 2%. A las 48 h se observaron diferencias en la morfología de los gránulos de PHB de la cepa silvestre OP comparada con las cepas mutantes OP-PhbP2 y OP-PhbP3.

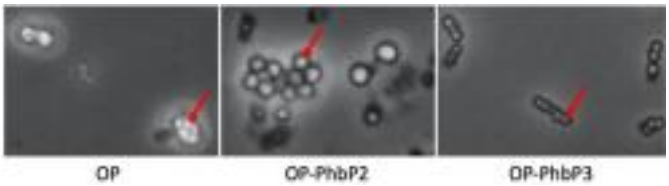


Fig 1. Microscopía de contraste de fases de células de la cepa silvestre OP y las cepas mutantes OP-PhbP2 y OP-PhbP3. Las flechas rojas señalan a los gránulos de PHB.

Con el objetivo de determinar los efectos de la interrupción, complementación y sobreexpresión de los genes *phbP2* y *phbP3* sobre el crecimiento y acumulación de PHB en *A. vinelandii* OP, se realizaron cinéticas de crecimiento en condiciones de limitación de fuente de carbono. El PHB acumulado en la cepa OP PhbP2 fue mayor en comparación al acumulado en la cepa OP a las 48 y 72 h ($p < 0.05$). Estos resultados concordarían con una degradación de PHB disminuida por una baja actividad de la(s) PHB depolimerasa(s), dada por la ausencia del gen *phbP2*.

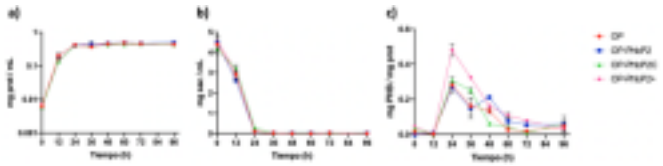


Fig 2. Curva de crecimiento (a), consumo de sacarosa (b) y acumulación de PHB (c) de las cepas OP, OP-PhbP2, OP-PhbP2C y OP-PhbP2+.

El PHB acumulado en la cepa OP-PhbP3 a las 48 h ($p < 0.05$) fue menor al PHB acumulado en la cepa OP, lo que concordaría con una síntesis de PHB disminuida por una baja actividad de la PHB sintasa, dada por la ausencia del gen *phbP3*. Estos resultados coinciden con los obtenidos al sobreexpresar la PhbP3 en *E. coli*.

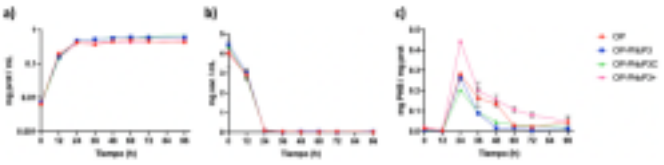


Fig 3. Curva de crecimiento (a), consumo de sacarosa (b) y acumulación de PHB (c) de las cepas OP, OP-PhbP3, OP-PhbP3C y OP-PhbP3+.

Conclusiones. Las phasinas PhbP2 y PhbP3 están involucradas en el metabolismo de PHB de *A. vinelandii*.

Agradecimiento. Trabajo apoyado por el proyecto CONACyT 255158 y UNAM-PAPIIT IG200219.

Bibliografía.

1. González, Y., Meza, J. C., González, O., & Córdoba, J. A. (2013). *Rev. Int. Contam. Ambient.* 29(1), 77–115.
2. Galán, B., Dinjaski, N., Maestro, B., de Eugenio, L. I., Escapa, I. F., Sanz, J. M., García, J. L., & Prieto, M. A. (2011). *Mol. Microbiol*. *79*(2), 402–418.
3. Wieczorek, R., Pries, A., Steinbüchel, A., & Mayer, F. (1995). J. Bacteriol. 177(9), 2425–2435

DEL ALMIDÓN MODIFICADO AL ALMIDÓN NATIVO: POSIBILIDAD DE USO POR VÍA NASAL

Nathaly Vasquez-Martínez[1], Pedro Medina-Granados[2], Daniel Alejandro Guillen-Santos[3], Roció Casañas-Pimentel[4], Romina Rodríguez-Sanoja[5]. Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Investigaciones Biomédicas[1,2,3,5]. Ciudad de México. AP70228. Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada[4]. Ciudad de México. CP11500.
romina@iibiomedicas.unam.mx

Palabras clave: almidón nativo, mucosa, mucoadhesión

Introducción. El almidón modificado fisicoquímicamente (AM) ha sido ampliamente utilizado en la industria farmacéutica y como adyuvante en la vacunación; sin embargo, se ha evitado el uso del almidón es su forma nativa. Previamente demostramos el potencial como adyuvante de vacunas del almidón nativo (AN) luego de la administración vía mucosa (1-2), así como el potencial inmunoestimulante como refuerzo a la vacunación con BCG (3). El objetivo de este trabajo fue evaluar el tiempo de retención del AN en los tejidos mucosos y su alcance a sitios inductores de la respuesta inmune mucosa luego de la administración nasal, así como la adhesión *in vitro* a la mucina, como paso inicial en su caracterización

Metodología. Se realizó la caracterización del AN utilizando el Zetasizer Nano ZS. Se administró AN teñido con FITC (AN-FITC) mediante goteo por vía nasal a ratones hembra Balb/c de 10-14 semanas. Se evaluó el tiempo de retención del AN en cavidad nasal junto con la presencia/ausencia en tejido linfoide asociado a nariz (NALT). La visualización se hizo mediante CLSM y sistema de imágenes in vivo IVIS Lumina XR III. Se determinó la adhesión in vitro del AN a la mucina porcina gástrica (PGM) y a la mucina submaxilar bovina (BSM) por fluorimetría.

Resultados. Tras la administración nasal de una dosis única de AN-FITC (2.5 µm, índice de polidispersión: 1.0, potencial-ζ: -13.8), se observó la retención del almidón hasta por 8 horas en la cavidad nasal de los ratones (Fig. 1A).

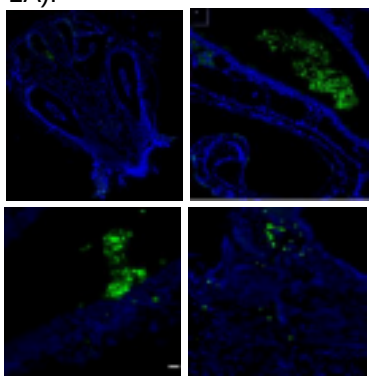


Fig. 1. Localización del AN en la cavidad nasal de ratones Balb/c. Imágenes de microscopía confocal de barrido laser (CLSM) de A. Cavidad nasal; B. Retención de AN en la luz de la cavidad nasal a las 8 horas; C. Traslocación del AN desde la luz, a través del epitelio; D. Alcance del AN al NALT.

El AN se localizó predominantemente en la luz del pasaje nasal (Fig. 1B) y sobre el epitelio mucoso de los cornetes nasales (Fig. 1C). El AN se translocó desde la luz de la cavidad nasal a través del epitelio de mucosa (Fig. 1C). El AN se depositó en el NALT entre 2 y 4 horas pos administración. La retención del AN en cavidad nasal a lo largo del tiempo fue confirmada en los experimentos *in vivo* (Fig. 2 A-B).

Se observó una disminución gradual de la intensidad de fluorescencia de la BSM no unida tras la adición de concentraciones crecientes de AN en el ensayo de adsorción (Fig 3). El porcentaje de unión con la BSM fue de 16.6-47.8 % a pH 5.8 y 12.3-35 % a pH 6.8.

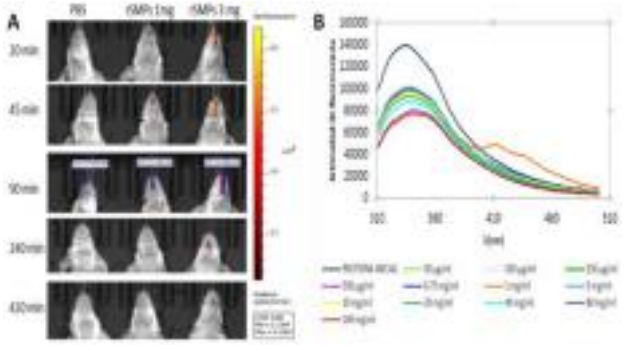


Fig. 2. A. Imágenes de fluorescencia *in vivo* de ratones Balb/c luego de la administración nasal de 1 y 3 mg de AN. B. Espectro de fluorescencia de BSM tras la adsorción de concentraciones crecientes de AN

Conclusiones. El almidón nativo se retiene en cavidad nasal y alcanza el principal sitio inductor de respuesta inmune de mucosa en roedores, gracias a sus propiedades de mucoadhesión. Se proporciona nueva evidencia de la posibilidad de usar el almidón nativo en desarrollos biotecnológicos biomédica y farmacológica

Agradecimiento. Nathaly Vasquez Martínez es parte del programa de Maestría y Doctorado en Ciencías Bioquímicas y tiene apoyo de una beca personal del Conacyt. El proyecto fue financiado por DGAPA-UNAM.

Bibliografía.

1. S, Rodríguez-Sanoja R (2014). *Carbohydr. Polym.* 112: 210-215.

2. Moreno-Mendieta S, Guillén D, Espitia C, Hernández-Pando R, Sánchez S, Rodríguez-Sanoja R (2014). *Int. J. Pharm*. 474(1-2): 241-248

3. Moreno-Mendieta S, Barrios-Payán J, Mata-Espinosa D, Sánchez S, Hernández-Pando R, Rodríguez-Sanoja R (2017). *Vaccine*. 35(38): 5123-5130.

ANALISIS DE LA REGULACIÓN DE LA POLIMERIZACIÓN DE BIOPLÁSTICO POLIHIDROXIBUTIRATO (PHB) POR LAS PROTEÍNAS PhbF y Avin_33510 en *Azotobacter vinelandii*.

Thalía Barrientos Millán, Libertad Adaya, Holjes Salgado, Josefina Guzmán, Soledad Moreno, Carlos Peña, Guadalupe Espín, Daniel Segura González, Universidad Nacional Autónoma de México (Instituto de Biotecnología), Cuernavaca, Morelos 62210. thalia.barrientos@ibt.unam.mx.

Palabras clave: polihidroxibutirado, depolimerasas, regulación

Introducción. Los polihidroxialcanos (PHA) son poliésteres producidos por bacterias como reserva de energía, carbono y poder reductor, y son acumulados en gránulos intracelulares insolubles. Además, se utiliza para fabricar plástico biodegradable. A. vinelandii es una bacteria capaz de producir un PHA llamado polihidroxibutirato (PHB) y aunque se conocen algunos reguladores de genes biosintéticos de PHB, apenas se han descrito dos posibles reguladores de genes de PHB depolimerasas, involucradas en degradación, PhbF y Avin_33510.
El objetivo de este trabajo es caracterizar el papel de estos reguladores recién descritos sobre el proceso de degradación de PHB (movilización).

Metodología. La participación de ambos reguladores, PhbF y Avin_33510, en el control de la movilización fue demostrado por análisis fenotípicos en las cepas silvestres UW136 y OP, y en las mutantes UW136phbF y OP33510, crecidas en medio mínimo Burk-Glucosa 30 mM (BG) y PY-Sacarosa 2% (PYS). El análisis de la expresión de los genes phbZ1 y phbZ3 se realizó mediante RT-qPCR, y fusiones transcripcionales con el promotor de los genes anteriores y el gen reportero gusA.

Resultados. Al realizar una cinética de producción de PHB en medio BG, se observó una disminución en la acumulación de PHB en la mutante UW136phbF con respecto a la cepa silvestre UW136 (Figura 1A), lo que corresponde con el aumento en la expresión de la PHB depolimerasa phbZ1 (Figura 1B).

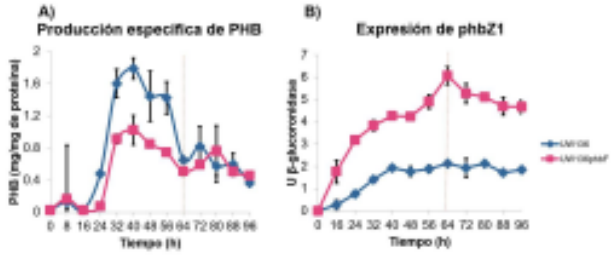


Fig. 1. Cinética de producción específica de PHB (A) y de expresión de la fusión phbZ1-gusA (B) en las cepas UW136 y UW136phbF crecidas en medio BG.

Al analizar la producción de PHB en las cepas OP y OP33510 no se observaron diferencias en la acumulación de PHB entre ambas cepas al crecerlas en medio BG (Figura 2A), pero sí al crecerlas en medio PYS (Figura 2B)

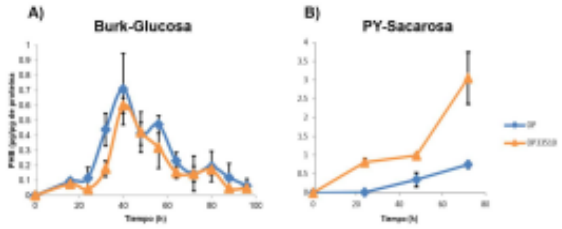


Fig. 2. Cinética de producción específica de PHB en medio BG (A) y en medio PYS (B) de las cepas OP y OP33510.

El análisis los transcritos de phbZ1 (Figura 3A) y phbZ3 (Figura 3B) mostró un aumento y una disminución, respectivamente, al mutar el regulador correspondiente.

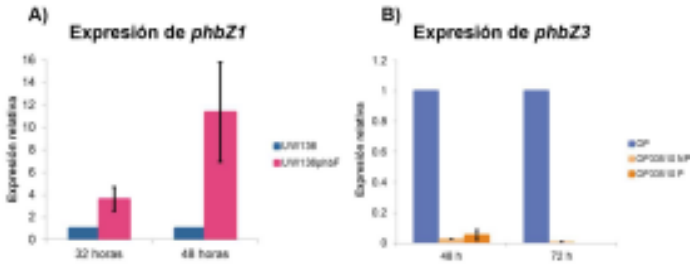


Fig. 3. Expresión relativa de phbZ1 (A) y phbZ3 (B) en la cepa silvestre UW136 y OP, y en las mutantes UW136phbF y OP33510, respectivamente.

Conclusiones. En la mutante UW136phbF la disminución en la cantidad de PHB acumulado y el aumento en la expresión de phbZ1 indican que PhbF es un regulador negativo de la expresión de esa depolimerasa. Por otra parte, Avin_33510 parece ser un regulador positivo del gen de la PHB depolimerasa phbZ3, ya que la cantidad de PHB incrementa y los transcritos de phbZ3 disminuyen en la mutante OP33510 con respecto a la cepa silvestre OP. Además, parece que PhbZ1 y PhbZ3 actúan cada una en distinta condición.

Agradecimiento. Proyectos CONACyT 255158 y PAPIIT-UNAM IG200219.

Bibliografía.

1. Pötter, M. & Streinbüchel, A. (2005) Poly(3-hydroxybutirate) granule associated proteins: Impacts on poly(3-hydroxybutyrate) synthesis and degradation. Biomacromolecules (6): 552-560.
2. Yen, Y. B., Wu, Q. & Zhang, R. Q. (2000) Dynamic accumulation and degradation of poly(3-hydroxyalkanoate) in living cells of Azotobacter vinelandii UWD characterized by 13C NMR. FEMS Microbiology Letters (193): 269-273.
3. Adaya, L., Millán, M., Peña, C., Jendrossek, D., Espín, G., Tinoco Valencia,R., Guzmán, J., Pfeiffer, D. & Segura, D. (2018) Inactivation of an intracelular poly-3-hydroxybutyrate depolymerase of Azotobacter vinelandii allows to obtain a polymer of uniform high molecular mass. Applied Microbiology and Biotechnology (102): 2693-2707

CARACTERIZACIÓN DE ALMIDÓN RECUPERADO DE PAPA DE RESIDUO INDUSTRIAL

Diana G. Montoya-Anaya[1], Claudia Grijalva-Verdugo[1], César L. Aguirre-Mancilla[1], J. Tomás Madera-Santana[2], J. Rubén Rodríguez-Núñez[3]

[1] División de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México/IT de Roque, Celaya, Guanajuato, 38110, México, [2] Centro de Investigación en Alimentos y Desarrollo, C.A. CTAOV, AP 1735, Hermosillo, Sonora, 83304, México, [3] Programa de Biotecnología, Universidad de Guanajuato. Mutualismo #303, Colonia La Suiza, Celaya, Guanajuato, C.P. 38060, México
dianamontoya1504@gmail.com

Palabras clave: FTIR, SEM, EDS

Introducción. La papa (*Solanum tuberosum*) es un alimento de importancia mundial, con una producción de 370 millones de toneladas en 2019 (1), el 29% se destina a la industria y genera de 100-120 kg/t de residuos, que no son aprovechados adecuadamente (2). El almidón recuperado de estos residuos se utiliza ampliamente en sectores industriales, como empaques biodegradables, alimentos y textiles (3).
El objetivo del presente trabajo fue caracterizar almidón de papa residual, mediante pruebas instrumentales para su posible aplicación en empaques biodegradables.
Metodología. Se extrajo almidón de papa de variedad Fiana procedente de una empresa procesadora de papa, mediante el método de decantación (4), los grupos funcionales del almidón obtenido fueron identificados mediante Espectroscopia FTIR, mientras que el tamaño de partícula y composición fueron determinadas mediante Micrografía electrónica de barrido (SEM) y Análisis Elemental (EDS) (5).
Resultados. Los rendimientos del almidón de papa fueron de 4.14% ± 0.92, mientras que la figura 1 muestra los espectros FTIR del almidón, atribuidos a los diferentes grupos funcionales que forman parte de su estructura.

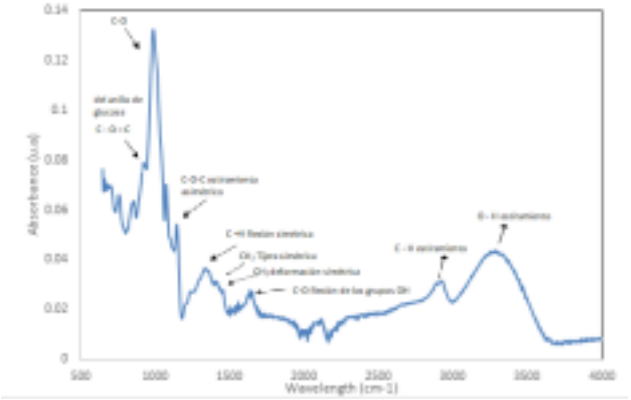


Fig. 1. Espectro FTIR de almidón de papa.

La figura 2 muestra los gránulos de almidón de papa de forma oval con superficie lisa, se observaron algunos conglomerados y en cuanto a tamaño, estos oscilaron entre 14-69 µm. La microscopía electrónica de barrido con detector de energía dispersiva (EDS) muestra la composición elemental del almidón (tabla 1).

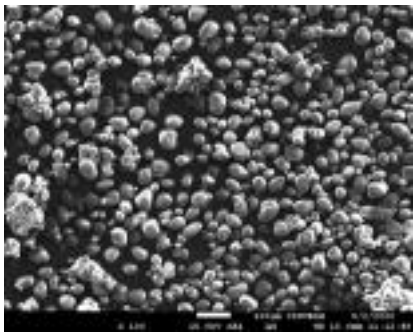


Fig.2. Microscopía electrónica de almidón de papa.

Tabla 1. Composición elemental del almidón de papa.

Elemento	Peso%	Atómico %
C K	47.11	54.39
O K	52.46	45.46
K K	0.43	0.15
Total	100.00	

Conclusiones. Los rendimientos pueden mejorar adecuando el proceso de extracción. Se caracterizó el almidón de papa residual, comprobado la composición del almidón y el potencial de productos de bajo valor agregado, lo cual es de suma importancia para decidir las posibles aplicaciones del almidón.
Agradecimiento. El equipo de trabajo agradece al Laboratorio Nacional de Nano y Biomateriales (LANNBIO), Mérida, Yucatán, por el apoyo brindado para el uso del equipo instrumental.
Bibliografía.

1. FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Statistics Division. https://www.fao.org/faostat/es/#data/ QC (2020). Acceso 02/11/2020.
2. Mejía Méndez, G., y Castellanos Suárez, J. A. (2018). RMCA 9(8): 1661
3. Maniglia, B. C., Castanha, N., Le-Bail, P., Le-Bail, A., and Augusto, P. E.(2020. CRFSN: 1-24.
4. Vargas, G., Martínez, P., y Velezmoro, C.. (2016). SA, 7(spe), 223- 230.
5. Acosta-Ferreira, S., Castillo, OS, Madera-Santana, JT, Mendoza García, DA, Núñez-Colín, CA, Grijalva-Verdugo, C., y Rodríguez Núñez, JR (2020). IB, 28 , e00554

MATERIALES BIOHÍBRIDOS: NANOVESÍCULAS DE LÍPIDOS, PROTEÍNAS Y POLÍMEROS

R. Pérez-Isidoro[a], F.J. Guevara-Pantoja[b], C. Ventura-Hunter[a,c], C. Guerrero-Sánchez[c], E. Saldívar-Guerra[a]
[a]Centro de Investigación en Química Aplicada, Blvd. Enrique Reyna 140, Saltillo, Coahuila 25294, México. [b]CINVESTAV-Monterrey. [c]Jena Center for Soft Matter, Friedrich-Schiller-University.
perezisidoror@gmail.com

Palabras clave: liposomas, copolímeros, microgotas

Introducción. En los últimos años se han propuesto sistemas innovadores para la liberación controlada de fármacos. Estos son elaborados a partir de materiales que incluyen lípidos, proteínas o polímeros (1). Tales compuestos tienen un gran potencial en esta área (1). Sin embargo, el estudio de las propiedades de dichos materiales de manera conjunta aprovechando el potencial de cada uno, es un área en desarrollo (2). En este trabajo, se presenta: 1) una metodología para ensamblar películas biohíbridas compuestas de dimiristoilfosfatidilcolina (DMPC), lisozima (LYZ), y copolímeros anfifílicos de acrilato de etilenglicol-metileter (PEGA), acrilato de butilo (BuA) y acrilato de dodecilo (LA); 2) la formación de nanovesículas biohíbridas; y 3) una caracterización fisicoquímica de tales sistemas. Estos nanobiohíbridos podrían tener un gran potencial para ser usado en nanofarmacología.

Metodología. Copolímeros de PEGA-BuA y PEGA-LA con carácter anfifílico fueron sintetizados por adición, fragmentación y transferencia reversible de cadena (RAFT). Películas biohíbridas de DMPC, lisozima, y copolímeros fueron ensamblados sin el uso de solventes orgánicos, por medio de un proceso de evaporación de microgotas sobre una superficie hidrófoba. A partir de las películas biohíbridas se formaron liposomas unilamelares de 100 nm por medio de extrusión mecánica. Los sistemas biohíbridos fueron caracterizados utilizando microscopía óptica, calorimetría diferencial de barrido (DSC) y dispersión dinámica de luz (DLS).

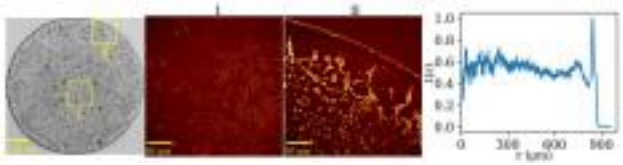


Fig. 1. Micrografía de una película de DMPC/LYZ/PEGA$_9$LA22 formada por por el secado de microgotas sobre una superficie de polipropileno. Perfil de densidad radial del patrón obtenido por la gota evaporada

Resultados. 1) Por medio de una metodología libre de solventes orgánicos se logró el ensamble de sistemas biohíbridos compuestos por DMPC, lisozima y copolímeros de PEGA-BuA y PEGA-LA.
2) Los sistemas que contienen BuA tienden a desestabilizar a la membrana aumentando el índice de polidispersidad.
3) La transición de fase gel-fluido de DMPC es desplazada hacia temperaturas más altas cuando parte de lisozima se incorpora en la membrana.

Este efecto es potenciado por la presencia de los copolímeros y aumenta a mayor número de unidades de BuA o LA.
4) La temperatura de transición correspondiente a la desnaturalización de la lisozima no se ve modificada, sin embargo, el cambio en la entalpía de ésta si disminuye, indicando que parte de la proteína se adsorbe en la membrana.

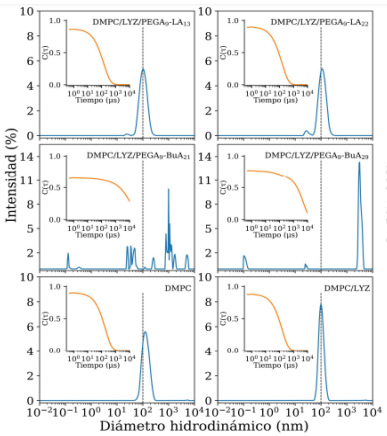


Fig. 2. Tamaño de vesículas de DMPC/LYZ/Copolímeros y función de correlación obtenidos por dispersión dinámica de luz (DLS)

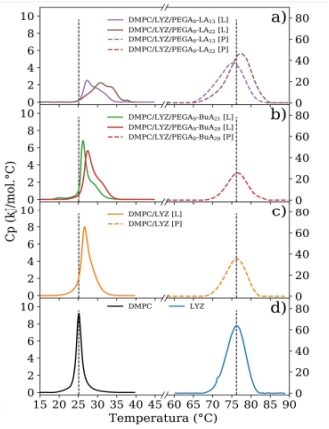


Fig. 3. DSC de vesículas biohíbridas. Transiciones de fases gel-fluido para lípidos (T>50 °C) y desnaturalización de la proteína (T<50 °C)

Conclusiones. El diseño y caracterización de nuevos materiales biohíbridos es un área de vital importancia en nanofarmacología. En este trabajo presentamos que la dinámica de flujos en un proceso de evaporación de microgotas permite ensamblar biomateriales híbridos. La caracterización de dichos sistemas por medio de DSC y DLS reflejan que tanto la lisozima como los copolímeros de PEGA-BuA y PEGA-LA interaccionan con las membranas lipídicas aumentando la cohesión de esta misma y favoreciendo la formación de dominios. El sistema DMPC/LYZ/PEGA-LA, es más estable que DMPC/LYZ/PEGA-BuA, por lo que es un potencial candidato como sistema de acarreo de fármacos.

Agradecimiento. RPI agradece al Programa de Estancias Posdoctorales-CONACYT 2020 por el soporte para el desarrollo de este trabajo.

Bibliografía.

(1) Krywko-Cendrowska A., Di-Leone S., Bina M., Yorulmaz-Avsar S., Palivan C.G., Meier W. (2020). Polymers. 12(5), 1003.

(2) Meyer C.E. Abram S.L., Craciun I., Palivan C.G. (2020). Phys.Chem.Chem.Phys. (22) 11197-11218

BIOSÍNTESIS DE POLIHIDROXIALCANOATOS UTILIZANDO GLICEROL CRUDO COMO FUENTE DE CARBONO Y PSEUDOMONAS

Valeria Ramírez[1], Liliana Cruz, Alejandra. Álvarez, Juan de Dios. Galindo y Vanessa Vallejo. Facultad de Ingeniería, División de Investigación y Posgrado, Universidad Autónoma de Querétaro, Centro Universitario Cerro de las Campanas, Querétaro, Qro., C.P. 76010, México.
[1] valeriamonserratrq@gmail.com

Palabras clave: Polihidroxialcanoatos, Pseudomona, Glicerol Crudo

Introducción. La producción mundial de resina y fibra aumentó de 2 millones de toneladas en 1950 a 380 millones de toneladas en 2015 [1], [2]. Además de la crisis de los combustibles fósiles, la investigación y el desarrollo de sustitutos químicos/materiales alternativos es fundamental para reducir la dependencia de los recursos humanos fósiles, así como de los polímeros. Uno de los posibles candidatos como sustitutos son los polihidroxialcanoatos (PHA). El biodiésel genera aproximadamente un 10% (p/p) de glicerol como principal subproducto. El exceso de glicerol generado puede convertirse así en un problema medioambiental, de esta forma, una de las aplicaciones potenciales es su uso como fuente de carbono y energía para el crecimiento microbiano [4], además de que se afirma que es una alternativa económica y ambientalmente atractiva [5]. En este estudio *utilizando Pseudomona putida y Pseudomona Aeruginosa*, la síntesis de PHA se llevó a cabo a partir de glicerol de grado reactivo y glicerol crudo obtenido de la síntesis de biodiesel. Este estudio demuestra que la producción de PHA a partir de glicerol crudo tiene un nivel similar de acumulación obtenido del grado de reactivo de glicerol en ambas cepas.

Metodología.

Inoculación, incubación, extracción y purificación de PHA se realizó como se describió anteriormente en la literatura [6], [7].

Resultados.

a) Curvas de crecimiento de *P. aeruginosa y P. putida* A partir de las curvas de crecimiento para la cepa *P. putida y aeruginosa,* se observó que la fase exponencial aparece en ambos casos cerca de las 10 horas transcurridas. El crecimiento de células en glicerol crudo fue el más rápido en las primeras 12 h.

b) Evaluación de la producción de PHA en las diferentes cepas de *P. aeruginosa* y *P. putida* En la figura 1 se muestra el consumo de Gli y Cr-Gli y la producción de PHA durante 24 horas, donde la producción máxima de PHA comienza alrededor de la hora 18 en ambas cepas, metabolito secundario.

c) Análisis termogravimétrico. A partir del Análisis Termogravimétrico y el Análisis Térmico Diferencial, los resultados obtenidos del análisis de las curvas se compilan en la Tabla 1.

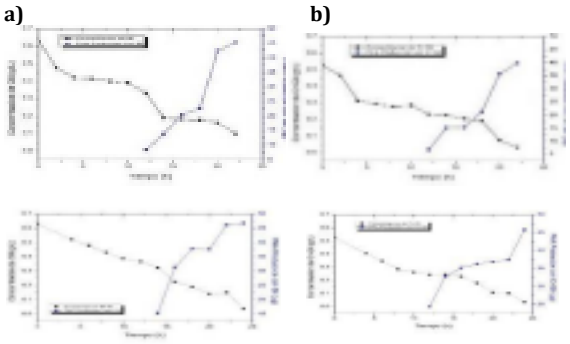


Fig. 1 Tasa de consumo del sustrato en negro, glicerol (fig. a y c), glicerol crudo (fig. b y d) y la producción de biopolímero en azul de las cepas *P. aeruginosa* (fig. 3 a y b) y *P. putida* (fig. 3 c y d).

Tabla 1. Datos TGA / DTG correspondientes a PHA-Cr-Gli y PHA-Gli

Característica	*Ton, °C*	*T10%, °C*	*Tmax, °C*	*rPHA600 %,°C*
Muestra				
PHA-Cr-Gli	201.22	219.70	285.06	28.16
PHA-Gli	204.05	224.05	292.23	28.4

d) Calorimetría diferencial de barrido. A partir de las curvas de calentamiento de PHA a partir de glicerol crudo (PHA-Cr-Gli) y de glicerol puro (PHA-Gli). La muestra de PHA Gli presenta su temperatura de transición vítrea (Tg) a 67.13 °C, mientras que la muestra de PHA-Cr-Gli tiene dos Tg diferentes, a 57.33 °C y 159.78 °C, por lo que la PHA-Cr-Gli exhibe una mayor flexibilidad a temperatura ambiente.

e) Difracción de Rayos X. El espectro XRD del PHA-Gli se muestra en la figura 6 exhibió bandas anchas alrededor de 2θ = 20.10°, 30.24° y 39.91°, probablemente por la contribución tanto del pico cristalino del mcl-PHA La señal cerca de 20,10°, así como la joroba a 30,26°, se pueden atribuir al patrón XRD del poli (3-hidroxibutirato) (P(3HB)) [8].

Conclusiones. Se sintetizaron con éxito PHA a partir de glicerol crudo y de glicerol de grado reactivo por *P. aeruginosa*,así como con *P. putida*. La producción de PHA es un metabolito secundario para ambas cepas bacterianas. La estabilidad térmica y la temperatura máxima de degradación obtenidas deambas muestras fueron muy similares, por lo que PHA-Cr-Gli al tener propiedades físicas similares al PHA-Gli nos brinda la posibilidad de implementar la producción a partir de una fuentemás sustentable y mantener las aplicaciones ya conocidas del PHA reduciendo el costo del sustrato, de la misma manera incrementando la rentabilidad del proceso.

Bibliografía

[1] E. PlasticsEurope, Plastics Europe. Brussels Belgium, 2016.
[2] E. PlasticsEurope and E. EPRO, Plastics Europe Belgium, 2008.
[3] G. Y. A. Tan et al., Polymers (Basel)., vol. 6, no. 3, pp. 706–754, 2014, doi: 10.3390/polym6030706.
[4] G. Paulo, M. Mack, and J. Contiero, Biotechnol. Adv., vol. 27, no. 1, pp. 30–39, 2009, doi: 10.1016/j.biotechadv.2008.07.006.
[5] J. D. Guthrie, 1949.
[6] M. Franco-Correa, D. Gómez-Méndez, N. Castro-Medina, and M. Rendón-Ruiz, Rev. Peru. Biológia, vol. 16, no. 1, pp. 115–118, 2009.
[7] N. Jacquel, C. W. Lo, Y. H. Wei, H. S. Wu, and S. S. Wang, Biochem. Eng. J., vol. 39, no. 1, pp. 15–27, 2008, doi: 10.1016/j.bej.2007.11.029.
[8] A. N. Frone et al., 2020, doi: 10.3390/nano10010051

APLICACIÓN DE LA TÉCNICA DE ELECTROHILADO EN LA FABRICACIÓN DE ANDAMIOS DE GELATINA

José Luis Quijano Mendoza, Nayeli Rodríguez Fuentes, Fernando Hernández Sánchez, Hugo Joel Carrillo Escalante
Centro de Investigación Científica de Yucatán, Unidad de Materiales, Mérida, Yucatán, C.P. 97205
jose_lux15@hotmail.com

Palabras clave: Andamios, Electrohilado, Gelatina

Introducción. Actualmente, los sustitutos dérmicos comerciales disponibles en el mercado conllevan ciertos inconvenientes en su uso y, en muchos casos, implican dilemas éticos y morales debido a su fuente de origen [1]. Para evitar dichos problemas, es importante recurrir al uso de estructuras tridimensionales denominadas andamios, ya que suministran el soporte que necesitan las células para adherirse, proliferar y mantener sus funciones específicas [2]. Entre los materiales idóneos para fabricar andamios con aplicaciones dermatológicas, destaca la gelatina entrecruzada debido a sus propiedades fisicoquímicas [3]. Dichas características, permiten elaborar andamios de gelatina entrecruzada mediante la técnica de electrohilado [4]. Bajo este panorama, el presente trabajo se enfoca en producir estructuras de gelatina utilizando la técnica antes mencionada, para posteriormente emplearlas como andamios con posible aplicación dérmica.

Objetivo. Elaborar andamios electrohilados de gelatina entrecruzada, cuyas propiedades fisicoquímicas sean adecuadas para posibles aplicaciones dérmicas.

Metodología. Los andamios fueron fabricados mediante la técnica de electrohilado a partir de una solución de gelatina en 2,2,2-Tifluoroetanol [4] y, posteriormente fueron entrecruzados con glutaraldehído (GTA) a distintos tiempos de entrecruzamiento. Los andamios obtenidos fueron caracterizados mediante las técnicas de microscopía óptica (MO), microscopía electrónica de barrido (SEM) y espectroscopia de infrarrojo (FTIR-ATR). Aunado a esto, también fueron sometidos a una prueba de hemólisis (como ensayo de biocompatibilidad).

Resultados. La caracterización con MO permitió establecer los parámetros de electrohilado (mostrados en la Tabla 1) necesarios para elaborar los andamios y a la vez, medir el tamaño de las redes fibrilares. El análisis FTIR-ATR permitió constatar que se llevó a cabo el entrecruzamiento entre los grupos funcionales de la gelatina y el GTA, ya que se observó un crecimiento en picos ligados a las reacciones entre el carbono y el hidrógeno, así como la formación de uno relacionado a un enlace C=O. No obstante, estos cambios significativos sólo fueron detectados en los andamios con el mayor tiempo de entrecruzamiento. En el caso del resto de los andamios entrecruzados, se puede asegurar que dicha reacción se llevó a cabo de manera cualitativa, ya que los andamios, originalmente blanquecinos, se tornaron más amarillentos a mayor tiempo de exposición con el agente entrecruzante. Esta coloración se relaciona con la aparición de enlaces imina entre el GTA y los enlaces amina de la gelatina. De igual manera, mediante la prueba SEM se midió el diámetro de las fibras de gelatina y, además, se observó que, a mayor tiempo de entrecruzamiento, los andamios de gelatina tienden a preservar su estructura morfológica. Los resultados obtenidos mediante la prueba de hemólisis arrojaron que todos los andamios son hemocompatibles y no hemotóxicos, según la Norma ISO 10993-4.

Tabla 1. Parámetros de electrohilado utilizados durante la elaboración de andamios de gelatina.

Voltaje	Gasto	Distancia de aplicación	Diámetro interno de la aguja
12.25 kV	0.3 ml/h	18 cm	0.90 mm

Conclusiones. La técnica de electrohilado permitió elaborar andamios de gelatina, los cuales posteriormente fueron entrecruzados con glutaraldehído para mejorar sus propiedades fisicoquímicas. Considerando el tamaño del diámetro las fibras obtenidas y los resultados obtenidos en la prueba de hemólisis, es posible concluir que estos andamios son biocompatibles, y, por lo tanto, buenos candidatos para aplicaciones dermatológicas.

Agradecimiento. A la Unidad de Materiales del Centro de Investigación Científica de Yucatán, por permitirme el uso de sus instalaciones y equipos.

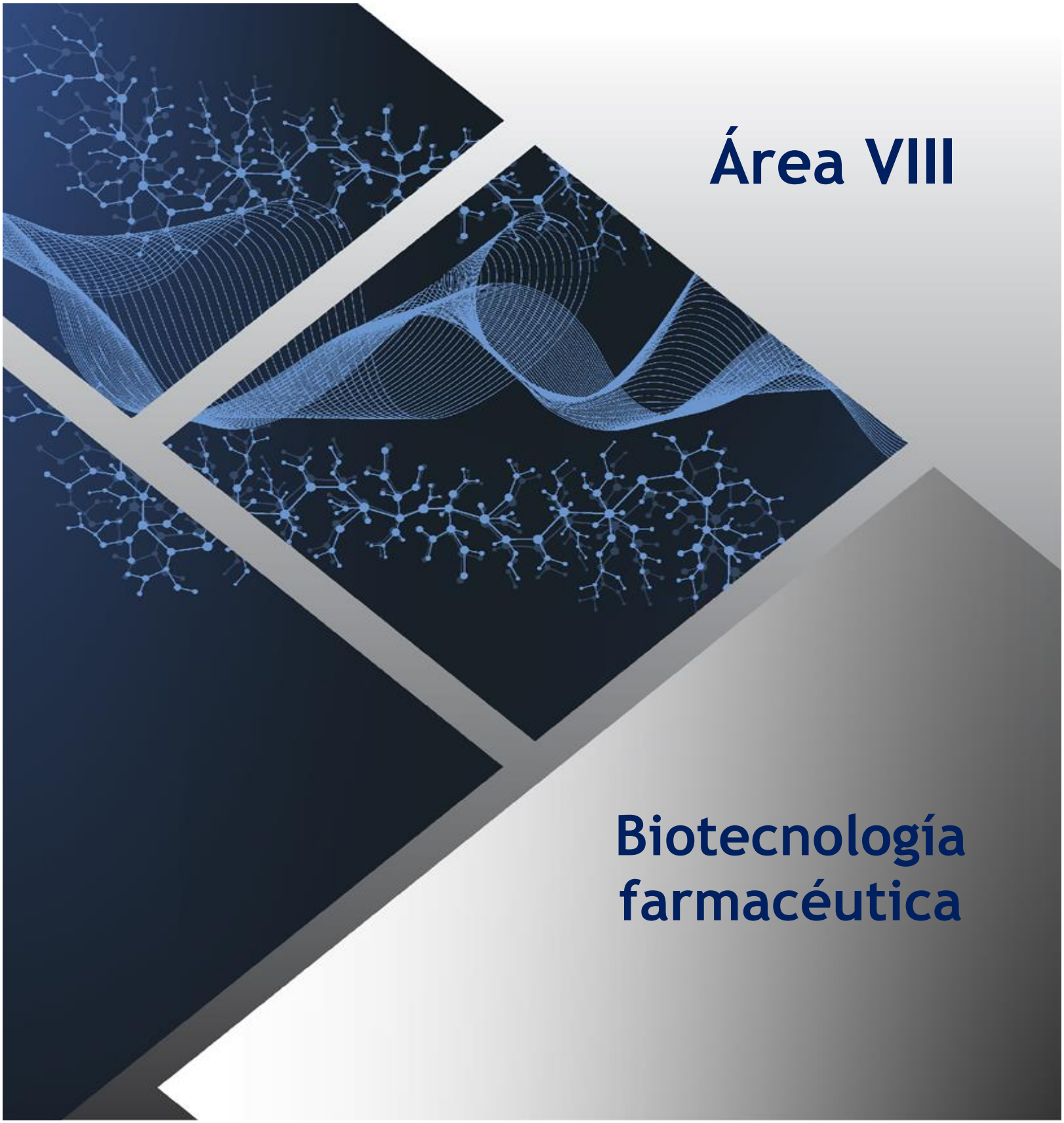
Bibliografía

1. Vig K, Chaudhari A, Tripathi S, Dixit S, Sahu R, Pillai S et al. (2017*). Int. J. Mol. Sci*. 18(4):789.

2. Dhandayuthapani B, Yoshida Y, Maekawa T, Kumar D. (2011). *Int. J. Polym. Sci.* 2011:1-19.

3. Kang H, Tabata Y, Ikada Y. (1999). *Biomaterials*. 20(14):1339- 1344.

4. Zhang Y, Venugopal J, Huang Z, Lim C, Ramakrishna S. (2006). *Polymer.* 47(8):2911-2917



Área VIII

Biotecnología farmacéutica

Contenido

ESTUDIO DEL PROTEOMA DE LA VÍA CLÁSICA DE SECRECIÓN EN CÉLULAS CHO PRODUCTORAS DE UN ANTICUERPO ANTI-INTERLEUCINA 8 HUMANA
Saumel Pérez-Rodriguez, Tune Wulff, Bjørn G. Voldborg, Claudia Altamirano, Mauricio A. Trujillo-Roldán, Norma A. Valdez-Cruz 286

DISEÑO Y EXPRESIÓN DE QUIMERAS MULTI-EPÍTOPOS DE TSA-1 USANDO LA CHAGASINA DE T*rypanosoma cruzi* COMO ANDAMIO MOLECULAR
Claudia I. Flores-Pucheta, Ezequiel Nava-Pintor, Jazmin D. Reyes-Martínez, Yazmin I. Rodríguez-Gavaldón, Octavio Montes-Flores, Gerardo Reséndiz-Cardiel, Jaime Ortega-López 287

EFECTO DEL PESO MOLECULAR DEL QUITOSÁN EN EL TAMAÑO Y CARGA DE SUPERFICIE DE NANOPARTÍCULAS PARA TERAPIA GÉNICA
Saúl Enrique Trejo López, Susana Patricia Miranda Castro, Adela del Real, María Eugenia Aranda Barradas 288

LA METILACIÓN COMO FACTOR EPIGENÉTICO IMPORTANTE EN LA HETEROGENEIDAD DE SUB CLONAS DE CÉLULAS CHO RECOMBINANTES PRODUCTORAS DE UN ANTICUERPO MONOCLONAL
César Coria, Vanessa Hernández, Martha Contreras, Alberto Porras, Laura A. Palomares, Tonatiuh Ramírez 289

CAMBIOS EN LA TERMOINDUCCIÓN EN *E. coli* RECOMBINANTE DETERMINA LA PRODUCTIVIDAD Y LA AGREGACIÓN DE rHuGM-CSF
Norma A. Valdez-Cruz, Diego Rosiles, Angélica B. Vargas-Castillo, Sara Restrepo-Pineda, Nuria Sánchez Puig, Néstor O. Pérez, Mauricio A. Trujillo-Roldán 290

CARACTERIZACIÓN FISICOQUÍMICA PARCIAL DE PROTEÍNAS INMUNODOMINANTES DE *Entamoeba histolytica*
María S. Flores, Isela Quintero, Fátima Gandarilla, Laura Trejo, Katiushka Arévalo. María Guadalupe Maldonado, Elizabeth Alemán, Verónica Almaguer, Myriam Elías, Luis Galán 291

LA EXPRESIÓN DE UNA RUTA BIOSINTÉTICA BACTERIANA EN CÉLULAS CHO PRODUCE UN PÉPTIDO NO-RIBOSOMAL QUE PREVIENE LA PROTEÓLISIS DE UNA PROTEÍNA RECOMBINANTE
Violeta Guadarrama, César Aguilar, Hilda Ramos, Francisco Barona, Alberto Porras, Martha Contreras, Laura A. Palomares 292

ESTRATEGIA PARA SUPRIMIR ÁCIDOS NUCLEICOS DE UN VIRUS ADVENTICIO EN CULTIVOS DE CÉLULAS DE INSECTOS *Sf9*.
Alonso Ulises Pérez Hernández, A. Ruth Pastor Flores, Octavio Tonatiuh Ramírez, Laura A. Palomares 293

DISEÑO Y EXPRESIÓN DE UN ANTICUERPO BIESPECÍFICO MEDIANTE LA COTRANSFECCIÓN CON DOS DIFERENTES PLÁSMIDOS
Juan Carlos Rivera, Octavio T. Ramírez, Laura A. Palomares 294

DESARROLLO DE UN CANDIDATO A VACUNA DUAL CONTRA LOS VIRUS DENGUE Y ZIKA MEDIANTE LA PRESENTACIÓN DE UN MIMÓTOPO EN LA CÁPSIDE DE VIRUS ADENO-ASOCIADO DEL SEROTIPO 8
Arturo Liñán, Esmeralda Cuevas-Juárez, A. Ruth Pastor, Octavio Tonatiuh Ramírez, Laura A. Palomares 295

DISEÑO *in silico* DE UN CANDIDATO VACUNAL CON ANTÍGENOS RECOMBINANTES DE *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*.
Alejandra Hernández-Guerra, Silvia Moreno-Mendieta, Daniel Guillén, Romina Rodríguez-Sanoja 296

EFECTO DE LA ESTRATEGIA DE ALIMENTACIÓN Y LA TEMPERATURA SOBRE LOS PARÁMETROS DE PRODUCCIÓN DEL PRECURSOR DE GLARGINA EN *Pichia pastoris*
Abel Caballero-Pérez, José María Viader-Salvadó, José Antonio Fuentes-Garibay, Martha Guerrero-Olazarán 297

MODELADO Y ANÁLISIS COMPARATIVO DE UN DISEÑO DE TIRA DIAGNÓSTICO PARA LA DETECCIÖN DE LO VENENOS DE *Botrhps asper Y Crotalus simus*
Roberto Olivares-Hernández, Alejandro Alagón-Cano, Hilda Vázquez López 298

DESARROLLO DE UNA VACUNA ORAL PROTECTORA CONTRA *PLASMODIUM VIVAX* UTILIZANDO *Chlorella vulgaris* COMO VECTOR
Luz Aurora Ramírez R., Juan Carlos Ramírez V., Escarlett González M., Daniel A. Pérez R., Froylán M.E. Escalante 299

DISEÑO *in silico* DE UNA VACUNA MULTIMÉRICA CONTRA *Leishmaniasis mexicana*
Ana Rebeca Ruíz López; Armando Tejeda Mansir 300

ESTABLECIMIENTO DE CONDICIONES DE UN BIOENSAYO PARA MEDIR LA ACTIVIDAD INMUNOESTIMULADORA DE MOLÉCULAS QUE ACTIVAN LA LÍNEA CELULAR THP-1
Brenda Michelle Bahena Mondragón, Carlos Alberto Tavira Montalván, Angélica Meneses Acosta 301

ESTUDIO DEL PROTEOMA DE LA VÍA CLÁSICA DE SECRECIÓN EN CÉLULAS CHO PRODUCTORAS DE UN ANTICUERPO ANTI-INTERLEUCINA 8 HUMANA

Samuel Pérez-Rodriguez, Tune Wulff, Bjørn G. Voldborg, Claudia Altamirano, Mauricio A. Trujillo-Roldán, Norma A. Valdez-Cruz, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, 04510.
saumel840217@gmail.com

Palabras clave: Anticuerpo monoclonal, Vía clásica de secreción, proteómica diferencial.

Introducción. Las células de ovario de hámster chino (CHO) constituyen el principal hospedero para la producción de proteínas recombinantes (PR), en las cuales la vía clásica de secreción (VCS) es un paso limitante que puede afectar la productividad (1). Sin embargo, los estudios ómicos previos han mostrado una cobertura limitada de esta vía (2). Por ello, el estudio proteómico de los compartimentos de la VCS permitirá identificar blancos diferenciales asociados al aumento de la productividad.

El objetivo del presente trabajo es identificar proteínas de la VCS diferencialmente acumuladas entre las clonas CRL-12444 y CRL-12445, con diferente productividad específica (qp) de un anticuerpo monoclonal (AcM) anti-interleucina 8 humana.

Metodología. Las líneas celulares se cultivaron en medio CDM4CHO en agitación a 37ºC y 5% CO_2, caracterizando su crecimiento, viabilidad, concentración de metabolitos y AcM. Las células se colectaron durante la fase exponencial de crecimiento, se fraccionaron (3), las proteínas se precipitaron (4), se digirieron con tripsina y los péptidos resultantes se identificaron y cuantificaron por LC-MS/MS (5). Se identificaron las proteínas diferencialmente expresadas (PED) entre ambas clonas (5).

Resultados. Las células CRL-12445 presentaron una qp 26 veces mayor que CRL-12444, y una menor velocidad de crecimiento (μ), concentración máxima de células (Xmax) y rendimiento Lactato/glucosa (Y´Lac/Glc) (Tabla 1). Esto favoreció la producción del AcM al incrementar la energía disponible a través de un metabolismo más oxidativo y destinarla a la síntesis y secreción de proteínas. 493 proteínas fueron identificadas como PED entre las 4952 identificadas, de las cuales el 80% no han sido reportadas. Las fracciones C3-C5 y C7, enriquecidas en organelos de la VCS, contribuyeron a la mayoría de las PED (Fig. 1). Las PED pertenecientes a la VCS sugieren que en aquellas células de mayor productividad sucede una mayor traducción, síntesis y translocación al retículo endoplásmico de proteínas, transporte de vesículas, abundancia de proteosomas, arreglos en el citosol y posibles cambios en la glicosilación. Asociados a mecanismos citoprotectores y preservación de energía, son estrategias celulares que incrementan la productividad (5).

Parámetro	CRL-12444	CRL-12445
μ (h^{-1})**	0.031 ± 0.002	0.024 ± 0.001
Xmax (10^6 células/mL)*	5.73 ± 0.57	4.65 ± 0.10
qGlc (μmol/10^6 células*día)*	−3.17 ± 0.26	−2.72 ± 0.05
qLac (μmol/10^6 células*día)**	4.15 ± 0.32	3.00 ± 0.15
Y´Lac/Glc (mol/mol)***	1.31 ± 0.01	1.11 ± 0.04

Tabla 1. Parámetros cinéticos y estequiométricos del cultivo celular

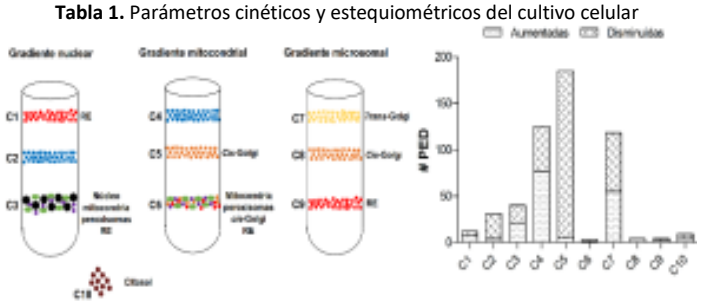


Fig. 1. Número de PED por cada compartimento celular.

Conclusiones. La proteómica de compartimentos de células CHO, permitió la identificación de nuevos blancos proteicos que ayudarán a comprender los procesos biológicos asociados con la qp y que proporcionan las bases necesarias para diseñar nuevas sub-líneas con modificaciones genéticas novedosas y mayores capacidades para la producción de PR.

Agradecimientos. Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM, CONACYT, Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica PAPIIT-UNAM IT-200719, IN-210419, Fundación Novo Nordisk, Inolab, repositorio DNASU, Sartorius de México, Nova Biomedicals, The Novo Nordisk Foundation Center for Biosustainability, PUCV.

Bibliografía.

1. Hasegawa H, Wendling J, He F, Trilisky E, Stevenson R, Franey H, Kinderman F, Li G, Piedmonte DM, Osslund T, Shen M, Ketchem RR (2011) *J Biol Chem.* 286(22):19917-31.
2. Sommeregger W, Mayrhofer P, Steinfellner W, Reinhart D, Henry M, Clynes M, Meleady P, Kunert R (2016) *Biotechnol Bioeng.* 113(9):1902-12.
3. Pérez-Rodriguez S, Ramírez-Lira MJ, Wulff T, Voldbor BG, Ramírez OT, Trujillo-Roldán MA, Valdez-Cruz NA (2020) *Plos One* 15(8): e0237930.
4. Pérez-Rodriguez S, Ramírez OT, Trujillo-Roldán MA, Valdez Cruz NA (2020) *Electron. J. Biotechnol.* 48:86-94.
5. Pérez-Rodriguez S, Wulff T, Voldborg BJ, Altamirano C, Trujillo Roldán MA, Valdez-Cruz NA (2021) *ACS Omega* (En prensa). DOI: 10.1021/acsomega.0c06030

DISEÑO Y EXPRESIÓN DE QUIMERAS MULTI-EPÍTOPOS DE TSA-1 USANDO LA CHAGASINA DE *TRYPANOSOMA CRUZI* COMO ANDAMIO MOLECULAR

Claudia I. Flores-Pucheta, Ezequiel Nava-Pintor, Jazmin D. Reyes-Martínez, Yazmin I. Rodríguez-Gavaldón, Octavio Montes-Flores, Gerardo Reséndiz-Cardiel, Jaime Ortega-López.
Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, CINVESTAV-IPN. Av. IPN No. 2508. Col. San Pedro Zacatenco. México D.F. C.P. 07360.
cflores@cinvestav.mx

Palabras clave: proteína quimérica, TSA-1, Chagasina.

Introducción. La enfermedad de Chagas, causada por *Trypanosoma cruzi*, es un problema grave de salud pública a nivel global. Debido a la baja eficacia del tratamiento existente se desarrolla una vacuna terapéutica como un tratamiento complementario o alternativo. En modelos animales se ha demostrado que las proteínas recombinantes TSA-1 y Tc24 son antígenos viables para el desarrollo de una vacuna terapéutica contra esta enfermedad1,2. Aunque TSA-1 se expresa de manera eficiente en *Escherichia coli* no se expresa de forma soluble por lo que una alternativa es expresar sus epítopos en una proteína que sirva como andamio molecular. La chagasina es una proteína de *T. cruzi* que se expresa de forma soluble en *E. coli*, cuya estructura permite el anclaje de los epítopos de TSA-1 en los lazos L4 y L6. El objetivo de este trabajo fue clonar y expresar en *E. coli* las quimeras Q4, Q8, Q20 y Q45, que incluyen los epítopos E1, E2, E4 y/o E5 del antígeno TSA1.

Metodología. Los genes de Q8 (E5-E2), Q20 (E4-E5) y Q45 (E1, E2- E5) se sintetizaron en Genescript y el gen de Q4 (E5-E1) se sintetizó en Synbio-Tech; todos se subclonaron en el vector pCri8a en los sitios NcoI y XhoI. Células de **E. coli** DH5α, BL21 (DE3) y SoluBL21 se transformaron con cada construcción y las clonas positivas se seleccionaron por análisis de restricción y secuenciación. Las células de BL21 (DE3) y SoluBL21 se crecieron en medio LB y la expresión se indujo con 1 mM de IPTG por 16 h a 37 o 25 °C y 250 rpm. El análisis de inmunodetección se realizó mediante ensayos tipo Western Blot con anticuerpos policlonales α-TSA-1 3, 4 .

Resultados. El análisis de solubilidad mostró que las quimeras Q4, Q8, Q20 y Q45 se expresan en *E. coli* BL21 (DE3) mayormente como cuerpos de inclusión. La solubilidad de todas las quimeras mejoró considerablemente al inducir su expresión a 25 °C en SoluBL21 (Figura 1). Las quimeras Q4 y Q8 se expresaron mayoritariamente en forma soluble, Q45 en un 50% y Q20 fue la menos soluble (20%). Mediante el ensayo de Western Blot se observó un reconocimiento de todas las quimeras por los anticuerpos α-TSA-1.

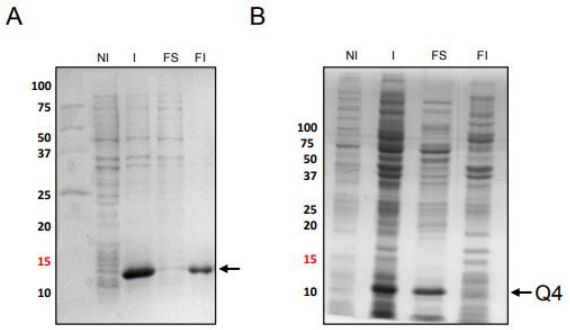


Fig. 1. Expresión de la quimera Q4 en BL21 (DE3) (A) y SoluBL21 (B) después de 16 h de inducción. NI: No inducida. Inducida: I. FS: fracción soluble. FI: fracción insoluble.

Conclusiones. La chagasina de T. cruzi es un andamio molecular adecuado para la expresión de los epítopos antigénicos de TSA-1 mediante proteínas quiméricas.

Agradecimiento. Para la realización de este trabajo se contó con el apoyo del Cinvestav-IPN (FIDSC2018/268), CONACYT (269657, A1-S34224,) y de la Fundación Carlos Slim (SLIM-W04.PO 5600999400), y becas CONACyT para estudios de maestría a YIRG (No. 721653) y ENP (Becario No. 784949)

Bibliografía

1. Dumonteil et al. (2012). Accelerating the development of a therapeutic vaccine for human Chagas disease: rationale and prospects, Expert Rev Vaccines 11, 1043-1055.

2. De la Cruz, J. J.et al (2019) Production of recombinant TSA-1 and evaluation of its potential for the immuno-therapeutic control of *Trypanosoma cruzi* infection in mice. *Hum Vaccin Immunother* .15: 210-219.

3. Nava Pintor E. E. (2018). *Tesis de Maestría*. Departamento de Biotecnología y Bioingeniería. CINVESTAV-IPN. México.

4. Rodríguez Gavaldón Y. I. (2020). *Tesis de Maestría.* Departamento de Biotecnología y Bioingeniería. CINVESTAV-IPN. México.

EFECTO DEL PESO MOLECULAR DEL QUITOSÁN EN EL TAMAÑO Y CARGA DE SUPERFICIE DE NANOPARTÍCULAS PARA TERAPIA GÉNICA

Saúl Enrique Trejo López, Susana Patricia Miranda Castro, Adela del Real, María Eugenia Aranda Barradas. Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. Cuautitlán Izcalli. 54740.
mariaaranda500@gmail.com

Palabras clave: terapia génica, tamaño de partícula, carga de superficie

Introducción. El quitosán es un copolímero catiónico lineal de origen natural. Tiene la capacidad de interactuar electrostáticamente con DNA plasmídico formando nanopartículas para fines de terapia génica (1). El grado de interacción está en función del peso molecular de ambos componentes y la relación molar de quitosán con respecto al plásmido. A su vez, el tamaño de partícula y carga de superficie depende de este grado de interacción y estas propiedades determinan en gran parte la eficiencia de transfección que tendrán las nanopartículas (2). Se ha descrito que empleando quitosán de 80 a 150 kDa se obtienen nanopartículas de 200 a 400 nm y una carga de superficie de 10 a 15 mV (a pH 6.5) (3). Por otro lado, se ha reportado que tamaños de 50 a 150 nm y cargas de superficie positivas favorecen la endocitosis dependiente de clatrina y/o caveolina (4). El objetivo del presente trabajo es determinar el efecto del peso molecular de quitosán de tamaños menores a los reportados previamente (~20.6 y ~57.5 kDa) en el tamaño, índice de polidispersión y carga de superficie de nanopartículas ensambladas con el plásmido pEGFP-N1 y compararlos entre sí.

Metodología. Se ensamblaron las nanopartículas por el método de coacervación compleja realizando una mezcla 1:1 de plásmido pEGFP-N1 100 ng/µL disuelto en Na2SO4 25 mM con quitosán 0.08% disuelto en ácido acético 0.1%, pH 5.5 (% de desacetilación: >85% en ambos pesos moleculares). Se determinó la forma física por Microscopía Electrónica de Barrido (MEB), el tamaño de partícula por Dispersión Dinámica de Luz (DDL) y la carga de superficie por Movilidad Electroforética (ME) (n = 5; determinaciones por triplicado)

Resultados. Se confirmó mediante MEB la forma esférica de las nanopartículas obtenidas con quitosán de ambos pesos moleculares (Fig. 1).

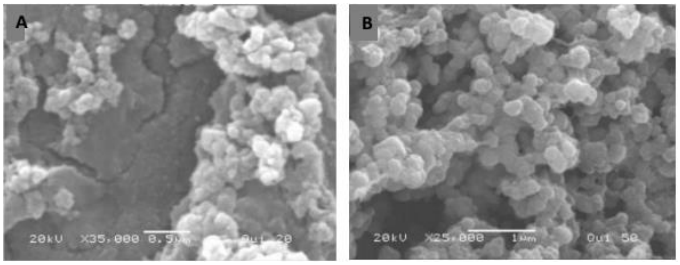


Fig. 1. Microscopía Electrónica de Barrido de nanopartículas ensambladas por interacción electrostática entre el pEGFP-N1 y quitosán de A) 20.6 kDa y B) 57.5 kDa

Posteriormente se determinó el tamaño de partícula por DDL y la carga de superficie por ME. En la Fig. 2 se muestran los gráficos representativos de las determinaciones para las nanopartículas ensambladas con los quitosanos de cada peso molecular.

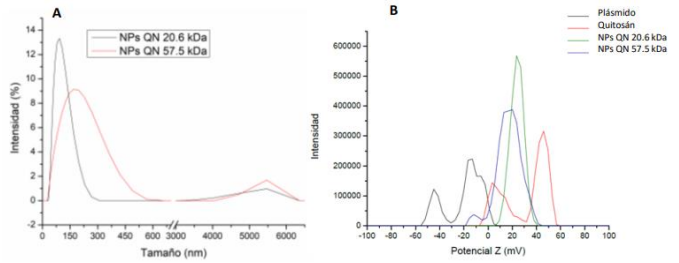


Fig. 2. Gráficos representativos de la determinación de A) tamaño de partícula y B) carga de superficie. NPs: Nanopartículas; QN: quitosán; plásmido: pEGFP-N1

En la Tabla 1 se resumen los resultados del análisis estadístico realizado a los datos obtenidos.

	Tamaño (nm)	*p* (T≤t)	Carga de superficie (mV)	*p* (T≤t)	Ipd	*p* (T≤t)
NPs QN 20.6 kDa	119±20	0.01	17±0.9	$5.8x10^{-5}$	0.26±0.05	$5.7x10^{-14}$
NPs QN 57.5 kDa	209±56		23±2.3		0.46±0.06	

Ipd: Índice de polidispersión; *NPs*: nanopartículas; *QN*: quitosán

Tabla 1. Tamaño, carga de superficie y valor de p (t de Student) para las nanopartículas ensambladas con pEGFP-N1 y quitosán de 20.6 ó 57.5 kDa

Conclusiones. El análisis estadístico arrojó diferencias significativas entre el tamaño, índice de polidispersión y carga de superficie de las nanopartículas en función del peso molecular del quitosán utilizado para su ensamblaje. Se requieren estudios posteriores para comparar y correlacionar la eficiencia de transfección con los datos aquí obtenidos y los reportados previamente utilizando quitosanos de pesos moleculares mayores.

Agradecimiento. Los autores agradecen a la DGAPAUNAM por el apoyo otorgado a través del financiamiento del PAPIIT con clave TA200420 y al Dr. Abraham Méndez Albores por su apoyo en las metodologías de DLL y ME

Bibliografía.

1. Bozkir, A and Mehmet S. (2003). Drug Delivery. (11):107-112.
2. Hallaj-Nezhadi, S. et al. (2011). J. Pharm. Pharmaceut. Sci. (14):181-195.
3. Lavertu, M. et al. (2006). Biomaterials. (27):4815-4824.
4. Sadat S. et al. (2016). J. Biomat and Nanobiotech. (7):91-108.

LA METILACIÓN COMO FACTOR EPIGENÉTICO IMPORTANTE EN LA HETEROGENEIDAD DE SUB CLONAS DE CÉLULAS CHO RECOMBINANTES PRODUCTORAS DE UN ANTICUERPO MONOCLONAL

César Coria*, Vanessa Hernández*, Martha Contreras*, Alberto Porras*, Laura A. Palomares y Tonatiuh Ramírez*.
cesar.coria@ibt.unam.mx
*Instituto de Biotecnología, Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Cuernavaca,Mor, 62210.

Palabras clave: metilación, células CHO, anticuerpo monoclonal

Introducción. En los últimos años ha habido un aumento en la demanda de proteínas recombinantes para su uso terapéutico en humanos. Este mercado ha sido dominado principalmente por los anticuerpos monoclonales (AcM) (1) producidos por células de ovario de hámster chino (CHO) que son un modelo ideal al cumplir con características deseables (2). Sin embargo, existe una gran diversidad de fenotipos entre las líneas celulares y las subclonas, por lo que se requiere una selección exhaustiva para la generación de una línea celular estable y productora (3). Marcas epigenéticas como la metilación del ADN se han propuesto como el fenómeno responsable de la heterogeneidad en clonas productoras de células CHO, al ser uno de los factores más importantes en la regulación de la expresión génica. (4).

En el presente trabajo se caracterizaron cuatro sub clonas de células CHO (A, B, C y D) productoras de un AcM a etapas tempranas del proceso de selección. Se seleccionaron dos sub clonas con alta y baja productividad, C y B respectivamente y se trataron con 5-aza-2`desoxicitidina (5Aza2) compuesto que provoca una hipometilación aleatoria en el genoma para determinar si la metilación es un factor importante en la heterogeneidad observada y en la calidad del AcM producido.

Metodología. Las células fueron cultivadas en lote en medio Cellvento suplementado con 6 mM de L-Gln. Se determinaron sus parámetros cinéticos y estequiométricos. Las células fueron cultivadas en presencia de 5Aza2 acorde al protocolo de Yang et al., (5) añadiéndose durante las primeras 72 h a una concentración final de 4 µM. Se purificó el anticuerpo mediante cromatografía de afinidad a proteína A. El patrón de N-glicosilación fue determinado mediante HILIC y mapeo peptídico acoplado a espectrometría de masas. Se determinó el nivel de expresión del transgén mediante RT-qPCR.

Resultados. Todas las sub clonas crecieron exponencialmente de 24 a 72 h a excepción de la sub clona C que creció 24 h extras y tuvo la mayor producción de biomasa y AcM. La subclona B fue la menos productiva. El perfil de N-glicosilación muestra para todas las sub clonas una mayor abundancia de estructuras G0, G1 y G2, estructuras fucosiladas y altas en manosa. También se detectaron otras modificaciones postraduccionales.

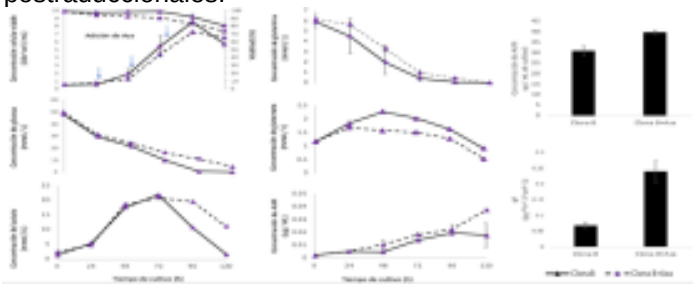


Fig. 1. Cinética de crecimiento en lote, consumo y/o producción de metabolitos y tasa de producción del AcM con y sin 5Aza2 de la subclona B.

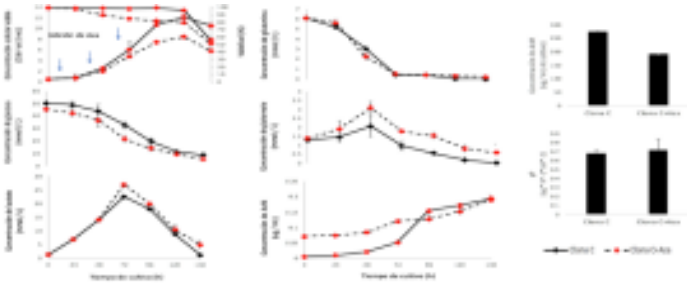


Fig. 2. Cinética de crecimiento en lote, consumo y/o producción de metabolitos y tasa de producción del AcM con y sin 5Aza2 de la subclona C.

Conclusiones. Es posible que el cambio en el patrón de metilación del genoma entre distintas subclonas de células CHO provoca diferencias cinéticas y estequiométricas, así como en la producción del AcM, a pesar de no observar hasta el momento cambio en el patrón de N-glicosilación y otras modificaciones postraduccionales.

Agradecimiento. Beca CONACYT 956110 y Convenio DGAJ-DPI-070514-856.

Bibliografía.

1.- Grilo, A. L., & Mantalaris, A. (2018). *Trends Biotechnol.* 1661: 1 - 7.

2.- Fisher, S., Handrick, R., & Otter, K. (2015). *Biotechnol. Adv.* 33(8): 1878 - 1896.

3.- Chusainow, J., Yang, Y. S., Yeo, J. H. M., Toh, P. C., Asvadi, P., Wong, N. S. C., & Yap, M. G. S. (2009). *Biotechol. Bioeng.* 102(4): 1182 - 1996.

4.- Weinguny, M., Eisenhut, P., Klanert, G., Virgolini, N., Marx, M., Jonsson, A., Ivansson, D., Lövgren, A., & Borth, N. (2020). *Biotechnol. Bioeng.* 117 (11): 3435 - 3447.

5.- Yang, Y., Mariati, Chusainow, J., & Yap, M. G. S. (2010). *J. Biotechnol.* 147 (3-4): 180 - 185

AMBIOS EN LA TERMOINDUCCIÓN EN *E. coli* RECOMBINANTE DETERMINA LA PRODUCTIVIDAD Y LA AGREGACIÓN DE rHuGM-CSF

[1]Norma A. Valdez-Cruz, [1]Diego Rosiles, [1]Angélica B. Vargas-Castillo, [1]Sara Restrepo-Pineda, [2]Nuria Sánchez Puig, [3]Néstor O. Pérez, [1]Mauricio A. Trujillo-Roldán
[1]Programa de Investigación de Producción de Biomoléculas, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510, México. [2]Instituto de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 Ciudad de México, México.[3]Probiomed S.A. de C.V.
adri@biomedicas.unam.mx; maurotru@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: Termoinducción, Proteína recombinante, GM-CSF

Introducción. La termoinducción se ha utilizado para producir proteínas heterólogas. Sin embargo, el aumento de temperatura en la mayoría de los casos afecta la producción de proteínas recombinantes (PR), así como la agregación de proteínas. Entonces, comprender el efecto del cambio en la temperatura en la productividad, la estructura de los agregados es un área de investigación de interés en bioprocesos termoinducibles algunos de ellos industriales [1,2]. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de dos temperaturas para inducir la síntesis del factor estimulante de colonias de granulocitos y macrófagos humanos recombinante (rHuGM-CSF) en *E. coli,* sobre la productividad de la PR, la formación de agregados y su arquitectura.

Metodología. Se utilizó *E. coli* W3110 productora del rHuGM-CSF bajo el sistema promotor λpL/cI857. Se usaron biorreactores con 0.8 L de medio mínimo con 17 g de glucosa, controlados al inicio a 30°C, pH 7.0, 500 rpm y 1.0 vvm. Al alacanzar 3.0 U.A. se aumentó a 39ºC o 42ºC para inducir la síntesis de PR. Se determinaron parámetros cinéticos, la PR, y metabolitos. Los agregados fueron observados por microscopía de transmisión electrónica (TEM) y su estructura secundaria por su solubilización y unión a colorantes.

Resultados. El crecimiento celular a 30ºC antes de la inducción fue idéntico. Después de la inducción a 39ºC el cultivo alcanzó casi el doble de la acumulación de biomasa a las 12 h en comparación con el cultivo inducido a 42ºC (Fig. 1). La velocidad de crecimiento post-inducción varió alrededor del 15% entre cultivos. A pesar de las diferencias, la velocidad de consumo de glucosa en ambos cultivos fue similar. A 39ºC, se acumularon ~12 g/L acetato después de 12 h, mientras en cultivos a 42ºC solo se acumuló la mitad. La proteína total (PT) producida a 42ºC alcanzó ~1.0 g/L luego de 17 h, mientras a 39ºC alcanzó solo ~0.65 g/L. El aumento de la temperatura no desequilibró la homeostasis celular. Sin embargo, a 42ºC se redujo la síntesis de biomasa y se favoreció la síntesis de PT, contrario al cultivo a 39ºC. La PR se acumuló en agregados desde la primera hora en cultivos inducidos a 42ºC, mientras a 39ºC se observaron agregados a las 5 h.

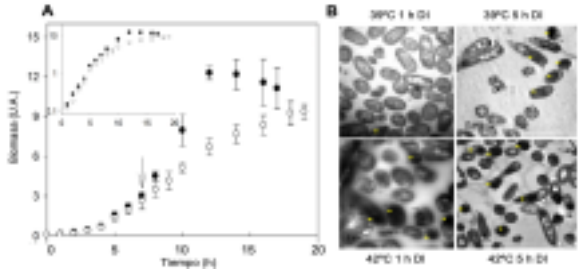


Figura 1, **A**, Comparación de las cinéticas de crecimiento. Inducción después de 4 h a 39ºC (círculos rellenos) a 42ºC (círculos abiertos), cultivos por triplicado. **B**, Comparación de la formación de agregados a 39ºC y 42ºC después de 1 h y 5 h después de inducir (DI) por TEM

En ambos cultivos la morfología fue similar (600 a 800 nm) (Figura 1B), mientras la estructura secundaria mostró que los agregados formados a 42ºC presentan menor organización amiloide y son 30% menos solubles en cloruro de guanidinio 4M.

Conclusiones. La inducción a 42ºC fue determinante en el aumento del enriquecimiento de PT y PR en los agregados, el inicio acelerado de la agregación y una estructura más desorganizada, y fueron menos solubles en agentes caotrópicos que los formados a 39ºC. El conocimiento de los factores que modifican las características de los agregados [3,4] de rHuGM-CSF, ofrece la oportunidad de simplificar su procesamiento, ya que son la materia prima de bioprocesos de biofármacos para uso humano.

Agradecimientos. "Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica, UNAM" (PAPIIT UNAM IV-201220, PAPIIT-UNAM IN210419: NAVC, IT 200719: MATR).

Bibliografía.

1. Valdez-Cruz NA, Caspeta L, Pérez NO, Ramírez OT, Trujillo-Roldán MA (2010) Microb Cell Fact, 9:18.
2. Valdez-Cruz NA, Ramírez OT, Trujillo-Roldán MA (2011). Bioeng Bugs, 2: 2.
3. de Marco A, Ferrer-Miralles N, Garcia-Fruitós E, Mitraki A, Peternel S, Rinas U, Trujillo-Roldán MA, Valdez-Cruz NA, et al., (2019) FEMS Microbiol Rev. fuy038, 43, 2019, 53–72
4. Restrepo-Pineda S, Pérez NO, Valdez-Cruz NA, Trujillo-Roldán MA. (2021) FEMS Microbiol Rev. fuab023, 1–19

CARACTERIZACIÓN FISICOQUÍMICA PARCIAL DE PROTEÍNAS INMUNODOMINANTES DE *Entamoeba histolytica*

María S. Flores[1], Isela Quintero[1], Fátima Gandarilla[1], Laura Trejo[1], Katiushka Arévalo[1]. María Guadalupe Maldonado[1], Elizabeth Alemán[1], Verónica Almaguer[1], Myriam Elías[1], Luis Galán[1].
[1]Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, UANL. Av. Pedro de Alba y Manuel L. Barragán s/n. San Nicolás de los Garza, N.L., México, C.P. 66451.
maria.floresgz@uanl.edu.mx; floresgms@yahoo.com

Palabras clave: E. histolytica, inmunodiagnóstico, amibiasis

Introducción. La amibiasis es una enfermedad parasitaria cuyo agente causal es el protozoario *E. histolytica*. La amibiasis es más frecuente en las regiones tropicales y subtropicales y se presenta con mayor frecuencia en aquellas partes del mundo donde las condiciones sanitarias son deficientes, y se relaciona directamente con altas prevalencias de pobreza y desnutrición. Clínicamente la amibiasis puede ser intestinal o extraintestinal dependiendo del órgano al que afecta y pueden presentarse simultáneamente. La amibiasis intestinal invasiva puede clasificarse de cuatro formas: disentería o diarrea sanguinolenta, colitis fulminante, apendicitis amébica y ameboma del colon. La amibiasis extraintestinal puede involucrar a cualquier órgano del cuerpo, sin embargo, la forma más importante es el absceso hepático amibiano (AHA) ya que es la que ocasiona más mortalidad. Las pruebas comerciales para el diagnóstico de amibiasis invasiva no son efectivas en zonas de alta endemicidad y es frecuente que los pacientes con absceso hepático amibiano den falsos negativos a su ingreso al hospital o que no den resultados reproducibles. La prueba para la detección de antígenos amibianos en heces frescas TechLab *E. histolytica* solamente detecta problemas intestinales y no sirve para determinar AHA que es la causante de la mayoría de las muertes por amibiasis. Diseñamos un Western blot (WB) usando los antígenos preservados sin inhibidores enzimáticos para diagnosticar amibiasis invasiva. El objetivo de este trabajo fue caracterizar fisicoquímicamente de forma parcial la proteína BPM inmunodominante.

Metodología. Se utilizó la cepa de *E. histolytica* HM1: IMSS cultivada en el medio TYI-S-33. Se obtuvo la fracción de IC:MC a partir de trofozoítos de acuerdo al método utilizado por Flores-Castañeda USA Patent No. 5459042 y 5861263 Patente mexicana número: 209648, SECOFI / IMPI. En cada lote se comprobó su eficiencia por SDS-PAGE y Western Blot. Los sueros positivos que se utilizaron provienen de pacientes con amibiasis invasiva con anticuerpos que reconocen las proteínas inmunodominantes y los controles negativos fueron sueros de sujetos sanos sin antecedentes de haber padecido amibiasis invasiva y que habitan en zonas de alta endemicidad de amibiasis. Tanto los sueros positivos como los negativos pertenecen a nuestra seroteca. Para el análisis y aislamiento se utilizó cromatografía de intercambio iónico con resinas catiónicas y aniónicas. Algunas fracciones se separaron por isoelectroenfoque en fase líquida. Se utilizó un gradiente de pH de 3-10 y posteriormente uno de 4-7. Se realizó electroforesis por electroelución continua de la fracción IC:MC utilizando el sistema PREP CELL (BIO-RAD) en condiciones desnaturalizantes. Finalmente se modificó la técnica de Schagger que permite separar proteínas de muy bajo peso molecular y desarrollamos una electroforesis por electroelución continua. Se determinó la concentración de proteínas por el método de Bradford de las fracciones eluidas, se dializaron y concentraron. En cada una de las fracciones se verificó la presencia de las proteínas inmunodominantes por SDS-PAGE y WB. Se analizó la reactividad con Lectinas.

Resultados. Tanto las resinas aniónicas como catiónicas no permitieron aislar BPM pues se encontraban unidas a otras proteínas, por lo que se aisló por electroforesis por isoelectronfoque preparativo. Encontramos isoformas con el mismo peso molecular, pero con diferentes puntos isoeléctricos. También se aisló las moléculas inmunodominantes por el método preparativo de electroforesis por electroelución continua. Con la modificación a la técnica de Shagger se logró una separación mayor para hacer la secuenciación de amino terminales por Edman. Los estudios realizados de unión de las lectinas dieron mayor intensidad de reacción con Concanavalina *ensiformis.* (ConA) que reconoce Alfa-D-manosa, Alfa-D-glucosa y *Triticum vulgare* (WGA) que reconoce N-acetil- Alfa-D-glucosamina.

Conclusiones. Se llevó a cabo el aislamiento de las proteínas BPM inmunodominantes de *E. histolytica*, su caracterización fisicoquímica parcial.

Agradecimiento. Este trabajo fue realizado con el apoyo parcial de PAICYT

Bibliografía.

(1) Maria D.S Flores de Castañeda. Procedure to preserve antigens of *E. histolytica* without enzymatic inhibitors. USA Patent. 5459042 Patente 209648 .IMPI SECOFI.

(2) Maria D.S Flores de Castañeda. Preparation of preserved antigens of *E. histolytica* without enzymatic inhibitors and their use in immunological methods. USA Patent. 5861263, Patente 209646 IMPI-SECOFI

LA EXPRESIÓN DE UNA RUTA BIOSINTÉTICA BACTERIANA EN CÉLULAS CHO PRODUCE UN PÉPTIDO NO-RIBOSOMAL QUE PREVIENE LA PROTEÓLISIS DE UNA PROTEÍNA RECOMBINANTE

Violeta Guadarrama[1], César Aguilar[2], Hilda Ramos[2], Francisco Barona[2], Alberto Porras[1], Martha Contreras[1], Laura A. Palomares[1]. [1]Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Cuernavaca, Morelos, México. CP. 62210. [2]Laboratorio de Evolución de la Diversidad Metabólica, LANGEBIO, Cinvestav-IPN. Irapuato, Guanajuato, México. CP. 36821.
violeta.guadarrama@ibt.unam.mx, laura.palomares@ibt.unam.mx

Palabras clave: células CHO, péptido no-ribosomal, proteólisis.

Introducción. La proteólisis de proteínas recombinantes es un problema frecuente que sucede al usar la tecnología del cultivo celular debido a la activación de proteasas endógenas como resultado de proteínas mal plegadas, limitación de aminoácidos disponibles y/o lisis celular (1). Una de las estrategias para evitar la proteólisis es la adición de inhibidores de proteasas durante el cultivo y en el proceso de purificación, lo cual es caro y poco efectivo debido a su baja estabilidad (2). El objetivo del trabajo es explorar la producción intracelular de un péptido no-ribosomal inhibidor de proteasas (livipeptina) que evite la proteólisis de una proteína recombinante en la línea celular de ovario de hámster chino (célula CHO). Metodología. La producción de la livipeptina se realizó expresando de forma transitoria su ruta biosintética bacteriana en células CHO (3, 4) (sistema lvp, fig. 1). Se generaron vectores de expresión con cada elemento del sistema, los cuales se internalizaron usando lípidos catiónicos en células productoras de la fosfatasa alcalina humana de forma secretada (hSEAP, CHO-SEAP). Se evaluó la presencia del inhibidor por UPLC-masas, el efecto en la viabilidad celular (tinción con azul de tripano), actividad de proteasas (ensayo enzimático), producción específica de la hSEAP (ensayo enzimático), así como su integridad mediante westernblot.

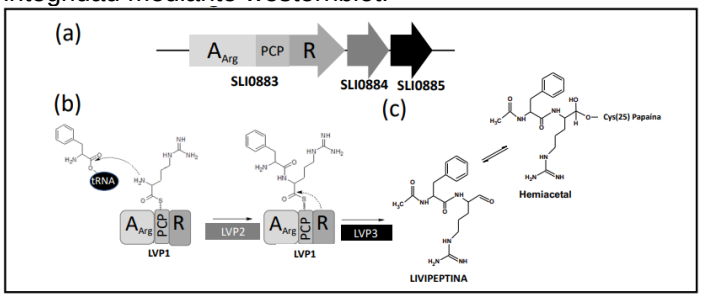


Fig. 1 Ruta biosintética bacteriana que produce al inhibidor livipeptina. (a) Está formada por tres genes con un tamaño de 4,531 pb. (b) Mecanismo de producción de la livipeptina. (c) La inhibición de cisteínproteasas está dada por la formación de la estructura hemiacetal

Resultados. La transfección de las células CHO-SEAP con 2 pmol del sistema lvp después de 48 horas, no comprometió la viabilidad celular (fig. 2a), observando la inhibición de la actividad de las proteasas (fig. 2b) y corroborando la presencia de una molécula con una masa molecular similar a la livipeptina (fig. 2c).

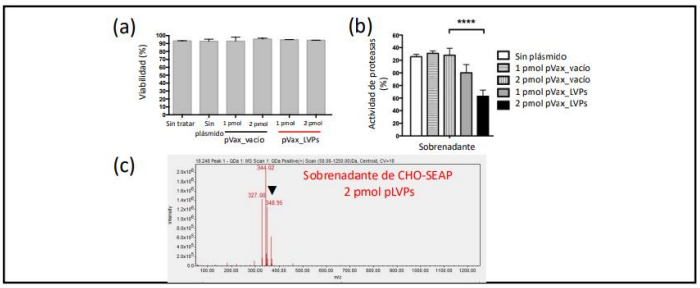


Fig. 2. Efecto de la transfección de 1 y 2 pmol del sistema productor de la livipeptina (pVax_LVPs) en la viabilidad celular (a), la actividad de las proteasas (b) y la producción de una molécula con una masa molecular similar a la livipeptina de 348.20 m/z (c).

La integridad de la hSEAP se evaluó después de 48 h observando que la transfección con el sistema lvp previene la formación de formas de menor peso molecular (fig. 3a). Este resultado sugiere que la producción específica de la hSEAP es mayor en células transfectadas por el sistema lvp debido a que la producción de la livipeptina previene su proteólisis (fig. 3b).

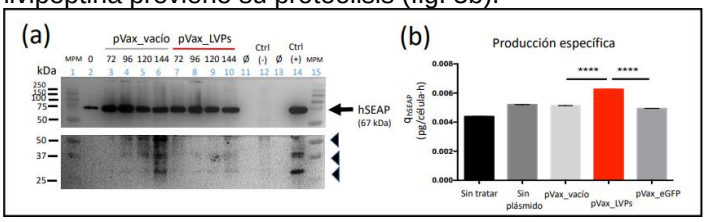


Fig. 3. Análisis de la integridad de hSEAP después de la transfección de células CHO-SEAP con el sistema lvp. (a) Westernblot de hSEAP en sobrenadantes cosechados (72h-144h). (b) Producción específica de la hSEAP a 144 h. MPM: marcador de peso molecular. Ø: carril vacío. Ctrl (-): sobrenadante de células CHO no productoras. Ctrl (+): sobrenadante de células CHO-SEAP. ◄: fragmentos de hSEAP.

Conclusiones. La expresión de la ruta biosintética del inhibidor livipeptina en células CHO-SEAP, previene la proteólisis de la hSEAP contribuyendo a una producción específica mayor respecto a los controles.

Agradecimiento. A Laboratorios Liomont y al Dr. Octavio T. Ramírez por las facilidades prestadas para la realización de este proyecto. A CONACYT por la beca asignada 244042.

Bibliografía.

1. Rozkov A, Enfors SO. (2004). Adv Biochem Eng Biotechnol. 89:163- 195.
2. Ryan BJ, Henehan GT. (2013). Curr Protoc Protein Sci. 5:5–25.
3. Cruz-Morales P, Barona-Gómez F y Ramos-Aboitez H. (2016). US Patent App. 15/537,125.
4. Cruz-Morales P et al. (2013) Genome Biol Evol. 5(6):1165-75

ESTRATEGIA PARA SUPRIMIR ÁCIDOS NUCLEICOS DE UN VIRUS ADVENTICIO EN CULTIVOS DE CÉLULAS DE INSECTOS *Sf9*.

Alonso Ulises Pérez Hernández, A. Ruth Pastor Flores, Octavio Tonatiuh Ramírez, Laura A. Palomares, Departamento de Medicina Molecular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología.
Universidad Nacional Autónoma de México Av. Universidad No. 2001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Mor. México C.P. 62210
alonso.perez@ibt.unam.mx.

Palabras clave: Sf-rhabovirus, Sf9, RT-qPCR.

Introducción. Dentro de la industria farmacéutica el uso del cultivo de células de insecto para la producción de biofármacos ha ido incrementando; así como su uso como plataforma para la producción de vacunas recombinantes. En años recientes fue detectado y caracterizado un virus perteneciente a la familia Rhabdoviridae en cultivos de células de insecto**.** La infección por este virus adventicio *Sf*-rhabdovirus (SfRV) en células de insecto *Sf9* (*Spodoptera. Frugiperda)*, no produce un efecto citopático evidente, no afecta la producción de proteína recombinante y tampoco infecta células de mamífero (Ma y col., 2014). Sin embargo, las entidades regulatorias exigen que la producción de biofármacos se lleve a cabo en líneas celulares libres de Rhabdovirus (SfRV-). Debido a lo anterior, es necesario contar con un método que nos permita detectar de manera específica y sensible la presencia de este virus, así como, estrategias que lo eliminen del cultivo de forma permanente. El objetivo de este trabajo es; por un lado, estandarizar un método de RT-qPCR para cuantificar el número de copias virales/célula *Sf9* (#Cv/célula) y, por otro, diseñar una estrategia que permita la interrupción del ciclo de replicación viral en un cultivo de células *Sf9*.

Metodología. Para la cuantificación de las copias virales, se partió de ARN total extraído de 1 x 10^6 células *Sf9* de la ATCC (Cat. 74104, QIAGEN), que después se trató con el Kit TURBO DNA-free (Cat. AM1907, Ambion). Se cuantificó por espectofotometría (Nano Drop 1000 Thermo Scientific). Por otro lado, se diseñaron oligonucleótidos específicos (ver tabla 1) para el gen de la L-RNA polimerasa de SfRV (Myhrvold et al. 2018). Se cuantificó el genoma viral utilizando el kit Power SYBR® Green RNA-to-CT 1-Step (Cat. 4389986, Applied Biosystems) y el equipo de qPCR QuantStudio™ 5 Real-Time PCR System (Applied systems). Para la interrupción de la transcripción de la L-RNA polimerasa de SfRV, se sintetizó un mARN codificante de la nucleasa *Lwa*Cas13a, mediante el kit de transcripción mMESSAGE mMACHINE™ T7 ULTRA diseñando sondas específicas de ARN o crARNs (ver tabla 2) para dirigir la actividad de dicha proteína contra el genoma viral. En conjunto, mARN y crARNs, fueron transfectados a un cultivo de células *Sf9* SfRV+, en adherencia, para evaluar su efecto sobre el #Cv/cel.

Nombre	Secuencias (5'→3')	Tm (°C)
SfRV.6996F	TGCAGAGACAACTTCAGATAACACC	56.8
SfRV.7084R	GACTGGTACATTAAACACATTTAGG	51.9

Tabla 1. Secuencias de oligonucleótidos utilizados para la detección específica del gen L de SfRV por RT-qPCR. Amplifican un fragmento de 89 pb

Nombre	Secuencia (5'→3')
acRNA02	*GACCACCCCAAUAUCGAAGGGGACUAAAACU UACCUGCACCCGGUCAAUUCAUACAUCCC*

Tabla 2. Secuencia de un crARN SfRV específico. En cursiva se muestra la secuencia reconocida por la proteína *Lwa*Cas13a y subrayado una secuencia complementaria al genoma de SfRV

Resultados. Durante la cuantificación de las copias virales se establecieron las condiciones finales para lograr una eficiencia de 100.7% y un rango lineal de 1000 a 10^8 #Cv, concentración final de oligos: Fw 200 nM, Rv 100 nM, y templado: 400 ng. Con esto, se determinó la carga viral de SfRV a las 120 h de 13 #Cv/célula en un cultivo de células *Sf9* de la ATCC.

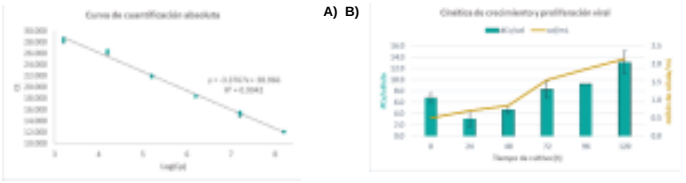


Fig. 1.A) Curva de cuantificación absoluta obtenida para el gen L viral (1x10^3 a 1x10^8 #Cv/cel) y B) Cinética de proliferación viral en cultivos de células *Sf9*.

Conclusiones. Fue posible la cuantificación de las copias virales de SfRV mediante RT-qPCR en diferentes etapas del cultivo de células *Sf9*. Con esta información, se podrá evaluar el efecto de la estrategia mARN/crARN para la disminución de las copias virales antes descrita.

Agradecimiento. Beca Maestría otorgada por CONACyT.

Bibliografía.

1. Ma, H., Galvin, T. A., Glasner, D. R., Shaheduzzaman, S., y Khan, A. S. (2014). J Virol, 88(12), 6576–6585.
2. Haynes J, inventor. Takeda Vaccines, assignee. Methods of detection and removal of rhabdoviruses from cell lines. WO patent application WO2015051255. Apr 9, 2015
3. Myhrvold, C., Freije, C. A., Gootenberg, J. S., Abudayyeh, O. O., Sabeti, P. C. (2018). Science, 360(6387), 444–448

DISEÑO Y EXPRESIÓN DE UN ANTICUERPO BIESPECÍFICO MEDIANTE LA COTRANSFECCIÓN CON DOS DIFERENTES PLÁSMIDOS

Juan Carlos Rivera, Octavio T. Ramírez, Laura A. Palomares, Instituto de Biotecnología departamento de medicina molecular y bioprocesos, Cuernavaca Morelos 62210.
juan.rivera@ibt.unam.mx, laura.palomares@ibt.unam.mx

Palabras clave: anticuerpo, biespecífico, CHO

Introducción. Los anticuerpos biespecíficos (BsAb) han sido diseñados para reconocer dos antígenos diferentes. Los anticuerpos multivalentes son generados mediante la incorporación de sitios de interacción adicionales en los extremos carboxilo o amino terminal de las cadenas pesadas o ligeras. En el caso de anticuerpos trivalentes, la cadena ligera o pesada es diferente de su cadena complementaria. Para obtener anticuerpos asimétricos se ha utilizado la tecnología knobs-into-holes desarrollada por Ridway et al. (1996) (1). Esta tecnología consiste en la mutación de la región Fc para desfavorecer la homodimerización y favorecer la unión de cadenas asimétricas. El objetivo de este trabajo fue expresar un anticuerpo biespecífico no simétrico (BsAb) en células CHO utilizando 2 anticuerpos IgG parentales.

Metodología. Se utilizó la tecnología "knobs-into-holes" para obtener 2 cadenas pesadas asimétricas knob y hole. Se utilizó un primer anticuerpo como esqueleto. Se diseñó un ScFv a partir de un segundo anticuerpo y fue fusionada a nivel genético al carboxilo terminal de la cadena pesada knob. Se clonó el gen de la cadena ligera en el plásmido pMono-blasti®. Se clonaron los genes de las cadenas pesadas knob y hole en el plásmido Freedom® pCHO 1.0 bajo promotores independientes. Se transfectaron celulas CHO inicialmente con el plásmido pMomo-Blasti® realizando selección con blasticidina, y posteriormente se transfectaron con el plásmido Freedom® pCHO 1.0 realizando la selección con puromicina y metotrexato. Se utilizó el ensayo de dot blot para evaluar la interacción del BsAb con sus dos blancos.

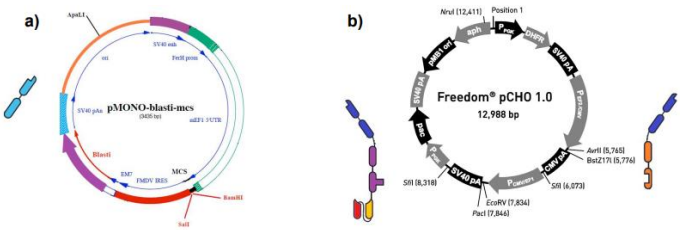


Fig.1 a) El gen de la cadena ligera fue clonada en el plásmido pMomo-Blasti® b) Los genes knob y hole de la cadena pesada fueron clonados en el plásmido Freedom® pCHO 1.0. Modificados de InvivoGen (n.d) (2) y Termofisher (2016) (3)

Resultados.

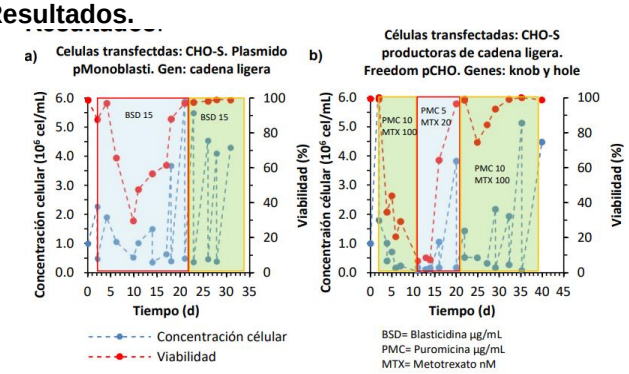


Fig. 2 Cinéticas de selección de células transfectadas. A) Primera ronda de selección de células transfectadas con el plásmido pMonoblasti® que contiene la cadena ligera. b) Segunda ronda de selección de células transfectadas con plásmido Freedom pCHO 1.0 que contiene las cadenas pesadas knob y hole.

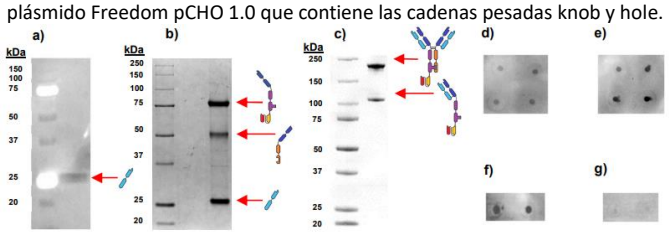


Fig. 3 Caracterización del BsAb y sus fracciones. a) Western blot de sobrenadante de celulas productoras de cadena ligera tomado de cultivo de 3 días de primera transfección con pMono-blasti. b)-g) Caracterización de BsAb purificado. b) SDS-PAGE reductor, c) SDSPAGE no reductor, d) Interacción de BsAb con antígeno 1, e) Interacción de anticuerpo parental 1 con antígeno 1, f) Interacción de BsAb con antígeno 2, g) Ausencia de interacción de anticuerpo parental 1 con antígeno 2.

Conclusiones. Fue exitosa la expresión del BsAb a partir de la transfección de dos diferentes plásmidos que contienen los 3 genes que conforman al BsAb. El BsAb tiene una pureza alrededor del 80%. La principal impureza encontrada fue la mitad del anticuerpo conformada de la cadena pesada knob y la cadena aligera. El BsAb reconoce sus dos blancos.

Agradecimiento. Este trabajo fue patrocinado por UNAM-PAPIIT IT-200418. Juan Carlos Rivera recibió beca de CONACyT.

Bibliografía.

1. Ridgway et al. (1996) Protein Eng. vol (9): 617-621.
2. InvivoGen (n.d.) pMono-blasti-mcs user guide.
3. ThermoFisher Scientific (2016) Freedom® CHO-S user guide

DESARROLLO DE UN CANDIDATO A VACUNA DUAL CONTRA LOS VIRUS DENGUE Y ZIKA MEDIANTE LA PRESENTACIÓN DE UN MIMÓTOPO EN LA CÁPSIDE DE VIRUS ADENO-ASOCIADO DEL SEROTIPO 8

Arturo Liñan, Esmeralda Cuevas-Juárez, A. Ruth Pastor, Octavio Tonatiuh Ramírez, Laura A. Palomares

Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos, 62210, México.
arturo.linan@ibt.unam.mx, laura.palomares@ibt.unam.mx

Palabras clave: vacuna dual, virus dengue, virus Zika.

Introducción. La inmunidad preexistente a virus dengue (DenV) es un factor de riesgo para dengue grave mediado por el fenómeno "potenciación de la infección mediada por anticuerpos" (ADE), que se produce cuando un paciente seropositivo a DenV se vuelve a infectar, pero con un serotipo distinto. Los anticuerpos existentes en títulos bajos o con baja afinidad por el segundo virus facilitan la entrada de complejos virus no neutralizado anticuerpos en células fagocíticas, lo que aumenta la carga viral y causa dengue grave. Se ha observado ADE entre DenV y virus Zika (ZikV). Debido a que DenV y ZikV cocirculan en muchas regiones del mundo, se necesita una vacuna que brinde protección contra ambos virus sin inducir ADE (1). El objetivo principal de este trabajo es determinar el potencial como candidato a vacuna de un mimótopo del epítopo compartido EDE1 de DenV y ZikV desplegado en la cápside de virus adeno-asociado del serotipo 8 (VAA-8).

Metodología. Se utilizó el sistema células de insecto baculovirus para la producción de las cápsides de VAA-8 que despliegan al mimótopo EDE1 (cápsides modificadas, Cap Mod) y de las cápsides control (cápsides nativas, Cap Nat) (2). Las cápsides se purificaron por gradientes de iodixanol, y se caracterizaron mediante Western blot, Dot blot, microscopía electrónica de transmisión y criomicroscopía electrónica. Ratones BALB/c se inmunizaron por vía subcutánea o intramuscular con las cápsides modificadas, cápsides nativas o controles. Se colectaron muestras de suero para evaluar la respuesta inmune humoral a través de la prueba de ELISA.

Resultados. Las cápsides modificadas fueron reconocidas por un anticuerpo monoclonal específico de DenV y ZikV, y no de VAA-8. Las proteínas modificadas se ensamblaron con morfología típica de la cápside de VAA-8 (**Fig. 1**) (3). Por otro lado, se observaron nanoestructuras de diámetros distintos al esperado. Se evaluaron dos diseños experimentales de inmunización. Los ratones inmunizados con cápsides modificadas produjeron anticuerpos que reconocieron a DenV del serotipo 2 (DenV-2) y a ZikV. Los títulos de anticuerpos se muestran en las tablas 1 y 2.

.

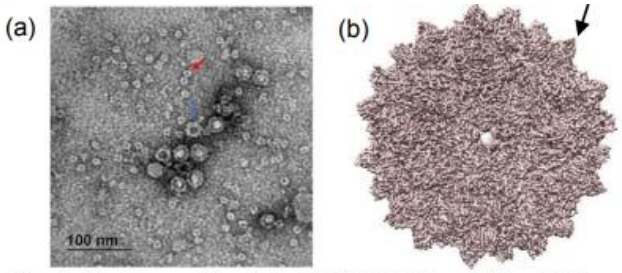


Fig. 1. Cápside modificada de VAA-8. (a) Micrografía a 50kX. Nanoestructuras de ~10 nm ( ) y de ~20 nm ( ). (b) Mapa de densidad electrónica del ensamblado de ~20 nm. Bucle donde se despliega el mimótopo ( ).

Tabla 1. Títulos de anticuerpos del primer diseño experimental.

Grupo	Inmunógeno (+ adyuvante)	Título de IgG a los 65 dpi	
		Anti-DenV-2	Anti-ZikV
1	Cap Mod	1600	800
2	Cap Mod + AIF	1838	2425
3	Cap Nat	303.1	348.2
4	PBS	114.9	174.1

Tabla 2. Títulos de anticuerpos del segundo diseño experimental.

Grupo	Inmunógeno (+ adyuvante)	Título de IgG a los 23 dpi		Título de IgG a los 116 dpi	
		Anti-DenV-2	Anti-ZikV	Anti-DenV-2	Anti-ZikV
1	Cap Mod + AIF	919	2111	672.7	1131
2	Cap Nat + AIF	132	229.7	151.6	200
3	PPV ZikV	459.5	696.4	303.1	400
4	PBS	303.1	0	200	237.8

dpi: días post inmunización, AIF: adyuvante incompleto de Freund, PPV ZikV: partículas pseudovirales de ZikV

Conclusiones. Este trabajo constituye el diseño y la evaluación *in vivo* en ratones de un candidato a vacuna contra ambos *Flavivirus*. Además, se demostró por primera vez la posibilidad de presentar péptidos inmunogénicos en la cápside de VAA-8.

Agradecimiento. Soporte técnico por M. Contreras. Investigación realizada gracias a la beca de maestría 493129-CONACyT, programas UNAM-PAPIIT IT200315, IT200418 e IT200521, y la AMEXCID Secretaría de Relaciones Exteriores.

Bibliografía.

1. Langerak T *et al*. (2019). *PLoS pathog*. 15(4), e1007640.
2. Invitrogen. (2015). Bac-to-Bac® Baculovirus Expression System.
3. Nieto K *et al*. (2012). *PloS one*, 7(6), e39741

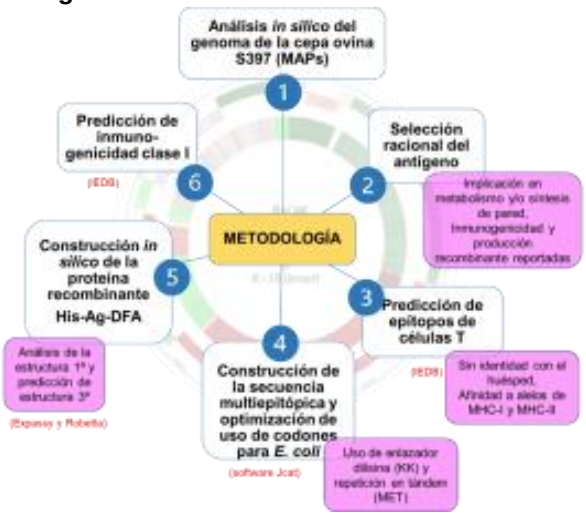
DISEÑO *IN SILICO* DE UN CANDIDATO VACUNAL CON ANTÍGENOS RECOMBINANTES DE *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*.

Alejandra Hernández-Guerra, Silvia Moreno-Mendieta, Daniel Guillén, Romina Rodríguez-Sanoja
Instituto de Investigaciones Biomédicas- UNAM, Ciudad de México, C.P. 04510
moreno.sa@iibiomedicas.unam.mx

Palabras clave: paratuberculosis, antígeno multiepitópico, proteína recombinante

Introducción. La paratuberculosis es una infección crónica del tracto intestinal que afecta principalmente a rumiantes domésticos produciendo grandes pérdidas económicas (1). Su control a través de la vacunación no ha sido efectivo debido a que las vacunas disponibles no previenen la infección y, además, causan lesiones en el sitio de aplicación debido a los adyuvantes oleosos que utilizan (2). Por tal razón, se requieren vacunas de subunidades con mejores adyuvantes, que sean más seguras, más específicas y de fácil administración (3). En este trabajo se presenta la estrategia de diseño de un candidato vacunal recombinante para su expresión en *E. coli*. El antígeno diseñado contiene una secuencia multiepitópica en tándem de un antígeno de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*, de la cepa ovina S397 (MAPs) fusionado a un dominio de fijación al almidón (DFA). Este dominio permitirá la inmovilización del antígeno recombinante sobre micropartículas de almidón crudo las cuales constituyen el sistema acarreador y adyuvante (4).

Metodología.



Resultados. De los antígenos analizados se seleccionó al antígeno Acil-CoA deshidrogenasa (MAPs 19980) implicado en el metabolismo de lípidos en MAP, cuya inmunogenicidad y obtención en un sistema de expresión heterólogo ha sido previamente reportado (3).
La secuencia multiepitópica (ME) se obtuvo con los epítopos con los valores más altos de afinidad por MHCI (con rango percentil <1) y MHC II (con rango percentil <10) separados por un enlazador dilisina (KK), una estrategia para separar epítopos de linfocitos T y evitar formación de nuevos epítopos.
La secuencia ME obtenida se repitió tres veces y se fusionó con el DFA. Las características fisicoquímicas de la proteína recombinante sugieren que puede producirse en *E. coli* y la predicción *in silico* de su inmunogenicidad muestra que la proteína preserva un número de epítopos con puntuación positiva con residuos con mayor probabilidad de reconocimiento por parte de los LT. En la Figura 1 se resumen los resultados obtenidos.

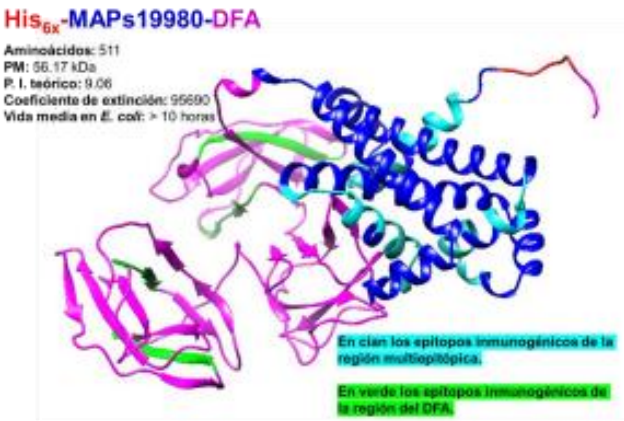


Figura 1. Antígeno vacunal His6x-MAPs19980-DFA

Conclusiones. Se diseñó una vacuna quimérica multiepítopica basada en los valores más altos de afinidad por MHC obtenidos en diferentes péptidos antigénicos de la proteína MAPs 19980. La proteína obtenida se presenta como una molécula estable capaz de ser expresada en *E. coli*. El antígeno diseñado e inmovilizado sobre las micropartículas de almidón constituye una vacuna candidata potencial contra la paratuberculosis ovina.

Agradecimiento. El presente trabajo es financiado por los proyectos UNAM-DGAPA IN216419, y A1-S-14446 and A1- S-9849 Ciencia Básica (SEP-CONACyT).

Bibliografía.

1. Ficha técnica Paratuberculosis. https://www.oie.int/es/sanidad-animal-en-el mundo/enfermedades-de-los-animales/paratuberculosis/
2. Bastida, F, Juste, R. (2011). *J Immune Based Ther Vaccines*, 9(8).
3. Kurupusami, S, et al. (2018). *Microbiology*, *164*, 322–337.
4. Rodríguez-Sanoja R, et al., (2017). Patente No. 347183

EFECTO DE LA ESTRATEGIA DE ALIMENTACIÓN Y LA TEMPERATURA SOBRE LOS PARÁMETROS DE PRODUCCIÓN DEL PRECURSOR DE GLARGINA EN *Pichia pastoris*

Abel Caballero-Pérez, * José María Viader-Salvadó, José Antonio Fuentes-Garibay y Martha Guerrero-Olazarán
Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León San Nicolás de los Garza, N.L., México. C.P. 66455.
martha.guerrerool@uanl.edu.mx
*Dirección actual: Facultad de Estudios Profesionales Zona Huasteca, Universidad Autónoma de San Luis Potosí

Palabras clave: Kex2, Pichia pastoris, insulina glargina

Introducción. La diabetes mellitus es un problema de salud pública a nivel mundial. México ocupa el quinto lugar entre los países con mayor número de casos de diabetes (1). Para millones de personas el único tratamiento posible es la aplicación de insulina humana o uno de sus análogos. La glargina es un análogo de insulina de acción prolongada con menor riesgo de hipoglucemia. Como la insulina humana, la glargina es una proteína globular compuesta por dos cadenas polipeptídicas unidas por dos enlaces disulfuro (1). *Pichia pastoris* (sinónimo *Komagataella phaffii*) es una levadura metilotrófica muy empleada para producir proteínas eucariotas debido a su eficiente sistema de secreción y la posibilidad de realizar modificaciones postraduccionales.

En este trabajo se evaluó el efecto de la estrategia de alimentación de metanol y la temperatura en la etapa de inducción sobre el crecimiento celular y los parámetros de producción del precursor de glargina en cultivos en biorreactor con una cepa de *P. pastoris* recombinante.

Metodología. Se empleó una cepa de *P. pastoris* Mut^s que produce el precursor de glargina de forma extracelular al emplear metanol como única fuente de carbono y energía. Se realizaron tres cultivos en tres etapas (lote de glicerol, lote alimentado con glicerol y lote alimentado con metanol) para evaluar el efecto de dos estrategias de alimentación de metanol (MLFB: lote alimentado con metanol limitado, y MNLFB: lote alimentado con metanol no limitado) (2) y dos temperaturas (28 y 24°C) en la etapa de lote alimentado con metanol sobre los parámetros de crecimiento y producción celular. La estrategia MLFB se realizó a 28°C alimentando con metanol a una velocidad que aumentó de forma exponencial para obtener una velocidad específica de crecimiento (μ) constante de 0.003 h^{-1}. En la estrategia MNLFB, se alimentó con metanol usando un sistema automático de monitoreo y control para mantener una concentración de metanol constante en el medio de cultivo de 1.0 g/L. La temperatura se mantuvo a 28 ó 24°C. A diferentes tiempos de cultivo, se determinó el crecimiento celular como la concentración de biomasa seca, y la concentración del precursor de glargina en el medio de cultivo libre de células mediante análisis por HPLC de fase revesa.

Resultados. En la etapa de inducción del gen heterólogo, la biomasa aumentó exponencialmente en los tres cultivos a diferentes valores de μ: 0.0040, 0.0091, 0.0164 h^{-1} para los cultivos MLFB y MNLFB a 28 y 24°C, respectivamente. El consumo de metanol aumentó según un polinomio de segundo orden, con una velocidad de consumo de metanol desde 0.08 mL/min hasta 0.07, 0.13, y 0.55 mL/min. Los rendimientos biomasa/metanol ($Y_{x/s}$) y las velocidades específicas de consumo de substrato (q_s) fueron constantes, con valores diferentes para cada cultivo, siendo mayores en los cultivos MNLFB que en el cultivo MLFB, y los más altos en el cultivo MNLFB a 24°C (0.312 g/g y 0.053 g/g h). La producción extracelular del precursor de glargina aumentó linealmente en el cultivo MNLFB a 28°C (productividad 1.30 mg/h), alcanzando una producción volumétrica a las 100 h de inducción de 69.9 mg/L de medio de cultivo. En los cultivos MLFB y MNLFB a 24°C, el producto recombinante aumentó según un polinomio de segundo orden, con una producción volumétrica a las 100 y 75 h de inducción de 47.9 y 121.8 mg/L. Los rendimientos producto/biomasa ($Y_{p/x}$) y producto/sustrato ($Y_{p/s}$), y las velocidades específicas de formación de producto (q_p) fueron constantes durante la etapa de inducción. Los parámetros de producción (productividad volumétrica [Q_p], $Y_{p/s}$ y q_p) fueron mayores en los cultivos MNLFB que en el cultivo MLFB y los más altos en el cultivo a 24°C.

Conclusiones. Independientemente de la estrategia de alimentación de metanol empleada y la temperatura, en todos los cultivos se obtuvo un crecimiento exponencial. Las Q_p y q_s fueron directamente proporcionales a los valores de la μ. La menor temperatura (24°C) en la etapa de inducción condujo a un aumento de la actividad metabólica de las células de levadura, lo que aumentó la μ. El cultivo MNLFB a 24°C mostró los valores más altos de los parámetros del proceso.

Agradecimientos. Agradecemos el apoyo económico del PAICYT-UANL (CN926-19). A.C.P. agradece al CONACYT por la beca otorgada (No. 615675).

Bibliografía.

1. Saeedi, P., Petersohn, I., Salpea, P., Malanda, B., Karuranga, S., Unwin, N., Shaw, J. E. (2019). Diabetes Res. Clin. Pract. 57, 107843.

2. Barrigón, J. M., Montesinos, J. L., Valero, F. (2013). Biochem. Eng. J. 75:47-54

MODELADO Y ANÁLISIS COMPARATIVO DE UN DISEÑO DE TIRA DIAGNÓSTICO PARA LA DETECCIÖN DE LO VENENOS DE *Botrhps asper Y Crotalus simus*

Roberto Olivares-Hernández[a], Alejandro Alagón-Cano[b], Hilda Vázquez López[b]
[a] Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, Cuajimalpa de Morelos, Ciudad de Mexico,05348, México [b] Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca, Mor., 62215, México.
hilda.vazquez@ibt.unam.mx

Palabras clave: tiras de diagnóstico, venenos, modelado

Introducción. El envenenamiento por serpientes es un problema de salud y el tratamiento establecido por la Organización Mundial de la salud (OMS) es el uso de antivenenos(1). La dosificación del antiveneno es variable, entre 3 a 20 viales, de acuerdo con la respuesta clínica del paciente; ya que durante el tratamiento no se conoce la cantidad de veneno circulante a neutralizar y no existen métodos comerciales para la detección de veneno, por lo que el desarrollo de un sistema de diagnóstico rápido es imperante. Para optimizar estos diseños se han implementado modelos computacionales que describen la dinámica de un flujo capilar en la tira pruebas (2). En este trabajo se propone evaluar y comparar el diseño de tiras de diagnóstico para la detección de los venenos de Bothrops asper y Crotalus simus, utilizando un modelo analítico. Esta evaluación será útil para optimizar el diseño de un prototipo de tira de diagnóstico encaminado a la detección de venenos de serpientes mexicanas, lo que permitirá un mejor abordaje en los pacientes envenenados.

Metodología. Para evaluar las características del diseño, se evalúa un modelo analítico desarrollado por Berli y Kler (3). Este modelo simula la cantidad de complejo sándwich que se forma en la zona de prueba Fig.1.

Resultados. Con base en las mediciones conjugado utilizando Bothrops asper se estimaron los parámetros cinéticos y de concentraciones iniciales de conjugado. Con base en estos datos se eligieron diferentes valores de la distancia entre la almohadilla de muestra y la línea de prueba (x_L) con el cual se evaluó la cantidad de conjugado obtenido. Igualmente se evaluó la velocidad de flujo en función del parámetro de régimen de flujo (c), el cual es función del tipo de material que se utiliza para el diseño de la tira. De esta manera se puede evaluar la cantidad de conjugado que se obtiene en función del diseño de la tira, Fig.2. Estos resultados se compararán con los datos obtenido usando el veneno de Crotalus simus. Como parte el modelo, se desea llevar un análisis de variabilidad para definir la capacidad predictiva del modelo y obtener un diseño óptimo de la tira que se llevará a laboratorio.

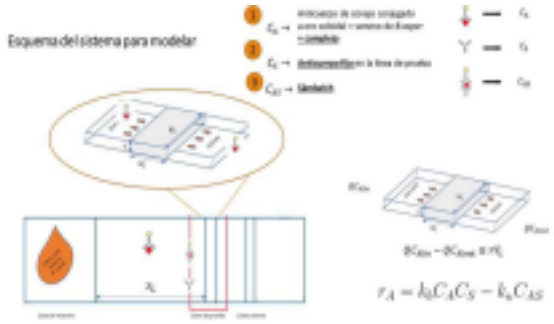


Fig. 1 Esquema para el modelo de la tira de flujo lateral y sus variables más importantes.

Conclusiones. El modelo analítico permite evaluar las variables de diseño, como es, la distancia entre la almohadilla de muestra y la línea de prueba al igual que los materiales lo cuales definen la velocidad de flujo, todo esto en función de los valores experimentales como son la formación de complejo utilizando el veneno de Bothrops asper. Este modelo arroja los datos para un diseño de tira diagnostico que llevará a laboratorio.

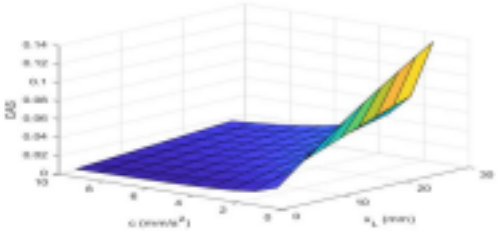


Fig. 2. Cantidad de formación de complejo variano la distancia xL y el parámetro c el cual define la velocidad deflujo capilar y es función de los materiales de la tira.

Agradecimiento.CONACyT 303045 “VENENOS Y ANTIVENENOS”, FORDECYT.

Bibliografía.

1. WHO. (2010). WHO Guidelines for the production control and regulation of snake antivenom immunoglobulins. In 59th Meeting of the World Health Organization Expert Committee on Biological Standardization.

2. Sotnikov, D. V., Zherdev, A. V., & Dzantiev, B. B. (2017). Biochemistry (Moscow), 82(13), 1744–1766.

3. Berli, C. L. A., & Kler, P. A. (2016). Microfluidics and Nanofluidics, 20(7), 1–

DESARROLLO DE UNA VACUNA ORAL PROTECTORA CONTRA *PLASMODIUM VIVAX* UTILIZANDO *CHLORELLA VULGARIS* COMO VECTOR

Luz Aurora Ramírez R., Juan Carlos Ramírez V., Escarlett González M., Daniel A. Pérez R., Froylán M.E. Escalante,
Universidad Autónoma de Guadalajara, Departamento de Biotecnológicas y Ambientales, Zapopan 45129
aurora_ramirez01@yahoo.com.mx

Palabras clave: Vacunas orales, malaria, transformación de microalgas.

Introducción. El desarrollo de las vacunas comestibles se enfoca en plantas transgénicas cultivadas naturalmente para usar su tejido vegetal como prevención de enfermedades. Sus principales ventajas radican en que, al ser administradas de forma oral, desencadenan una respuesta inmunitaria mucosa (1). No obstante, el mayor problema que presentan es la degradación que sufren los antígenos en el estómago antes de que puedan inducir una respuesta inmune (2). Dado lo anterior, se propone como vector una microalga inocua de agua dulce llama *C. vulgaris* la cual presenta una pared celular gruesa que le conferiría protección mecánica y física (3). La malaria es una enfermedad febril aguda causante de millones de muertes a nivel mundial. La producción de su vacuna ha sido lenta y tendría un impacto social y económico muy alto (4).
El presente trabajo propone dos vacunas orales usando *C. vulgaris,* transformada mediante *Agrobacterium,* como vector para la expresión de las proteínas circumsporozoicas VK210 y VK247 de *P. vivax*.

Metodología. Los genes VK210 y VK247 se clonaron en un vector de expresión binario mediante las enzimas de restricción *KpnI y XbaI* para dar lugar a los plásmidos p13VK210 y p13VK247. El plásmido resultante contenía el gen de resistencia a kanamicina e higromicina como marcador de selección bacteriano y eucarionte, respectivamente. Los plásmidos se construyeron en una cepa de *E. coli* y posteriormente se transformó una cepa de *A. tumefaciens* mediante electroporación. La microalga *C. vulgaris* se cocultivó con la *A. tumefaciens* transformada en un medio de inducción para promover la transferencia de genes. Las colonias de microalga transformada se aislaron en medio con higromicina.

Resultados. La construcción del vector de expresión se comprobó con doble digestión enzimática para obtener el fragmento VK210 y VK247 de 294 pb y 357 pb respectivamente, además del vector de 10,500 pb.

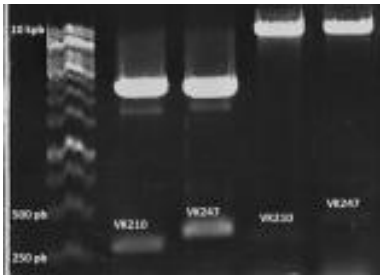


Fig. 1. Digestiones dobles de los vectores de clonación (carril 1-2) y de expresión (carril 3-4).

La transferencia del vector a *A. tumefaciens* se comprobó por ping-pong, enseguida se amplificaron por PCR los fragmentos VK210 y VK247 junto con un fragmento del gen la resistencia a kanamicina (*nptII*) de 540 pb como control positivo.

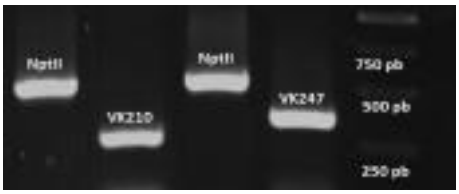


Fig. 2. Amplificación de los genes de interés VK247, VK210 y *ntpII* de *A. tumefaciens*.

Para verificar la correcta inserción de los genes en la microalga, se extrajo ADN genómico de las cepas de *C. vulgaris* transformada y se amplificaron los genes VK210, VK247 y un fragmento del gen de la resistencia a higromicina (*hpt*) del plásmido de 752 pb.

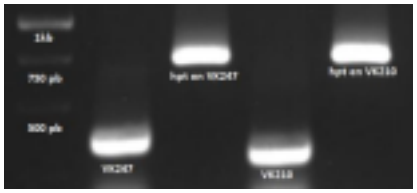


Fig. 3. Amplificación de genes VK247, VK210 y *hpt* del ADN genómico de *C. vulgaris* transformada



Fig. 4. Comparación del crecimiento. De izquierda a derecha, *C. vulgaris* WT, *C. vulgaris* WT con higromicina y *C. vulgaris* transformada con higromicina

Conclusiones. Se demostró que los genes los genes VK210 y VK247 fueron exitosamente insertados en el genoma de la microalga C. vulgaris. Este proyecto da la pauta para su crecimiento en escala piloto y las pruebas posteriores en ratones para verificar la potencia de la inmunización.

Bibliografía.

1. Chan, H., & Daniell, H. (2015). *Plant Biotechnology Journal*, 13, 1056– 1070.
2.Hernández, M., Rosas, G., Cervantes, J., Fragoso, G., & Sciutto, E. (2014). *Expert Review of Vaccines*, 13(12): 1523–1536.
3.Liu, J., & Chen, F. (2014). *Microalgae Biotechnology*, (Dec.): 1–35. 4.Salman, A. M., Montoya-díaz, E., West, H., Lall, A., Atcheson, E., Lopez camacho, C., Reyes-sandoval, A. (2017). *Nature Publishing Group*, (March): 1–19

DISEÑO *in silico* DE UNA VACUNA MULTIMERICA CONTRA *Leishmaniasis mexicana*

Ana Rebeca Ruíz López; Armando Tejeda Mansir, Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de la Universidad de Sonora, Hermosillo 83000,
rebecaruiz@live.com.mx.

Palabras clave: Vacuna, bioinformática, Leishmaniasis

Introducción. El género *Leishmania* es el causante de una serie de enfermedades llamadas comúnmente Leishmaniasis. L. mexicana produce una infección basada en ulceras cutáneas. Los parásitos *Leishmaniasis mexicana* tienen a los flebótomos como especie hospedera mediante los cuales llegan al ser humano. Se estima que más de 20 millones de personas en el mundo sufren de leishmaniasis y anualmente crece este número. Las vacunas son consideradas, por muchos, como uno de los inventos más efectivos en la medicina moderna. Sin embargo, las vacunas tradicionales sufren de ciertas limitaciones como la estabilidad de los componentes, el transporte, el almacenamiento, los costos, el tiempo de producción, entre otras. Las vacunas de ADN son una alternativa que pretende solucionar algunas de estas limitaciones. Las vacunas de ADN eliminan la necesidad del uso de cadena de frio para almacenar y transportar las vacunas. También son fáciles de modificar y adaptar a nuevas formas de la enfermedad dependiendo de la necesidad. Son consideradas más seguras que las vacunas tradicionales ya que el organismo patógeno no está involucrado en la síntesis de la vacuna.
Este estudio se concentra en diseñar, de manera *in silico,* una vacuna de ADN multimerica para *L. mexicana*.

Metodología. Se utilizo la metodología antes descrita por Garima Singh et al 2020. Con esta técnica se buscan GBPSPA (genome based predicted signal peptide antigens) dentro del genoma del parásito. Se predijeron los epítopos de células B de proteínas antigénicas mediante el uso del servidor BCPREDS.
Después de diseñaron dos modelos de vacunas y se calcularon sus propiedades fisicoquímicas. Fue necesario buscar también los niveles de antigenicidad y alergenicidad de las vacunas construidas. Al terminar las pruebas fisicoquímicas y la estructura secundaria, se comenzaron los análisis de la unión entre las vacunas construidas y los receptores tipo toll TLR-2 y TLR4.
Fueron validados los modelos tridimensionales con análisis Ramachandran. Luego se realizaron modelos de docking, estructurales y se creó un proceso de clonación virtual. Para finalizar fueron diseñados dos plásmidos con función de vector con las secuencias de las vacunas en el servidor NEBcutter V2.0

Resultados. Se obtuvieron dos secuencias multimericas, que incluyen epítopos de células B, de HLA clase 1 y HLA clase 2. Capaces de crear una respuesta inmune en el organismo. También se obtuvo el diseño de los plásmidos vectores para estas vacunas y sus modelos tridimensionales, así como las predicciones de docking.

GBPSPA	#AA
Surface antigen-like protein	285
hypothetical protein	268
Surface antigen-like protein	495
Surface antigen-like protein	709

Tabla 1. Secuencias de GBPSPA usadas en este estudio.

Conclusiones. Las vacunas pueden ser desarrolladas de manera efectiva a partir de su secuencia con esta técnica. Esta metodología representa un futuro prometedor en el desarrollo rápido y efectivo de vacunas.

Agradecimiento. Sincero agradecimiento al Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de la Universidad de Sonora.

Bibliografía.

(1). Singh G., Pritama M., Banerjee M., Singh A., Singh S. (2020). *Comput. Biol. Chem.* Vol (86) Article 107259.

(2). Ureña L., García A. Rochin S. Tejeda A. (2019). *Fuel.* Vol (235): 1077-1082.

(3). McGwire B., Satoskar A. (2013). QJM. Vol (107): 7-14

(4). Farris E., Brown D., Ramer A., Pannier A. (2016). *Exp Biol Med*. Vol. (241): 919-929.

(5). Singh G., Pritama M., Banerjee M., Singh A., Singh S. (2019). *Microb. Pathog*. Vol. (136): 103704

ESTABLECIMIENTO DE CONDICIONES DE UN BIOENSAYO PARA MEDIR LA ACTIVIDAD INMUNOESTIMULADORA DE MOLÉCULAS QUE ACTIVAN LA LÍNEA CELULAR THP-1

Brenda Michelle Bahena Mondragón, Carlos Alberto Tavira Montalvan, Angélica Meneses Acosta. Facultad de Farmacia, UAEM. Cuernavaca, Morelos. CP.62209.
angelica_meneses@uaem.mx.

Palabras clave: inmunoestimulación, bioensayo, línea celular THP-1.

Introducción. El bioensayo estima la potencia de una sustancia mediante el estudio de sus efectos sobre organismos vivos, tejidos y células. Para garantizar que el método esté optimizado y sea idóneo, se deben establecer las condiciones del ensayo, conocer al analito de interés, así como un analito de referencia (1). La línea celular THP-1 diferenciada con 12-miristato, 13-acetato de forbol (PMA) (2), permite establecer bioensayos que midan la actividad inmunoestimuladora de moléculas capaces de activar macrófagos *naive*, como el IFN gamma humano (3). La evaluación de la actividad de estas moléculas se realizó identificando la expresión de los marcadores CD40, CD14 y CD35 (4) por RT-PCR.
El objetivo es establecer las condiciones de un bioensayo que mida la actividad inmunoestimulante de moléculas que activan macrófagos.

Metodología. La línea celular THP-1 se cultivó a 37ºC, 5% CO_2, en medio RPMI 10% SFB, 0.05mM 2-βME. Los monocitos THP-1 se diferenciaron a macrófagos *naive* con PMA a 10 nM (2), posteriormente se activaron con IFN-gamma a 40 ng/mL y LPS a 20 ng/mL como control positivo de activación (3). Se realizó la extracción de ARN de los cultivos anteriores, junto con macrófagos *naive* como control positivo de diferenciación y monocitos como control negativo de diferenciación.
Posteriormente, se realizaron los RT-PCR para evaluar la expresión de CD40, CD14 y CD35 de los macrófagos con sus respectivos tratamientos mediante electroforesis en gel de agarosa.

Resultados. La morfología de los cultivos diferenciados observada por microscopía de campo claro y tinción con cristal violeta resultó irregular, con prolongaciones citoplasmáticas, gránulos en el citosol, aumento de tamaño y adherencia al sustrato; la cual es la morfología característica de macrófagos. Se evaluó la expresión de CD40, CD14 y CD35 a partir de ARN de macrófagos diferenciados con PMA y activados con IFN-gamma y LPS por RT-PCR, observando que la expresión de CD40 fue en aumento con respecto a la diferenciación de monocitos a macrófagos *naive* y en macrófagos activados con LPS; fue aún mayor. El CD14, por el contrario, disminuyó su expresión conforme las células se diferenciaban. El CD35 se expresó solamente en monocitos THP-1 sin tratamiento, siendo el control negativo de diferenciación.

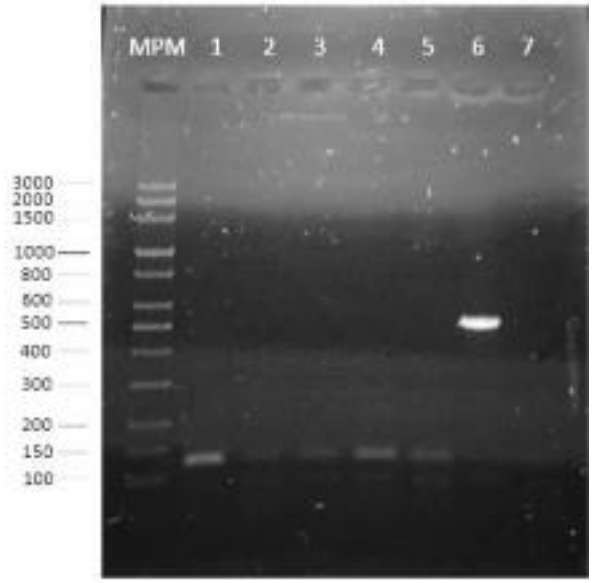


Figura 1. Electroforesis en gel de agarosa al 1.5% de PCR para la detección del marcador de superficie CD40 en la línea celular THP-1. Se muestra en el primer carril el MPM de 100pb DNA. Los tratamientos son los siguientes: 1) Macrófagos THP-1 diferenciados- Tx LPS 20 ng/mL. 2) Macrófagos THP-1 diferenciados- Tx IFN-gamma 40 ng/mL. 3) Macrófagos THP-1 diferenciados con PMA 10 nM 120 h. 4) Macrófagos THP-1 diferenciados con PMA 10 nM 6 h. 5) Monocitos THP-1. 6) Control constitutivo de células GAPDH-469 pb. 7) Control negativo de reacción de PCR. El tamaño esperado de la banda es 121 pb.

Conclusión. Se establecieron las condiciones para un bioensayo que permite evaluar la actividad inmunoestimuladora de IFN-gamma sobre la línea celularTHP-1.

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por CONACyT CB-2015-257408 y CONACyT INFR-2014, proyecto 226271.

Bibliografía.

1. Yu, Binbing, and Harry Yang. (2017). *PDA Journal of Pharmaceutical Science and Technology*. Parenteral Drug Association Inc. https://doi.org/10.5731/pdajpst.2016.007088.
2. Daigneault, Marc, Julie A. Preston, Helen M. Marriott, Moira K B Whyte, and David H. Dockrell. (2010). *PLoS ONE* 5 (1). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008668.
3. Kurihara, Yuichi, and Masutaka Furue. (2013). 1739–44. https://doi.org/10.3892/mmr.2013.1419.
4. Genin, Marie, Francois Clement, Antoine Fattaccioli, Martine Raes, and Carine Michiels. (2015). *BMC Cancer* 15 (1): 1–14. https://doi.org/10.1186/s12885-015-1546-9



Área IX

Biotecnología microbiana

Contenido

DISEÑO Y CARACTERIZACIÓN DE UN VECTOR PARA LA GENERACIÓN DE PRODUCTOS DE PCR Y SU INTEGRACIÓN EN EL CROMOSOMA DE UNA LEVADURA NO CONVENCIONAL AUTÓCTONA DE MÉXICO
Andrea Sabido-Ramos, Adán Málaga Olín, Sylvie Le Borgne 307

ESTUDIO DE LA BIOTRANSFORMACIÓN DE FURFURAL EN A*cinetobacter baylyi* ADP1.
José Eduardo Arteaga Gómez, Sylvie Le Borgne, Ernesto Rivera Becerril, Juan Carlos Sigala Alanís 308

LA COMUNICACIÓN CELULAR REGULA LA DISPERSIÓN Y FITNESS DE BIOPELÍCULAS DE *Bacillus thuringiensis* A TRAVÉS DE LA SÍNTESIS DE UN SURFACTANTE
Abel Verdugo-Fuentes, Mayra de la Torre, Jorge Rocha 309

AISLAMIENTO DE BACTERIAS ACIDO LÁCTICAS DEL TRACTO INTESTINAL DE TILAPIA NILOTICA (*Oreochromis niloticus*) Y SU ACTIVIDAD ENZIMÁTICA (PROTEASAS, LIPASAS Y CARBOHIDRASAS).
Arely Anahi Itzá Colli, Ruth López Alcántara, Maurilio Lara Flores 310

BÚSQUEDA Y CARACTERIZACIÓN DE NUEVAS CEPAS DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS PRODUCTORAS DE EXOPOLISACÁRIDOS AISLADAS DE SEDIMENTOS.
Cristian Jesús Medina Dzul, Tania González Flores, María de los Ángeles Sánchez Contreras 311

CARACTERIZACIÓN DE CONSORCIOS MICROBIANOS CAPACES DE PRODUCIR CELULOSA A PARTIR DE LA FERMENTACIÓN DE MORINGA.
Juan Pablo Hernández Rodríguez, Andrea Franco Moreno, Alexei Fedorovish Licea Navarro, Mayra Zulema Treviño Garza, Celestino García Gómez, Beatriz Adriana Rodríguez Romero, Julia Mariana Márquez Reyes 312

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN CULTIVOS DE PRODUCCIÓN DE BIOLÍPIDOS EN *Yarrowia lipolytica*.
Juan Luis Ávila González, Alan Kevin Pineda, Enya Arantza Cárcamo, Víctor Sánchez Santos, Aurora Antonio Pérez 313

DESARROLLO DE UN INMUNOENSAYO PARA DETECTAR LA RESPUESTA INMUNE ESPECÍFICA PARA LAS TOXINAS APX DE *Actinobacillus pleuropneumoniae*
L. Monserrath Mora Gálvez, Héctor M. Castañeda Aponte, Calef Sánchez Trasviña, G. Priscila Galaviz Martínez, Isaac L. Solorio Hernández, Maritza Guzmán Cervantes, Karla P. Mayolo-Deloisa, Cuauhtémoc Licona Cassani 314

ANÁLISIS COMPARATIVO DE FACTORES DE VIRULENCIA EN *Pseudomonas aeruginosa:* IDENTIFICACIÓN DE BLANCOS PARA ESTRATEGIA ANTI-VIRULENCIA
P.S. Lucero-Hernández, ME Pérez-Galván, S Zarazúa-Guzman, F.R. Ceballos-Huerta, VA Hernández-Aranda, R Jarquin-Galvez, G Aguilar-Benítez, JP Lara-Ávila 315

FUNCIONALIDAD DE LA REGIÓN TERMINADORA DEL GEN *GAP* EN UN CASSETTE DE EXPRESIÓN CON PROMOTOR GAP EN CEPAS RECOMBINANTES DE *Pichia pastoris* (*Komagataella spp.*)
Nancy Pentón-Piña, Martha Guerrero-Olazarán, José María Viader-Salvadó 316

EXTRACCIÓN Y CARACTERIZACIÓN QUÍMICA DE EXOPOLISACÁRIDOS SINTETIZADOS POR UN CONSORCIO NATIVO.
Alina Sosa, Araceli González, Rafael Rojas, Rodrigo Guzmán, Mónica Sánchez 317

CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE LA SECUENCIA PROMOTORA Y TERMINADORA DE UN GEN DE *Pichia pastoris (Komagataella spp.)* NO DEPENDIENTES DE METANOL
Yanelis Robainas-del-Pino, Ana Lucia Herrera-Estala, José María Viader-Salvadó, Martha Guerrero-Olazarán 318

EVALUACIÓN DE LA PARTICIPACIÓN DEL REGULADOR TRANSCRIPCIONAL *sco3986* SOBRE EL PROCESO DE REPRESIÓN CATABÓLICA.
Berenice Hernández Cordero, Beatriz Ruiz Villafán y Sergio Sánchez 319

ANÁLISIS COMPARATIVO DE SIMILITUD Y NOVEDAD DE CLUSTERS BIOSINTÉTICOS PRESENTES EN CEPAS DE *Streptomyces venezuelae*.
Viridiana Pérez García, Luz Ángela González Salazar, Lorena Rodriguez Orduña, Karina Verdel Aranda, Valeria Souza Saldívar, Cuauhtémoc Licona Cassani 320

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y PRODUCCIÓN DE LEVADURAS NO-*Saccharomyces UTILIZANDO* SUERO DE LECHE COMO SUSTRATO ALTERNATIVO
Kevin Arenas, Leticia Casas-Godoy, Iliana Barrera Martínez 321

MODIFICACIÓN GENÉTICA DE *Azotobacter vinelandii* PARA LA SOBREPRODUCCIÓN DE LÍPIDOS ANTIFÚNGICOS ALQUILRESORCINOLES.
Andrea Moyao, Josefina Guzmán, Soledad Moreno, Guadalupe Espín, Daniel Segura 322

COMPOSICIÓN Y ESTRUCTURA DE LOS CUERPOS DE INCLUSIÓN DE LA PROTEÍNA rHuGM-CSF OBTENIDOS EN *E. coli* USANDO UN SISTEMA TERMOINDUCIBLE
Sara Restrepo-Pineda, Norma A. Valdez-Cruz, Néstor O. Pérez, Mauricio A. Trujillo-Roldán 323

BIOSENSOR FLUORESCENTE DEL METABOLISMO AERÓBICO DE GLICEROL EN *Escherichia coli*
José Ignacio Rodríguez Ochoa, Luz María Martínez Mejía, Georgina Hernández-Chávez, José Utrilla Carreri, Guillermo Gosset Lagarda 324

ESTUDIO Y CARACTERIZACIÓN DEL SISTEMA DE DOS COMPONENTES *SCO6162*/*SCO6163* PARA ELUCIDAR SU PARTICIPACIÓN EN LA REPRESIÓN CATABÓLICA POR CARBONO EN Streptomyces *coelicolor*
Rodrigo Cruz-Bautista, Beatriz Ruiz-Villafán y Sergio Sánchez 325

EFECTO DE LA LONGITUD DE ONDA Y DEL MEDIO DE CULTIVO PARA LA PRODUCCIÓN DE PIGMENTOS FOTOSINTÉTICOS A PARTIR DE UN CONSORCIO DE MICROALGAS ALCALÓFILAS PROVENIENTE DEL EX LAGO DE TEXCOCO
Karina Mera-Viveros, Alejandro Téllez-Jurado, Rocío Ramírez-Vargas 326

CANTIDAD E IDENTIDAD; LA DANZA DE DOS VARIABLES EN EL TRANSPORTE DE α GLUCÓSIDOS DE *Saccharomyces pastorianus*
César I. Hernández-Vásquez, Jorge H. García-García, Esmeralda R. Pérez-Ortega, Daniel Villarreal García, Luis C. Damas-Buenrostro, Benito Pereyra-Alférez 327

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA Y MOLECULAR DE BIFIDOBACTERIAS DEL TRACTO GASTROINTESTINAL DE NEONATOS
Raquel González Vázquez, Lino Mayorga Reyes, Pedro Reyes-Castillo, Martha Leyte Lugo, Alejandro Azaola Espinosa 328

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS HOMOLÁCTICAS FRUCTANOLÍTICAS DE *Agave salmiana*
Diego Gallardo Martínez, Dra. Alma Elizabeth Cruz Guerrero, Dr. Gustavo Viniegra González, Dr. Jorge Gustavo Rocha Estrada 329

EVALUACIÓN DE CEPAS DE *Escherichia coli* MODIFICADAS GENÉTICAMENTE PARA PRODUCIR LA PROTEÍNA ADHESIVA MRCP-19K DEL PERCEBE *Megabalanus rosa.*
Gustavo Zamudio-Cortés, Luz Maria Martínez-Mejía, Guillermo Gosset-Lagarda, José Campos-Terán, Andrea Sabido-Ramos 330

EVOLUCIÓN ADAPTATIVA DE *Clavispora lusitaniae* CDBB-L-2031 PARA ACELERAR EL CONSUMO DE XILOSA
Erika Alfayuset Ochoa Chacón, David Guzmán Hernández, Ana Ramos Valdivia, Alfredo Martínez, Teresa Ponce Noyola 331

PERFIL TRANSCRIPTÓMICO DE UNA CEPA MUTANTE DE *Geobacter sulfurreducens* CON AUMENTO EN LA REDUCCIÓN DE Fe(III), FORMACIÓN DE BIOPELÍCULA Y PRODUCCIÓN DE BIOELECTRICIDAD
Juan Bernardo Jaramillo Rodríguez, Alberto Hernández Eligio, Katy Juárez López 332

SELECCIÓN DE MICROORGANISMOS PRODUCTORES DE EXOPOLISACÁRIDOS.
Lorena Pedraza, Ruth Pedroza, Karina Maldonado, Manuel Kirchmayr 333

ACTINOMICETOS: AGENTES DE CONTROL BIOLÓGICO DE INSECTOS VECTORES Y BACTERIAS PATÓGENAS
Daniela Cerda Apresa, María Guadalupe Maldonado Blanco, Katiushka Arévalo Niño, Verónica Almaguer Cantú, Ma Guadalupe Rojas Verde 334

MICROORGANISMOS PROMOTORES DEL CRECIMIENTO: ACTINOMICETOS
Daniela Cerda Apresa, Itzeel Rosalina Ramírez Hernández, Katiushka Arévalo Niño, Verónica Almaguer Cantú, Ma Guadalupe Rojas Verde 335

PRODUCCION DE CUTINASAS EN *Pichia pastoris*: DIFERENCIAS DE COMPORTAMIENTO ENTRE CEPAS HOSPEDERAS.
Andrea Sabido, Montserrat Tagle, Krystel León, José Augusto Castro y Amelia Farrés 336

NANOENSAMBLAJES SUPRAMOLECULARES PARA CAPTURA DE ANTICUERPOS EN EL DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS.
Juan Patiño Cárdenas, Luz María López Marín 337

EVALUACIÓN DE *Bacillus* sp. PARA EL CONTROL DE ENFERMEDADES EN POSCOSECHA DE AGUACATE HASS
Lorena María López Lujan, Cristina Calle Henao, Maria Paulina Montoya Vargas, Juan Carlos Bedoya Pérez, Sinar David Granada García 338

CUPREDOXINAS DE PARED CELULAR DE HONGOS FILAMENTOSOS: DEMOSTRACIÓN DE SU LOCALIZACIÓN E INDAGACIÓN DE SU PAPEL BIOLÓGICO
Jesús Urbar-Ulloa, Elizabeth Chavira-Espinoza, Alejandro Pereira-Santana, Jorge Verdín 339

DISEÑO Y CARACTERIZACIÓN DE UN VECTOR PARA LA GENERACIÓN DE PRODUCTOS DE PCR Y SU INTEGRACIÓN EN EL CROMOSOMA DE UNA LEVADURA NO CONVENCIONAL AUTÓCTONA DE MÉXICO

Andrea Sabido-Ramos[1], Adán Málaga Olín[2], Sylvie Le Borgne[1]. [1]Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa, [2]Licenciatura en Ingeniería Biológica. Universidad Autónoma Metropolitana Cuajimalpa, Ciudad de México 05348
asabido@cua.uam.mx

Palabras clave: K. marxianus, integración cromosomal, gen LAC4.

Introducción. La atención en el estudio de las levaduras se ha centrado históricamente en *Saccharomyces cerevisiae* y la disponibilidad de herramientas moleculares para estudiar y manipular levaduras no Saccharomyces, también denominadas levaduras no convencionales son limitada. Entre estas levaduras, *K. marxianus* es de interés debido a sus excelentes capacidades secretoras, de termotolerancia, asimilación de una variedad de fuentes de carbono de bajo costo, entre otras propiedades. A medida que se disponga de más herramientas de manipulación genética, existirá mayor probabilidad de que *K. marxianus* tenga un impacto significativo en los sectores biotecnológicos y biofarmacéuticos.

El objetivo de este trabajo consistió en desarrollar e implementar una herramienta molecular propia para la integración de genes en el genoma de la levadura *K. marxianus* aislada de la planta de agave, buscando valorizar el microbiota mexicano.

Metodología. El plásmido templado pASKanMX que contiene el casete LAC4 de disrupción (Fig. 1), se diseñó con base en una estrategia previamente reportada (1) y se introdujo en *K. marxianus* mediante quimiotransformación (2). LAC4 codifica para la β- galactosidasa y KanMX confiere resistencia a geneticina.

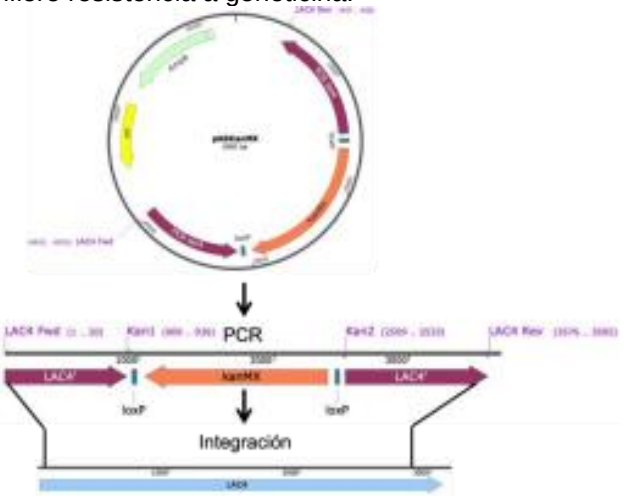


Figura 1. Mapa de pASKanMX. Se muestra la estrategia para la integración del casete de inactivación en el gen cromosomal LAC4 de *K. marxianus* 24. Los *primers* utilizados se resaltan en morado.

Resultados. *Confirmación de la integración del casete por PCR*. La integración del casete LAC4 se confirmó por PCR utilizando los *primers* LAC4 Fwd y LAC4 Rev (con homología al gen LAC4) y Kan1 y Kan2 (con homología al marcador de resistencia KanMX) (Fig. 1). LAC4 Fwd y LAC4 Rev amplifican un fragmento de 2.5 Kb para el alelo silvestre de LAC4 y de 4.0 Kbcuando este gen está interrumpido por KanMX. Por su parte, Kan1 y Kan2 sólo deben amplificar un fragmento de 1.6 Kb que corresponde a KanMX. Al analizar las transformantes, observamos la presencia del alelo de tipo silvestre en todas las candidatas, así como también un fragmento correspondiente al casete de disrupción (Fig. 2, carril 4 y 9), lo cual es posible ya que sabemos que la cepa utilizada es diploide. Por otro lado, con los *primers* para KanMx, se observa una banda a partir del DNA genómico (Fig. 2, carril 5 y 8), confirmando que el casete se integró en el locus de interés.

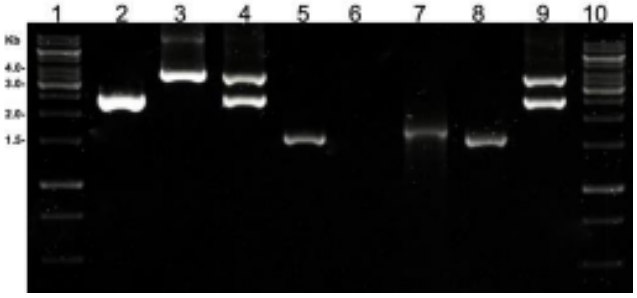


Fig. 2. Confirmación de la integración del casete de inactivación en *K. marxianus* 24. *Con oligos LAC4 Fwd y LAC4 Rev:* 2. Cepa silvestre, 3. pASKanMX, 4 y 9. Transformantes. *Con oligos Kan1 y Kan2:* 5 y 8. Transformantes, 6. Cepa silvestre, 7. pASKanMX. Marcador: 1 y 10.

Conclusiones. La integración de genes con este sistema requiere de una gran homología en las regiones que flanquean el casete, ya que existe una predominancia por la recombinación no homóloga en esta levadura. Este es el primer trabajo en el que se demuestra que es factible introducir DNA exógeno en cepas autóctonas de *K. marxianus*. El siguiente paso consistirá en la edición del sistema de recombinación.

Agradecimiento. Apoyo PRODEP 47410680 y proyecto divisional "Microbiología de Bioprocesos" del DPT de la UAM Cuajimalpa.

Bibliografía.

1. Ribeiro O, Gombert AK, Teixeira JA, Domingues L. (2007). *J Biotechnol.* 131: 20–26.
2. Cernak R, Estrela R, Poddar S, Skerker JM, Cheng YF, Carlson AK, et al. (2018). *MBio*. 9: 1–16.

ESTUDIO DE LA BIOTRANSFORMACIÓN DE FURFURAL EN ACINETOBACTER BAYLYI ADP1.

[1]José Eduardo Arteaga Gómez, [1]Sylvie Le Borgne, [2]Ernesto Rivera Becerril, [1]Juan Carlos Sigala Alanís,
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, [1]Departamento de Procesos y Tecnología, [2]Departamento de Ciencias Naturales, Ciudad de México, CP 05348
eduardo.arteaga1711@gmail.com, jsigala@correo.cua.uam.mx

Palabras clave: Acinetobacter, furfural, acetato

Introducción. Las cepas del género *Acinetobacter* se caracterizan por ser estrictamente aerobias, no fermentativas, Gram negativas y saprófitas de vida libre. Son de interés biotecnológico por su buena capacidad de transformación, recombinación genética eficiente (1) y algunas degradan compuestos aromáticos, furanos y ácidos orgánicos (2). La biomasa lignocelulósica se puede usar como materia prima para generar productos de valor agregado pero debe someterse a un pretratamiento para poder extraer los hidratos de carbono que se utilizan como sustrato (3). Los pretratamientos más comunes tienen la desventaja de generar compuestos tóxicos para los microorganismos usados en su aprovechamiento (4). No obstante, existen microorganismos capaces de tolerar estos compuestos e inclusive, catabolizarlos o biotransformarlos en compuestos menos tóxicos (5). En este trabajo se evaluó la capacidad detoxificadora de la cepa *A. baylyi* ADP1 sobre el furfural, en presencia de acetato como única fuente de carbono. Estos compuestos son dos de los inhibidores más comunes generados tras el pretratamiento ácido a altas temperaturas de biomasa lignocelulósica.
Objetivo: Determinar en la cepa de *A. baylyi* ADP1 el compuesto al que es biotransformado el furfural (F), su velocidad de biotransformación y los posibles genes involucrados en dicho proceso. Evaluar el papel del alcohol furfurílico (FOH) como intermediario durante la biotransformación.

Metodología. Cinéticas de crecimiento. 30°C y 250 rpm en medio líquido M9 en presencia de F o FOH 1 g/L y acetato 2 g/L. La concentración de estos analitos se monitoreó mediante HPLC. Tras 8 horas, se obtuvieron los sobrenadantes y se aisló el compuesto proveniente de la biotransformación de F y FOH, se analizó mediante FT-IR, 1H-NMR y ^{13}C-NMR. La velocidad de biotransformación de F se determinó una vez que las células alcanzaron la fase estacionaria solo en presencia de acetato 4 g/L; después, se añadieron pulsos de F 0.5 g/L y mediante un método colorimétrico se determinó su presencia. Posibles genes involucrados en la biotransformación. Se realizó un análisis transcripcional mediante RT-qPCR ($2^{-\Delta\Delta}$CT) sin y con F en el medio.

Resultados. La figura 1 muestra el comportamiento de A. baylyi ADP1 en presencia de acetato y F o FOH.

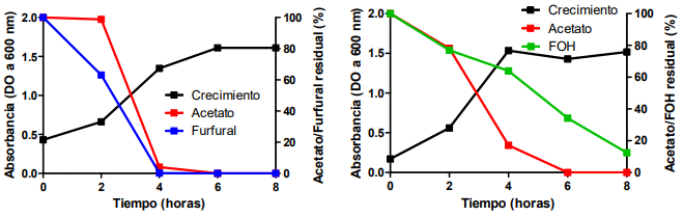


Fig. 1. ADP1 en presencia de acetato 2 g/Ly F o FOH 1 g/L Porcentaje de acetato y F o FOH residual.

A medida que el F o FOH se agotó, se identificó por HPLC un nuevo compuesto, el cual, se analizó mediante IR, ^{1}H-NMR y ^{13}C-NMR y se determinó que se trataba del difurfuril éter.

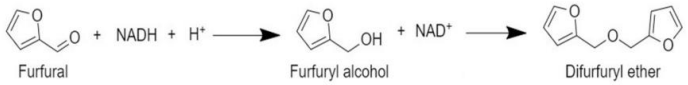


Fig. 2. Reacciones propuestas durante la biotransformación del F.

En la fase estacionaria del cultivo se determinó que la velocidad de biotransformación del furfural es de 1 g/L/h. El análisis transcripcional reveló un aumento en la expresión de los genes *frmA, areB, pntA-1 y pnt-A2.*

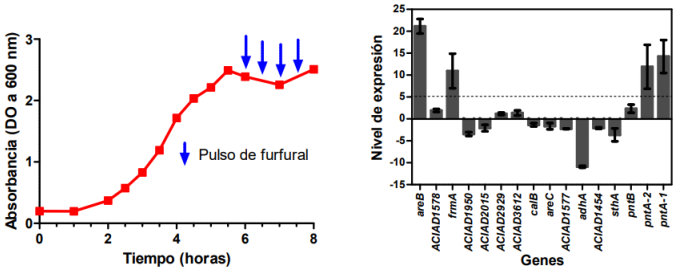


Fig. 3. Izquierda: pulsos de F 0.5 g/L. Derecha: Nivel de expresión de genes

Conclusiones. *A. baylyi* ADP1 detoxifica el F a una velocidad de 1g/L/h, siendo el FOH el intermediario de este proceso y obteniéndose difurfuril éter como producto final. Dos de las alcohol deshidrogenasas responsables de la biotransformación del F son FrmA y AreB.

Agradecimientos. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) [CB- 2012–01/183 813]. Programa Especial de Apoyo a la Investigación Básica 2019 Rectoría General Universidad Autónoma Metropolitana.

Bibliografía.

1. Sigala, J. et al. (2017). Microbiology. 163(7): 1052-1064.
2. P Palmqvist, E., Hahn, B. (2000). Bioresour. Technol. 74(2000): 25-33.
3. Suárez, B. (2015). Tesis Maestría. UAM.
4. Furkan, H., Remzi, B. (2015). Polym, Chem. 6(25): 4497-45.
5. Jönson, L., Martin, C. (2016). Bioresour. Technol. 199(2016): 103-112.

LA COMUNICACIÓN CELULAR REGULA LA DISPERSIÓN Y *FITNESS* DE BIOPELÍCULAS DE *Bacillus thuringiensis* A TRAVÉS DE LA SÍNTESIS DE UN SURFACTÁNTE

Abel Verdugo-Fuentes[1,2], Mayra de la Torre[1,2] y Jorge Rocha[3]
[1]Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C.,Unidad Regional Hidalgo. San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, Mexico, 42163; [2]Departamento Ciencias de los Alimentos, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C., Hermosillo, Sonora, Mexico, 83304; [3]CONACYT- Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C., Unidad Regional Hidalgo. San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, Mexico, 42163
jorge.rocha@ciad.mx

Palabras clave: comunicación celular, Bacillus thuringiensis, *dispersión*.

Introducción. *Quorum sensing* (QS) son mecanismos de comunicación celular que coordinan la expresión genética bacteriana en respuesta a moléculas de señalización [1]. En *Bacillus thuringiensis* (Bt) el sistema de QS NrpR-NprRB actúa como regulador transcripcional y/o como modulador del inicio de la esporulación [2]. Bt es el microorganismo más utilizado en biotecnología y se encuentra ampliamente distribuido en la naturaleza, sin embargo, poco se sabe sobre su ecología o sobre la regulación de las funciones que permiten su supervivencia en hábitats distintos a los de los insectos-hospedadores, como el suelo, las raíces de las plantas o como endófito vegetal [3].

El objetivo del trabajo fue evaluar la participación del sistema de QS NprR-NprRB sobre el fenotipo de dispersión y *fitness* de Bt.

Metodología. Se realizaron diversos ensayos de dispersión y *fitness* de biopelículas de Bt utilizando las cepas Bt8741 silvestre y mutantes derivadas con deleción en el casete *nprR-nprRB* y complementadas con los genes *nprR* y *nprR-nprRB*. Para ello, se realizaron mediciones del radio de las colonias y se contabilizaron las UFC, después de 7 días de incubación a 30º C en medios convencionales y extracto de suelo. Se realizaron ensayos de interacción para evaluar la participación de componentes extracelulares y se evaluó el efecto de la adición exógena del péptido sintético de NprRB (SKPDIVG) y del lipopéptido surfactina.

Resultados. Se requiere de la presencia de los genes *nprR* y *nprRB* para la dispersión de la biopelícula de Bt, tanto en medios convencionales como en el suelo (Figura 1). En los ensayos de interacción entre la cepa Wt y la cepa mutante complementada con el receptor NprR, no se logró rescatar el fenotipo de dispersión. Este resultado se corroboró mediante imágenes de fluorescencia, donde se observó que la cepa mutante permaneció localizada en el centro de la biopelícula mientras que la cepa Wt se dispersó en la superficie del agar; sin embargo, el fenotipo se recuperó al añadirse de forma exógena una concentración de 500 nM del péptido sintético de NprRB (SKPDIVG). La adición del péptido no tuvo ningún efecto en el fenotipo de dispersión cuando el receptor NprR está ausente. Por lo que el fenotipo de dispersión requiere, tanto el péptido de señalización maduro como su reconocimiento por el receptor NprR. Se encontró que la dispersión de la biopelícula es proporcional al fitness, por lo que la cepa Wt tuvo un mejor fitness que las cepas mutantes. Dado que NprR regula la síntesis del lipopéptido kurstakina [4], se hipotetizó que este biosurfactante podría participar en la dispersión, la adición de surfactina exógena restauró el fenotipo de dispersión en la cepa mutante. Estos hallazgos no habían sido reportados previamente y demuestran la relevancia y la esencialidad del sistema de QS NprR-NprRB en la evolución y ecología del estilo de vida libre de Bt.

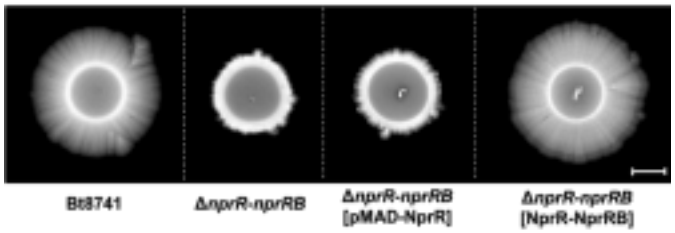


Figura 1. Fenotipo de dispersión de la cepa Wt y mutantes derivadas. La escala indica 5 mm.

Conclusiones. El sistema de QS NprR-NprRB participa en la dispersión de biopelículas de Bt. El mecanismo molecular podría ser mediado por la regulación de la síntesis de kurstakina o alguna otra molécula surfactante. Finalmente, el fenotipo de
dispersión podría jugar un papel relevante en la ecología y estadios de vida libre de la bacteria.

Agradecimiento. Al CONACYT, por la beca de posgrado No. 449242 a Abel Verdigo Fuentes y por el financiamiento del proyecto No. 267837 a cargo de la Dra. Mayra de la Torre.

Bibliografía.

1. Rutherford S, Bassler B. (2012). *Cold Spring Harb Perspect Med*. 2 (11): a012427.
2. Cabrera R, Rocha J, Flores V, Vázquez-Moreno L, Guarneros G, Olmedo G, de la Torre M. (2014). *Appl Microbiol Biotechnol*. 98 (22): 9399-9412.
3. Argôlo-Filho R, Loguercio L. (2014). *Insects*. 5 (1):62–91.
4. Perchat S, Talagas A, Poncet S, Lazar N, Li de la Sierra-Gallay I, Gohar M, Lereclus D, Nessler S. (2016). How quorum sensing connects sporulation to necrotrophism in *Bacillus thuringiensis*. PLOS Pathog 12 (8):e1005779.

AISLAMIENTO DE BACTERIAS ACIDO LÁCTICAS DEL TRACTO INTESTINAL DE TILAPIA NILOTICA (*OREOCHROMIS NILOTICUS*) Y SU ACTIVIDAD ENZIMATICA (PROTEASAS, LIPASAS Y CARBOHIDRASAS).

Arely Anahi Itzá Colli[1], Ruth López Alcántara[2], Maurilio Lara Flores[1]
[1]Instituto de Ecología, Pesquerías y Oceanografías del Golfo de México (EPOMEX), Campus VI de la Universidad Autónoma del Estado de Campeche, Facultad de Ciencias Químico – Biológicas. [2]Centro de Investigaciones Biomédicas, UAC. Av. Héroe de Nacozari 480, C.P. 24079. San Francisco de Campeche, Campeche.
E-mail: anahi210496@gmail.com.

Palabras clave: Bacterias ácido lácticas, lactobacilos plantarum, enzimas

Introducción. Los efectos de los probióticos derivados de bacterias acido lácticas (BAL), se han relacionado con la modulación de la microbiota intestinal, el establecimiento de microorganismos benéficos y actividades enzimáticas digestivas, esto aumenta la digestibilidad de nutrientes y la utilización de alimentos [1]. Los microrganismos probióticos han tenido un crecimiento exponencial, por las propiedades benéficas que confieren dentro del sector acuícola [1,3]. Los probióticos proporcionan un beneficio real y son una alternativa viable y sobre todo sustentable [2]. El presente trabajo, tiene como objetivo Aisladar BAL de la microflora gastrointestinal de tilapia nilótica y determinar su capacidad proteolítica, lipolítica y carbohidrasa

Metodología. Se emplearon intestinos de alevines de tilapia en etapa exponencial de crecimiento, el aislamiento de bacterias acido lácticas se llevó acabo en medio agar MRS incubados a temperatura ambiente por 48 h tal como señala Bustos Gutiérrez [2]. Para la identificación primaria de las bacterias se empleó la técnica bacteriológica de tinción diferencial de Gram. La identificación bioquímica de las cepas de BAL se realizó con el sistema API 50 CHL, las galerías fueron incubadas por 48 horas a 35°C. Las actividades enzimáticas [4] se determinaron cualitativamente de acuerdo con métodos modificados. Los extractos proteicos de BAL fueron obtenidos por medio de lisozima y precipitados a diferentes concentraciones de sulfato de amonio [5].

Resultados. Las morfologías bacterianas encontradas coinciden con las características de BAL [1,2]. Se aislaron colonias bacterianas Gram (+) con morfología de bacilos y cocos y se sometieron a análisis cualitativo ante inductores como la leche descremada, nata de leche o sacarosa. De acuerdo al resultado se seleccionaron 3 de los aislados que presentaron la mayor actividad enzimática medida como tamaño de halo de hidrólisis. Las pruebas bioquímicas de los aislados seleccionados identificaron los aislados como *Lactobacillus plantarum 1*. Por otro lado, a partir del fraccionamiento del cultivo se observó que la mayor actividad enzimática residió en el paquete celular, sugiriendo que la actividad fue asociada a la biomasa.



Fig. 1. Caseinólisis radial de *L. plantarum* aislada de Tilapia nilotica PC (paquete celular), SN (Sobrenadante), SOL (Solución)

Tabla 1. Actividad hidrolítica (en milímetros de halo de hidrólisis) del paquete celular del *L. plantarum* (aislado 16)

Lipasa	Proteasa	Carbohidrasa
26 mm	20 mm	23 mm

Conclusiones. Se aislaron e identificaron *Lactobacillus plantarum* provenientes del tracto intestinal de Tilapia nilotica que mostraron las mejores actividades de proteasas, lipasas y carbohidrasas.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada: 1002067 entre 2019 y 2021.

Bibliografía.

1.Akhter, N., Wu, B., Memon, AM y Mohsin, M. (2015). Inmunología de pescados y mariscos , 45 (2), 733-741.
2- Ferrero, M. A. (1995). Estudios de producción de proteasas en especies del género Bacillus, 7027-7035
3- Ramírez-López, C., & Vélez-Ruiz, J. F. (2016). Aislamiento, caracterización y selección de bacterias lácticas autóctonas de leche y queso fresco artesanal de cabra. Información tecnológica, 27(6), 115-128.
4- García Ibarra, J. A. (2007). Identificación de bacterias ácido lácticas mediante perfiles de fermentación y ribotipificación. 28, 300-307
5- Quintín Bueno, N. P. (2010). Extracción de la fracción proteica utilizando dos solventes (agua y tris hcl). 125, 325-341.

BÚSQUEDA Y CARACTERIZACIÓN DE NUEVAS CEPAS DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS PRODUCTORAS DE EXOPOLISACÁRIDOS AISLADAS DE SEDIMENTOS.

Cristian Jesús Medina Dzul[1], Tania González Flores[2], María de los Ángeles Sánchez Contreras[2], 1. Instituto Tecnológico Superior del Sur del Estado de Yucatán, Oxkutzcab 97880, 2. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ) Subsede Sureste,
msanchez@ciatej.mx.

Palabras clave: Exopolisacáridos, Bacterias ácido-lácticas, sedimentos costeros

Introducción. Las bacterias ácido lácticas (BAL) son consideradas GRAS (*Generally Recognized as Safe*) y son un amplio grupo de microorganismos en forma de cocos y bacilos de longitud y grosor variable (0.5 – 0.8 µm); con fisiología uniforme, no formadoras de esporas, de pared Gram-positiva, anaerobias facultativas, catalasa negativa e inmóviles (1,2). En su superficie algunas BAL producen de manera natural polisacáridos de cadena larga con unidades repetidas de azúcares denominados exopolisacárido (EPS) (2,3). Dentro de este grupo se han aislado e identificado BAL del género *Lactobacillus, Pediococcus, Leuconostoc, Enterococcus* y *Weissella*¸ proveniente de sedimentos costeros (4).

Nuestro objetivo es buscar nuevas cepas BAL productoras de EPS aislados de sedimentos.

Metodología. Se utilizaron 17 cepas aisladas previamente de sedimentos costeros de la Península de Yucatán y una cepa aislada de residuos cítricos. Las cepas se sembraron en medio solido MRS usando el método de estriado, incubando a 35°C por 48 horas. Se tomaron colonias aisladas del cultivo anterior y se llevaron a cabo las siguientes pruebas de identificación: tinción de Gram, prueba de catalasa y morfología de colonia. Se seleccionaron dos cepas para evaluar la producción de EPS. Se usó un medio mínimo líquido ($NaH_2PO_4 \cdot H_2O$, $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ y Na_2HPO_4) suplementado con sacarosa en dos concentraciones (50 y 200 g/L). Se incubaron a 40°C, 150 rpm durante 48 horas. Se utilizó una adaptación del método de precipitación con etanol (etanol al 96% a -17.1°C durante 24 h) (5) para obtener el EPS producido a las 48 horas y la cantidad de EPS (mg) se determinó por peso en una estufa a 70°C. Se utilizó un analizador bioquímico YSI 2900 para cuantificar los azúcares del medio durante el crecimiento de cada cepa.

Resultados. Todas las bacterias aisladas de los sedimentos dieron una respuesta positiva a la tinción Gram y negativa a la prueba de catalasa, con forma de cocos, con colonias uniformes y de aspecto Mucoide (Fig. 1); reconociendo claramente las características de BAL (Tabla 1). El EPS producido por CSI27 se estimó en 25.82 g/L, mientras que la cepa Xer-19 produjo 28.42 g/L, valores similares reportados en aislamientos de BAL de lácteos crudos (3). El análisis bioquímico de la fermentación reportó la presencia de glucosa y sacarosa, por lo que se concluye que el EPS producido podría ser un heteropolisacárido compuesto por unidades de glucosa y fructosa.



Fig. 1. Estriado de las cepas (A). Aislamiento de colonias puras de las cepas (B). Vista microscópica óptica 100X de la cepa CSI27 con tinción Gram (C).

Tabla1. Caracterización microscópica y macroscópicas de las cepas.

Cepa	Catalasa	Gram	Forma	Rasgo
CLM1, CLM2, CLM3, CLM4, CLM8, CLM9, CLM10	–	+	Cocos	Mucoide
CSI27, CSI28, CSI29, CSI30, CSI31, CSI32, CSI33, CSI34, CSI35, CSI36	–	+	Cocos	Mucoide
Xer-19	–	+	Bacilo	Mucoide

*CLM= Cepa aislada de sedimentos de la Laguna Maravillas, *CSI= Cepa aislada de sedimentos de la Laguna de Silvituc, *Xer-19= *Bacillus sp.* aislada de residuos agroindustriales cítricos.

Conclusiones. En este estudio, una de las 17 cepas aisladas de sedimentos costeros identificadas como BAL (CSI27), demostró mejor capacidad para producir EPS con un rendimiento de producción de 25.82 g/L. en comparación con los 28.42 g/L que produjo la aislada de residuos cítricos. Lo que indica que la diversidad bacteriana de los sedimentos presenta un potencial uso para su aplicación biotecnológica debido a su capacidad de producción de EPS.

Agradecimiento. FOSEMARNAT-2004-01-280 por las cepas aisladas de sedimentos, proporcionadas para realizar este trabajo en el CIATEJ Subsede Sureste.

Bibliografía.

(1) Du, C., & Webb, C. (2011). *Comprehensive Biotechnology*. 2: 11-23
(2) Parra, R. (2010). *Facultad de Ciencias Agropecuarias*. 8(1): 93–105
(3) Gayathiri, E., Bharathi, B., Velu, S., Siva, N., Natarajan S, Prabavathi, S., & Selvadhas, S. (2017). *International Journal of Pharma And Chemical Research I*. 3(2): 202–211
(4) Sica, M., Olivera, N., Brugnoni, L., Marucci, P., López, A., & Cubitto, M. (2010). *R. de Biol. Marina y Oceanografía*. 45(3): 387–397.
(5) Bajpai, V., Majumder, R., Rather, I., & Kim, K. (2016). *Bangladesh Journal of Pharmacology*. 11(3): 573–576.

CARACTERIZACIÓN DE CONSORCIOS MICROBIANOS CAPACES DE PRODUCIR CELULOSA A PARTIR DE LA FERMENTACIÓN DE MORINGA.

Juan Pablo Hernández Rodríguez[1], Andrea Franco Moreno[2], Alexei Fedorovish Licea Navarro[2], Mayra Zulema Treviño Garza[3], Celestino García Gómez[1], Beatriz Adriana Rodríguez Romero[1], Julia Mariana Márquez Reyes[1]. [1]Facultad de Agronomía, Universidad Autónoma de Nuevo León. Escobedo, Nuevo León. 66050. [2]Departamento de Innovación Biomédica, Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Carretera Ensenada-Tijuana, Ensenada. 22860. [3]Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. San Nicolás de los Garza, Nuevo León. 66455.
pablodx486@gmail.com.

Palabras clave: kombucha, moringa, celulosa microbiana.

Introducción. Kombucha es una bebida fermentada elaborada mediante una simbiosis de bacterias y levaduras, donde se genera dos productos: una bebida fermentada y celulosa microbiana (CM) esta última tiene propiedades como gran capacidad de absorción de agua y resistencia a la tracción. Por lo cual la CM ha tenido diferentes aplicaciones en el área biomédica, nanotecnología, como ingrediente alimentario y como material de envasado (1). La moringa (*Moringa oleifera*) es una planta reconocida mundialmente por sus grandes beneficios a la salud destacando su capacidad antioxidante y antimicrobiana (2) pero existe poco aprovechamiento de su tallo.

El objetivo de este proyecto es identificar los géneros de bacterias presentes en los consorcios y la producción de CM utilizando como medio de fermentación tallo de moringa.

Metodología. Se utilizaron cinco consorcios microbianos denominados original (COR), piña (CPN), uva (CUV), frambuesa (CFM) y frutos rojos (CFR). Un análisis metagenómico por 16S rRNA para las bacterias, con un kit de secuenciación para 16S A26216 y un análisis bioinformático. El fermentado de moringa se elaboró con sacarosa, moringa y agua destilada a 85°C. Posteriormente se inoculo el medio con cada consorcio y se incubo a 25 °C por un periodo de 13 días. Finalmente se cuantifico el peso de la CM en condiciones húmedas y secas a 44 °C por 48h.

Resultados. El análisis metagenómico mostró que los cinco consorcios de kombucha coincidieron que el filo más abundante fue *Proteobacteria*, clase *Alphaproteobacteria* y géneros *Acetobacter* y *Gluconobacter* (Fig. 1) que son los más abundantes en general en kombucha (3). La principal bacteria encargada de la síntesis de celulosa es *Acetobacter xylinum* (1). Para la biomasa generada en cada consorcio se evaluaron dos factores: el espesor y el peso húmedo y seco (Tabla 1). En el peso seco y húmedo hay una diferencia significativa ($p<0.05$) entre cada película generada, mediante una comparación de medias se demostró que en peso húmedo las que presentan mayor masa son COR y CPN, en cuanto a el peso seco hay una gran diferencia donde COR tiene mayor biomasa. El incremento de la biomasa es debido a la cantidad de microorganismos productores de la celulosa. Se observó el mayor desarrollo de la biomasa a los 14 días indicando que el tiempo de fermentación es proporcional a la cantidad de biomasa generada durante la duración del experimento (4). Por último, el espesor se relaciona con el peso obtenido de la celulosa, siendo COR el que presenta mayor espesor y peso en comparación a los otros consorcios.

Tabla 1. Peso seco (PS), húmedo (PH) y espesor (E) promedio de los cinco consorcios

Consorcio	PS (g)	PH (g)	E (mm)
CFM	0.085 ± 0.017 b	2.627 ± 0.792 b	0.097 ± 0.021 b
CFR	0.165 ± 0.091 b	3.166 ± 2.302 b	0.100 ± 0.016 b
COR	0.321 ± 0.072 a	8.222 ± 1.573 a	0.188 ± 0.022 a
CPN	0.129 ± 0.036 b	4.325 ± 2.977 a	0.108 ± 0.013 b
CUV	0.1211 ± 0.030 b	4.081 ± 2.353 b	0.099 ± 0.019 b

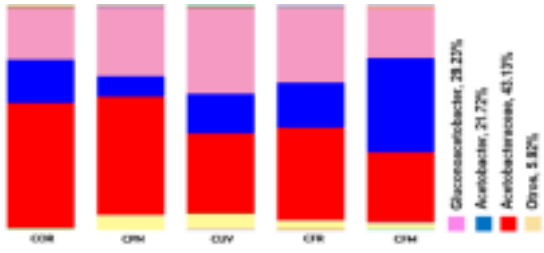


Fig. 1. Abundancia relativa de familias y géneros, detectada para los cinco consorcios analizados.

Conclusiones. La presencia de *Acetobacter* en los cinco consorcios promueve la producción de celulosa en medio de moringa, siendo COR y CPN los que tienen mayor abundancia de *Acetobacter* y por ende mayor producción de CM.

Agradecimiento. Al Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada (CICESE), por la colaboración en el área de metagenómica.

Bibliografía.

1. Martínez Leal, J., Valenzuela Suárez, L., Jayabalan, R., Huerta Oros, J., & Escalante-Aburto, A. (2018). *CyTA - Journal of Food,* 16(1), 390–399.
2. Abdull Razis, A. F., Ibrahim, M. D., & Kntayya, S. B. (2014). *Asian Pac J Cancer Prev*, 15(20), 8571-8576. 3. Jayabalan, R., Malbaša, R. V., Lončar, E. S., Vitas, J. S., & Sathishkumar, M. (2014). *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.*, 13(4), 538–550.
4. Kallel, L., Desseaux, V., Hamdi, M., Stocker, P., & Ajandouz, E. H. (2012). *Food Res. Int.*, 49(1), 226–232

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN CULTIVOS DE PRODUCCIÓN DE BIOLÍPIDOS EN *Yarrowia lipolytica*.

Juan Luis Ávila González, Alan Kevin Pineda, Enya Arantza Cárcamo, Víctor Sánchez Santos, Aurora Antonio Pérez. Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Campus Estado de México. Carretera Lago de Guadalupe Km.3.5 Atizapán de Zaragoza Col. Margarita Maza de Juarez. CP 52926, Atizapán de Zaragoza, Estado de México. a.antonio@tec.mx.

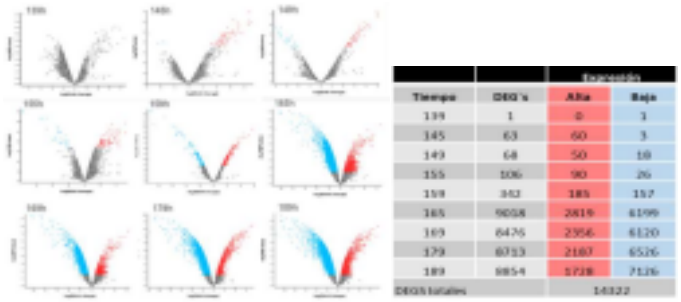
Palabras clave: DEGs, Yarrowia lipolytica, Biolípidos.

Introducción. En los últimos años ha aumentado el interés en el uso de Yarrowia lipolytica por sus características bioquímicas y capacidades metabólicas que le permiten asimilar diferentes fuentes de carbono, incluyendo materiales hidrofóbicos e hidrofílicos conduciendo a su aplicación en la producción de metabolitos y particularmente de biolípidos (1,2). Este trabajo se centra en la aplicación de diversas herramientas bionformáticas para obtener una visualización más clara y concisa de lo que está ocurriendo a nivel bioquímico, metabólico y transcripciónal durante la producción de biolípidos en Y. lipolytica, mediante el análisis de expresión diferencial de genes a partir del análisis del microarreglo GSE35447 (GEO Accession viewer (nih.gov))

Metodología. El análisis se realizó a través de una base de datos de muestras obtenida de GEO dataset con ID "GSE35447" ejecutado en la plataforma GPL15177 Agilent-031148 Y. lipolytica V2. Se hizo el seguimiento de los DEGs analizados durante la etapa de producción de biolípidos de Y. lipolytica en configuración D-stat. Acorde a los datos del microarreglo los experimentos D Stat se realizaron en un biorreactor de tanque agitado de 3 L con Vop de 1.5 L, Oxígeno mayor a 20% (oxígeno no limitante), temperatura de 28 °C y pH 5.6. A partir de las características de los datos del microarreglo, se hizo la construcción de grupos con base en los tiempos de producción partiendo de 119 h (referencia) y de 139 h a 189 h (tiempos indicados en Fig. 1). Los datos obtenidos se procesaron y filtraron mediante la aplicación de las librerías 'GEOquery', 'limma' y 'umap'. de la plataforma RStudio en GEO2R. A partir del microarreglo normalizado se seleccionaron genes con P<0.05. Se obtuvo una lista de DEGs los cuales se analizaron en GeneBank, STRING y GO. Recursos que permitieron un análisis sistemático y biológico molecular de los DEG´s.

Resultados. En la figura 1 se muestran las gráficas de volcán que permiten apreciar la expresión diferencial de genes de Y. lipolytica a diversos tiempos de producción de biolípidos. En la tabla adjunta en Fig. 1, se presentan la cuantificación de DEGs con sub o sobre expresión. En los tiempos de 165 a 190 se observa la activación de muchos más genes (2819 a 1728), señalando que Y. lipolytica activa una mayor cantidad de genes al momento de sintetizar lípidos.

Se obtuvo una lista de 15 DGEs más significativos (P<0.05). Para comprender la relación de funcionalidad de los 15 DEGs se analizaron redes de interacción en STRING y GO (Fig. 2).



Tiempo	DEG´s	Expresión Alta	Expresión Baja
139	1	0	1
145	63	60	3
149	68	50	18
155	106	80	26
159	342	185	157
165	9058	2819	6199
169	8476	2356	6120
179	8753	2187	6526
189	8854	1728	7126
DEGS totales		14322	

Fig. 1. Gráficas de volcano de los DEG´s de Y. lipolytica a diferentes tiempos de producción de biolípidos. LosDEGs identificados durante la producción de biolípidos de Y. lipolytica. Los DEGs totales fueron 14322. Para cada tiempo una proporción diferencial de DGEs fueron sub o sobre expresados. Tomándose como referencia la expresión al tiempo 119 h, previo al estadio D-stat (previo a biosíntesis). Los (●) representan DEG´s regulados a la alza y (●) a la baja.

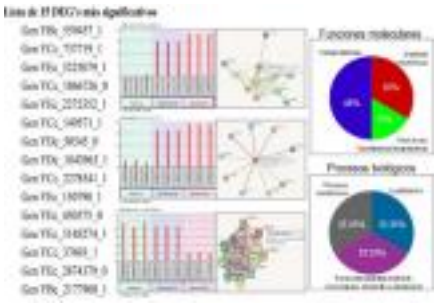


Fig. 2. Análisis en STRING y GO de los 15 DEG´s de Y.lipolytica. Se presentan 3 resultados representativos de los ejecutados para todos los genes identificados como DEGs durante la producción de biolípidos en *Y. lipolytica* a diferentes tiempos.

Conclusiones. Sólo 9 de los 15 DEGs identificados durante la producción de biolípidos en Y. lipolytica están bien caracterizados, lo que señala una amplia área de oportunidad en el estudio de este organismo. Las proteínas identificadas se dividen en: Enzimas de interconversión metabólica, proteínas acarreadoras y proteínas transportadoras correlacionadas a procesos biológicos de metabolismo, adaptación, crecimiento, desarrollo) y de localización.

Bibliografía.

1. Groenewald, M., Boekhout, T.,Neuvéglise, C.,Gaillardin, C.(2014).Yarrowia lipolytica: safety assessment of an oleaginous yeast with a great industrial potential. Critical reviews in microbiology, 40 (1), 187-206.
2. Zhang, Jl., Peng, YZ., Liu, D. et al. Gene repression via multiplex gRNA strategy in Y. lipolytica. Microb Cell Fact 17, 62 (2018).

DESARROLLO DE UN INMUNOENSAYO PARA DETECTAR LA RESPUESTA INMUNE ESPECÍFICA PARA LAS TOXINAS APX DE *Actinobacillus pleuropneumoniae*

L. Monserrath Mora Gálvez[1], Héctor M. Castañeda Aponte[1], Calef Sánchez Trasviña[1], G. Priscila Galaviz Martínez[2], Isaac L. Solorio Hernández[2], Maritza Guzmán Cervantes[2], Karla P. Mayolo-Deloisa[1], Cuauhtémoc Licona Cassani[1]
[1]Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey EIC, Monterrey, N.L., CP 64000. [2]Departamento de Investigación y Desarrollo, LAPISA Salud Animal, La Piedad, Michoacán, CP 59375.
A01220252@itesm.mx.

Palabras clave: Actinobacillus pleuropneumoniae, Toxinas Apx, Cromatografía de afinidad.

Introducción. La industria porcina representa un 20% de la industria de producción de carne en México. Una de las enfermedades que afecta su producción es la pleuroneumonía porcina, cuyo agente etiológico es la bacteria Gram negativa *Actinobacillus pleuropneumoniae.* Este microorganismo codifica para varios factores de virulencia, siendo los más importantes las exotoxinas Apx I, II, III, y IV (1). Las vacunas de subunidades son unas de las opciones más prometedoras para ayudar en el control de la enfermedad. Para validar el proceso de producción de estas vacunas es necesario hacer pruebas inmunológicas (2). El objetivo de este trabajo es desarrollar un sistema heterólogo para la producción de fragmentos de las toxinas Apx I, II, y III en *Escherichia coli* con el fin de obtener sueros hiperinmunes para un inmunoensayo adecuado.

Metodología. *Expresión heteróloga.* Se seleccionaron secuencias parciales de las tres toxinas para ser clonadas en el vector pET28-b(+) y expresadas en *E. coli* BL21 DE3+ de manera independiente (3). *Cinética de crecimiento.* Se realizó en 50 ml de medio Terrific Broth y se indujo con IPTG. La proteína se recuperó en buffer para cuerpos de inclusión (25 mM Tris HCl, 100 mM NaCl, 8 M Urea, pH: 7.5) (4). *Purificación.* La purificación se llevó a cabo en columna de afinidad HisPrep FF 16/10 en un sistema de cromatografía líquida ÄKTA Pure. Las fracciones obtenidas se corren en un SDS-PAGE. Se valida la obtención de la proteína por Western Blot y se preparan para secuenciación.

Resultados.

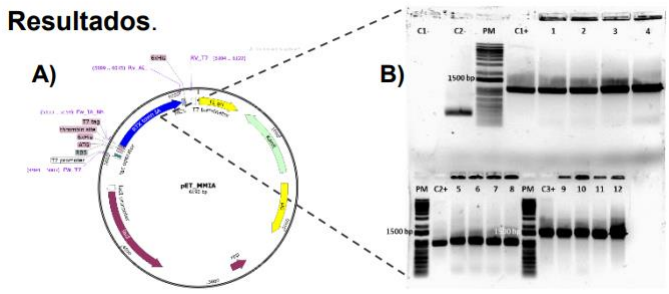


Fig. 1. **A)** Plásmido con el inserto del fragmento de la toxina Apx I. **B)** Gel de PCR de colonia como validación de la correcta construcción de los plásmidos con los insertos de los fragmentos para las toxinas Apx I (carriles 1 a 4), Apx II (carriles 5 a 8), y Apx III (carriles 9 a 12).

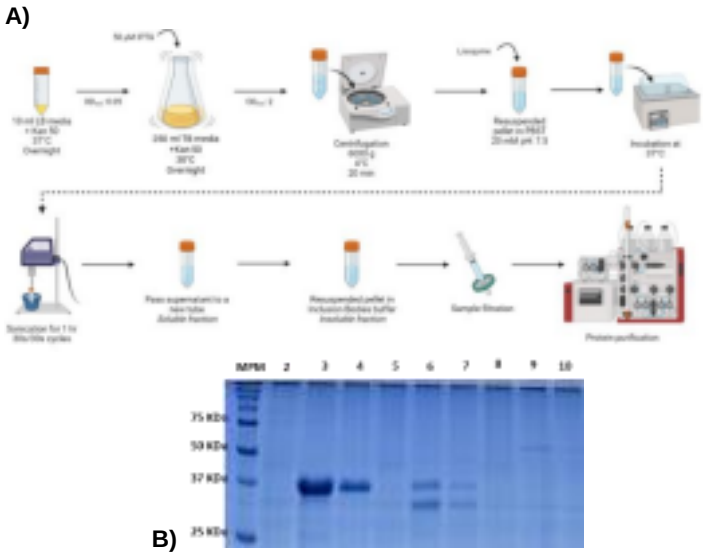


Fig. 2. **A)** Protocolo para la expresión y purificación de las proteínas Apx. **B)** SDS-PAGE en dilución 1:5 para las fracciones insolubles de las proteínas Apx I (carriles 3 y 4), Apx II (carriles 6 y 7) y Apx III (carriles 9 y 10). Purificados mediante cromatografía de afinidad por His-tag en el sistema ÄKTA Pure.

Conclusiones. Estos resultados demuestran que es posible llevar a cabo la clonación y la producción heteróloga de fragmentos de las toxinas Apx en *E. coli*. Asimismo, el proceso de purificación se optimiza tomando en consideración dos factores: la concentración de IPTG y la temperatura de crecimiento. Para este protocolo, una concentración de 50 µM y una temperatura de cultivo de 30°C son las condiciones óptimas de operación para el sistema.

Agradecimiento. Este trabajo fue posible gracias al apoyo del Tecnológico de Monterrey, Núcleo de Innovación de Sistemas Biológicos, StrainBiotech, LAPISA Salud Animal y Conacyt.

Bibliografía.

1. Bossé, J. T., Janson, H., Sheehan, B. J., Beddek, A. J., Rycroft, A. N., Kroll, S. & Langford, P. R. (2002). *Microb Infect.* 4 (2): 225-235.
2. Loera-Muro, A. & Angulo, C. (2018). *Vet Microbiol.* (217): 66- 75.
3. Shao, M., Wang, Y., Wang, C., Guo, Y., Peng, Y., Liu, J., Li, G., Liu, H. & Liu, S. (2010). *Acta Vet Scand.* 52 (1): 52-59.
4. Singh, A., Upadhyay, V., Upadhyay, A. K., Singh, S. M. & Panda, A. K. (2015). *Microb Cell Fact.* 14 (41).

ANÁLISIS COMPARATIVO DE FACTORES DE VIRULENCIA EN *Pseudomonas aeruginosa*: IDENTIFICACIÓN DE BLANCOS PARA ESTRATEGIA ANTI-VIRULENCIA

PS Lucero-Hernández[1], ME Perez-Galvan[1], S Zarazúa-Guzman[1], FR Ceballos-Huerta[1], VA Hernández-Aranda[2], R Jarquin-Galvez[2], G Aguilar-Benítez[2], JP Lara-Ávila*[2]. [1]Facultad de Ciencias Químicas, UASLP.[2]Facultad de Agronomía y Veterinaria UASLP. San Luis Potosí SLP CP 78000.
Email pablo.lara@uaslp.mx

Palabras clave: Filogenética, Sistemas de secreción, Metabolitos secundarios

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es una bacteria gram-negativa, patógeno oportunista en humanos, frecuentemente se asocia a infecciones nosocomiales, con altos niveles de multirresistencia. *P. aeruginosa* posee factores de virulencia basados en: I) sistemas de secreción, que le ayudan a secretar proteínas al exterior y/o al interior de células del hospedero; y en II) metabolitos secundarios que le permiten establecerse en tejidos del hospedero; entre ellos destacan pioverdina, piocianina y ácido butenoico. Los mecanismos de virulencia contienen proteínas específicas que al ser bloqueadas, podrían incidir en la disminución del comportamiento virulento de *P. aeruginosa.* Lo cual, constituye una estrategia anti virulencia para el control de infecciones de *P. aeruginosa*.
El objetivo del trabajo fue determinar el nivel de conservación de factores de virulencia, en un contexto evolutivo, como un criterio previo para el desarrollo de una estrategia anti-virulencia contra *P. aeruginosa*.

Metodología. A partir de genomas y proteomas (NCBI) de cepas de *P. aeruginosa* y *P. fluorescens* se realizó el mapeo funcional en GhostKOALA y la predicción de metabolitos secundarios en AntiSMASH. Se seleccionaron genes involucrados en los sistemas de secreción tipo III (T3SS) y enzimas involucradas en la biosintesis de pioverdinas, ácido butenoico y piocianinas, en cada cepa de *P. aeruginosa.* Con los genes mencionados, se realizó la reconstrucción filogenética a nivel de secuencias de ADN y proteínas con el software MEGA 7.

Resultados. En el presente trabajo, se identificaron las proteínas involucradas en los mecanismos de transporte TAT, SEC-SRP y T3SS, así como en los procesos biosintéticos de metabolitos secundarios pioverdina, piocianina y ácido butenoico, en varias especies de *P. aeruginosa*. El análisis genómico comparativo de los clusters biosintéticos de pioverdina, piocianina y ácido butenoico, permitieron determinar el nivel de sintenia entre las cepas de *P. aeruginosa,* así como la identificación de genes codificantes de proteínas transportadoras de membrana. El análisis incluyó la reconstrucción filogenética de cada gen a nivel de proteína y nucleótidos.

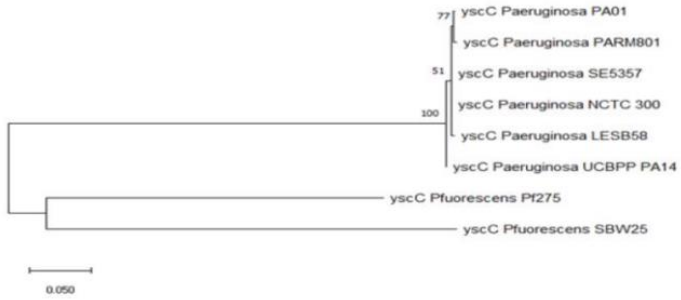


Fig. 1 Reconstrucción filogenética del gene *yscC,* componente del T3SS. Es posible observar la baja tasa de sustitución de nucleótidos en *yscC* de *P. aeruginosa*.

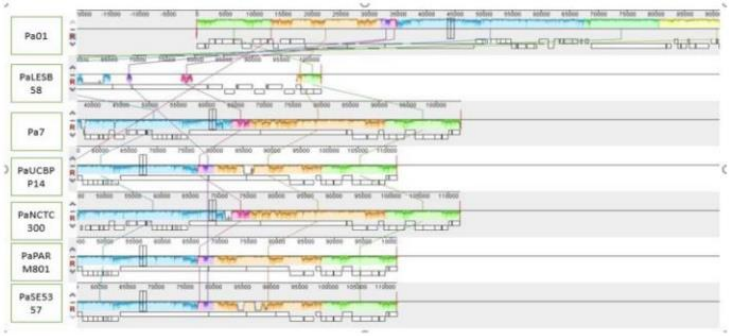


Fig. 2 Análisis genómico comparativo del cluster biosintético de pioverdina en cepas de *P. aeruginosa*. En cada clúster se identificaron genes biosintéticos, para transporte y regulación.

Conclusiones. Mediante la reconstrucción filogenética de genes implicados en T3SS, en el transporte y biosíntesis de pioverdina, piocianina y ácido butenoico, se encontró una baja tasa de sustitución de nucleótidos y aminoácidos. Por lo tanto, los genes analizados tienen estabilidad evolutiva y conservación estructural a nivel proteína, lo cual habla de conservación funcional. Por lo cual, podrían ser candidatos para el desarrollo de estrategias anti-virulencia para el control de infecciones por *P. aeruginosa*.

Bibliografía.

1) Green ER, Mecsas J. 2016. Microbiology spectrum. 4(1).
2) Fleitas Martínez O, Cardoso MH, Ribeiro SM, Franco OL. 2019. Front Cell Infect Microbiol.;9:74.
3) Silby MW, Winstanley C, Godfrey SA, Levy SB, Jackson RW. 2011. FEMS Microbiology Reviews. 35(4), 652–680).

FUNCIONALIDAD DE LA REGIÓN TERMINADORA DEL GEN *GAP* EN UN CASETE DE EXPRESIÓN CON PROMOTOR GAP EN CEPAS RECOMBINANTES DE *Pichia pastoris* (*Komagataella spp.*)

Nancy Pentón-Piña, Martha Guerrero-Olazarán, José María Viader-Salvadó
Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto de Biotecnología San Nicolás de los Garza, N. L., México C.P.66455.
jose.viadersl@uanl.edu.mx

Palabras clave: Pichia pastoris, terminador transcripcional, gen GAP

Introducción. El sistema de expresión de *Pichia pastoris* ha emergido con gran interés por las ventajas que ofrece en la producción de proteínas recombinantes. Últimamente dentro de los elementos reguladores de la transcripción se ha visto el importante papel que juegan los terminadores en la expresión génica y en la producción de proteínas (1,2), por lo que resulta de interés evaluar terminadores sustitutos del tradicional terminador *AOX1* (3) en los vectores de expresión de *P. pastoris*.
En el presente trabajo se evaluó la funcionalidad del terminador del gen *GAP* como sustituto del terminador *AOX1* en un vector de expresión con promotor *GAP* en cepas recombinantes de *Pichia pastoris*.

Metodología. Se diseñó, sintetizó y clonó en el vector pUCIDT-AMP (Integrated DNA Technologies, Inc., EUA) una secuencia sintética de ADN con la región del terminador del gen *GAP* (*TTGAP*) conteniendo la región 3'UTR del gen *GAP* (definida por 3'RACE), y 50 nucleótidos río abajo del sitio de poliadenilación, flanqueda además por los sitios de restricción de las enzimas Bsu36I y NotI (New England Biolabs, EUA). La correcta secuencia nucleotídica de *TTGAP* se verificó por secuenciación. Los vectores pUCTTGAP y pGAHFTEII se digirieron con las enzimas Bsu36I y NotI para obtener el inserto *TTGAP* y un fragmento del vector pGAHFTEII con el promotor del gen *GAP* y la región codificante de la proteína recombinante FTEII asociada en su extremo N-terminal con el péptido prepro del factor α de *Saccharomyces cerevisiae*. Estos fragmentos se ligaron con T4 ligasa (Promega, EUA) y se obtuvo el vector pGAHFTEIITTGAP. Con dicho vector linearizado previamente con la enzima SalI (Promega, EUA), se transformaron células electrocompetentes de *P. pastoris* KM71 para obtener la cepa KM71GAHFTEIITTGAP. La integración del casete de expresión en el genoma de la levadura se verificó por PCR. La funcionalidad del gen heterólogo con el promotor y terminador GAP se demostró por RT-PCR empleando oligonucleótidos específicos del gen heterólogo *FTEII* y la presencia extracelular de la proteína FTEII mediante SDS-PAGE en cultivos a 30˚C y 250 rpm; primero en 25 mL de YPD por 8 h, y luego en BMG-$CaCl_2$ por 24 h con adición de 1% de glicerol a las 14 h.

Resultados. La doble digestión del vector pUCIDT-TTGAP generó un fragmento con el tamaño esperado de 620 pb (inserto). La digestión del vector pGAHFTEII generó dos fragmentos: el de interés con 7727 pb y un fragmento de 853 pb. La ligación de los fragmentos de 7727 pb y 620 pb generó el vector de expresión pGAHFTEIITTGAP con 8347 pb donde la región TTGAP remplazó al terminador *AOX1*. En la transformación de *P. pastoris* con dicho vector previamente linearizado se obtuvieron 2000 clonas His^+. De esta forma quedó construida la cepa recombinante de *P. pastoris* KM71GAHFTEIITTGAP. La caracterización de la cepa por PCR demostró la correcta construcción e inserción del casete de expresión en el genoma de la levadura, al obtenerse una única banda con el tamaño esperado de 814 pb. Se demostró además la funcionalidad de los elementos reguladores (promotor y terminador del gen *GAP*) en el gen heterólogo *FTEII* al detectarse la presencia de transcritos. El análisis por SDS-PAGE de las proteínas extracelulares mostró un barrido amplio que se movió a una banda con tamaño aparente de 39 kDa después de tratamiento con Endoglicosidasa H, lo cual demostró la presencia de la forma N-glicosilada de proteína heteróloga FTEII en el sobrenadante de cultivo de la cepa KM71GAHFTEIITTGAP.

Conclusiones. Se demostró la funcionalidad del terminador del gen *GAP* como terminador alterno al terminador *AOX1* para ser empleado en vectores de expresión de *P. pastoris* con el promotor GAP como elementos reguladores del gen heterólogo y producir proteínas recombinantes de forma constitutiva.

Agradecimiento. Los autores agradecen al proyecto CB-2016- 01 (#286093) y N.P.-P. agradece además el apoyo del CONACYT por la beca otorgada.

Bibliografía.

1. Currant K A et al. (2015) ACS Synth Biol. 4: 824-832.
2. Van Helden J et al (2000) Nucleic Acids Research. 28 (4): 1000-1010.
3. Vogl T et al. (2016) ACS Synth Biol. 5: 172-186.).

EXTRACCIÓN Y CARACTERIZACIÓN QUÍMICA DE EXOPOLISACÁRIDOS SINTETIZADOS POR UN CONSORCIO NATIVO.

Alina Sosa, Araceli González, Rafael Rojas, Rodrigo Guzmán, Mónica Sánchez
Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Ingeniería Química, Mérida 97203
alina.sosad@gmail.com.

Palabras clave: Exopolisacáridos, Consorcio, Bacterias Halófilas.

Introducción. Los consorcios microbianos son capaces de sobrevivir a diversas condiciones, como ambientes extremos, mediante la formación de estructuras sinérgicas a nivel de población, como estromatolitos, esteras microbianas y, con mayor frecuencia, biopelículas.[1] Muchas bacterias han desarrollado su potencial bioquímico para la síntesis de polímeros extracelulares o exopolisacáridos (EPS) que constituyen una estrategia para adaptarse y sobrevivir en ambientes halófilos, ya que estos EPS les permiten a las células mantener un ambiente osmótico adecuado. Los EPS provenientes de microorganismos que habitan en ambientes hipersalinos poseen potenciales aplicaciones en distintos sectores industriales como de alimentos y biomedicina debido a sus propiedades emulsificantes, antioxidantes, de pseudoplasticidad, entre otros.[2] La síntesis de EPS microbianos ha sido estudiada a partir del aislamiento de los microrganismos productores; sin embargo, los EPS provenientes de consorcios han demostrado tener mayor eficiencia que un cultivo puro.3 La laguna rosada de Yucatán es un ambiente hipersalino que ha sido utilizado como fuente de consorcios microbianos productores de EPS.

El objetivo de este trabajo es extraer y caracterizar los exopolisacáridos provenientes de un consorcio nativo enriquecido del manto de pozas salinas de una laguna costera de Yucatán.

Metodología. Se evaluó la síntesis de EPS en diferentes condiciones de salinidad entre 0-28%. Se determinó el rendimiento crudo de la síntesis de EPS, mediante la extracción etanólica y el rendimiento neto después de la purificación del EPS. La extracción de EPS se realizó por precipitación etanólica mientras que la purificación se llevó a cabo por diálisis (MWCO 12- 14,000 Da) en agua destilada (3x3h) a 4°C. Los EPS purificados se liofilizaron. Se calculó el rendimiento crudo y neto de producción en peso (mg) de EPS obtenido/volumen de cultivo. Por último, se realizó la caracterización química de los EPS con mayor rendimiento neto a través de las determinaciones de azúcares totales, ácidos urónicos y proteínas. Los azúcares totales se determinaron con el método fenol-sulfúrico utilizando estándares de glucosa (0-150 mg/L); las muestras y los estándares se midieron a 490 nm. Para la determinación de ácido urónicos, se utilizó ácido galacturónico con 6 concentraciones conocidas de 0 a 200 mg/L como referencia y se midieron las absorbancias a 530 nm. Se exploró la presencia de proteínas mediante el método de Bradford cuyo rango de ensayo lineal se realizó de 20 a 500 mg/L de albúmina de suero bovino; los estándares y las muestras se analizaron a 595 nm. Por último, se realizó un análisis electroforético utilizando el método de Laemli para determinar el tamaño de las proteínas presentes en los EPS evaluados.

Resultados. Los rendimientos crudos y netos, de la síntesis de EPS, obtenidos para cada concentración de NaCl evaluada, se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1. Efecto de la concentración de NaCl sobre la producción de EPS del consorcio nativo

Concentración de NaCl (%)	Rendimiento crudo* (mg EPS/mL)	Rendimiento neto* (mg EPS/mL)
0	1.32 ± 0.11	0.89 ± 0.16
0.4	1.45 ± .20	0.87 ± 0.03
0.9	0.88 ± 0.40	0.74 ± 0.19
1.8	1.38 ± 0.20	0.96 ± 0.09
3.5	2.14 ± 0.19	1.39 ± 0.10
7.0	0.56 ± 0.07	0.05 ± 0.04
14.0	1.67 ± 0.86	0.25 ± 0.03
28.0	121.13 ± 8.35	0.04 ± 0.01

*Media ± desviación estándar (n=3).

Los resultados de la caracterización química de los EPS, extraídos y purificados, se describen en la Tabla 2.

Tabla. 2. Caracterización química del EPS sintetizado con 3.5% de NaCl.

Análisis realizado	Azúcares totales (glucosa)	Ácidos urónicos (ácido galacturónico)	Proteínas (BSA)
Concentración promedio (mg/L)	77	54	22.8

En el análisis electroforético se determinó que el EPS tiene un peso molecular de 58.41 Da.

Conclusiones. El mayor rendimiento neto de EPS (1.39 ± 0.10 mg de EPS/mL) se obtuvo en el medio de cultivo con 3.5% de sal. La caracterización química confirma los constituyentes básicos de los EPS, así como la presencia de ácidos urónicos y proteínas asociadas.

Bibliografía.

1. Zhang, S., Merino, N., Okamoto, A., and Gedalanga, P. (2018). Microbial Biotechnology. 0 (0): 1-15.
2. Wang, J., Salem, D., and Sani, R. (2019). Carbohydr. Polym. 205: 8-26.
3. Kant, S., Kant, R., Choi, Y.-K., Kan, E., Kim, Y.-G., and Yang, Y.- H. (2018). Crit. Rev. in Biotech. 18:1-21.).

CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE LA SECUENCIA PROMOTORA Y TERMINADORA DE UN GEN DE *Pichia pastoris (Komagataella spp.)* NO DEPENDIENTES DE METANOL

Yanelis Robainas-del-Pino, Ana Lucia Herrera-Estala, José María Viader-Salvadó, Martha Guerrero-Olazarán Universidad Autónoma de Nuevo León, UANL, Facultad de Ciencias Biológicas, Instituto de Biotecnología, San Nicolás de los Garza, N.L., México C.P. 66455
martha.guerrerool@uanl.edu.mx

Palabras clave: Pichia pastoris, regiones reguladoras, casete de expresión

Introducción. La levadura *Pichia pastoris* (*P. pastoris*) se ha establecido como un hospedero ampliamente utilizado para producir proteínas heterólogas; esto ha sido factible debido a su fácil manipulación e integración estable de los vectores de expresión en el genoma de *P. pastoris* (1). Una estrategia importante en la ingeniería de esta levadura es el uso de promotores y terminadores fuertes que regulan estrechamente la transcripción del gen heterólogo (2). En nuestro grupo de trabajo se identificaron ocho genes cuya expresión fue dependiente de la fase de crecimiento y la fuente de carbono en cepas recombinantes de *P. pastoris*, entre ellos el gen hipotético que denominamos P7. En este trabajo se construyeron dos cepas, KM71P7FTEIIa y KM71P7FTEIIh, conteniendo los casetes de expresión conformados por el promotor del gen *P7* y la región 3´UTR del gen AOX1 y del gen *P7* respectivamente y se demostró la funcionalidad de las regiones reguladoras del gen *P7* en ambas cepas.

Metodología. Se construyeron los vectores pP7FTEIIa conteniendo la región del promotor P7 (PP7) y el TT de AOX1 (TTAOX1) y pP7FTEIIh conteniendo la región del promotor P7 (PP7) y el TT de P7 (TTP7) ambos funcionalmente asociados a la secuencia señal prepro del factor alfa de *Saccharomyces cerevisiae* y la secuencia codificante de *FTEII*. Estos vectores se propagaron en *E. coli* y se utilizaron para transformar células de *P. pastoris* obteniendo las cepas KM71P7FTEIIa (A) y KM71P7FTEIIh (H), de las cuales se comprobó la integración del casete de expresión por PCR. Se diseñó una estrategia de cultivo para corroborar la funcionalidad de ambas construcciones por RT-PCR, determinación de la expresión del gen reportero (actividad volumétrica y tamaño molecular de la fitasa FTEII). Se realizó el tamizaje de las clonas obtenidas para su selección y se identificó una clona unicopia de cada cepa por qPCR.

Resultados. Los plásmidos pP7FTEIIa y pP7FTEIIh construidos se propagaron satisfactoriamente en *E. coli.* Se obtuvieron más de mil clonas His+ de las cepas A y H de *P. pastoris* confirmando la integración del casete de expresión por prototrofía a histidina y PCR por la amplificación de una banda de 1357 pb para la cepa A correspondiente al PP7, la secuencia pre-pro del factor alfa de *S. cerevisiae*, un fragmento de la secuencia codificante de *FTEII* y el TTAOX1. Para la cepa H se obtuvo una única banda de 870 pb correspondiente a un fragmento de la región codificante del gen FTEII, el TTP7 y un fragmento del casete de expresión río abajo del TTP7. Se demostró la funcionalidad de las regiones reguladoras del gen *P7* en ambas cepas por el análisis de RT-PCR del gen reportero en cultivos en glicerol en la fase exponencial que mostró una única banda de 536 pb la cual corresponde a un fragmento del CDS del gen *FTEII* lo que indica la presencia de transcritos de dicho gen. Se detectó producción de *FTEII* en el medio de cultivo para ambas cepas cultivadas en medio BMG durante 24 h con una actividad volumétrica de fitasa extracelular de 0.23 ± 0.01 U/mL para la cepa A y de 0.11 ± 0.01 U/mL para la cepa H. Además, el gel de SDS-poliacrilamida para el sobrenadante de cultivo de la cepa A mostró el barrido característico de la fitasa *FTEII*, alrededor de 45 kDa, después de la N-desglicosilación por endo H, el barrido cambió a una masa molecular aparente de 39 kDa que corresponde a la masa molecular teórica. En conjunto la detección de transcritos del gen reportero, detección de la proteína reportera por actividad volumétrica de fitasa y SDS-PAGE confirmaron la funcionalidad de las regiones reguladoras del gen *P7* en ambas cepas construidas. El tamizaje de las clonas de la cepa A mostró concentraciones de proteínas extracelulares entre 5.93 y 17.20 µg/mL y de la cepa H tuvo concentraciones de proteínas extracelulares entre 6.53 y 8.12 µg/mL. Se evaluaron las clonas con menor concentración de proteínas extracelulares de ambas cepas por qPCR resultando unicopias la clona 8 de la cepa A y la clona 36 de la cepa H.

Conclusiones. Se construyeron dos cepas de *P. pastoris*, la primera KM71 P7FTEIIa conteniendo la región PP7 y funcionalmente asociada al TTAOX1 y la segunda KM71 P7FTEIIh, conteniendo la región PP7, funcionalmente asociada al TTP7. Ambas con un casete de expresión cuyo promotor es funcional y su regulación no depende de metanol.

Agradecimientos. Los autores agradecen el apoyo del CONACYT por la beca otorgada a YRDP y al proyecto CB2016-01 (286093).

Bibliografía.

1. Wiseman et al. (2020). J. Protein Expr Purif. 167.
2. Rahmat et al. (2020). Appl. Microbiol. Biotechnol.).).

EVALUACIÓN DE LA PARTICIPACIÓN DEL REGULADOR TRANSCRIPCIONAL *sco3986* SOBRE EL PROCESO DE REPRESIÓN CATABÓLICA.

Berenice Hernández Cordero, Beatriz Ruiz Villafán y Sergio Sánchez, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología. CDMX, 04510
hcbere23@gmail.com.

Palabras clave: Reguladores transcripcionales, sco3986, represión catabólica por carbono.

Introducción. La enzima glucosa cinasa dependiente de ATP (ATP-Glk) parece desempeñar un papel importante en la represión catabólica por carbono (RCC) en *Streptomyces coelicolor* M145. Al no tener sitios de unión a DNA (1), la ATP-Glk no puede regular directamente los genes sensibles a RCC. En vista de lo anterior, una alternativa para estudiar su participación en la RCC es la búsqueda de su interacción con reguladores transcripcionales. En un análisis transcriptómico hecho por Romero et al. (2016), se encontró modificada la expresión de nueve reguladores transcripcionales dependientes de la enzima ATP-Glk, de los cuales dos pertenecen a la familia GntR. De estos dos reguladores, SCO3986, además de tener una expresión positiva en ausencia de ATP-Glk, también presenta una menor expresión en presencia de glucosa (2). Por tanto, el objetivo de este trabajo es evaluar la participación del regulador transcripcional SCO3986 en el mecanismo de RCC en *S. coelicolor* y su relación con la ATP-Glk.

Metodología. Inferir posibles genes blanco de *sco3986* para mediante un análisis *in silico*. Paralelamente se construirán una cepa de *S. coelicolor* M145 que sobreexprese a *sco3986* y otra carente de *glkA* y *sco3986*. Finalmente, se hará la evaluación del efecto de la sobreexpresión de *sco3986* y de su carencia mediante la cuantificación del crecimiento, consumo de glucosa, actividad de ATP-Glk, cuantificación de antibióticos y de la expresión de los genes blanco seleccionados (3).

Resultados. Primero se hizo un análisis para predecir una "firma" que sería el posible sitio de unión del regulador. Dicha predicción *in silico* se realizó con el programa MEME (4) entrenándolo con 20 secuencias ortólogas con (Figura 1).

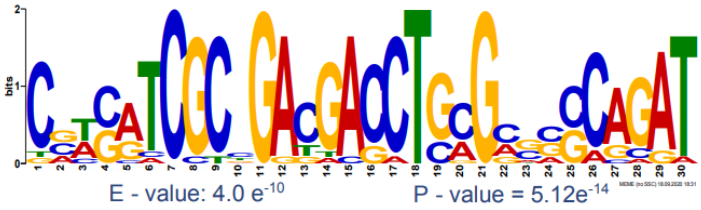


Fig. 1. Firma del regulador sco3986

Para la predicción de genes blanco se utilizó el programa MAST (5) y se consideraron como significativos solo aquellos alineamientos que presentaron un E-value menor a 10 y un p-value posicional menor a 0.0001. Posteriormente, se realizó la búsqueda de los genes blanco considerando la firma encontrada y se clasificaron de acuerdo con las funciones relacionadas con RCC como son el metabolismo de carbono, de lípidos y la transcripción. De acuerdo con estas funciones se seleccionaron los genes *sco2126* y *sco2119* que están relacionados con la glucólisis y la vía de pentosas fosfatos, los genes sco5385 y *sco1701* que participan en la β-oxidación, y los genes *sco3264, sco0116, sco2964* y *sco7709* que participan en el metabolismo de carbono, exportación de antibióticos, división celular y degradación de antibióticos.

Conclusiones. El análisis in silico de los posibles genes blanco sugiere que *sco3986* podría participar en el metabolismo de carbono y en la RCC, además, pudiera estar involucrado con la producción de antibióticos.

Agradecimiento. Este proyecto fue financiado en parte por el proyecto CONACyT A1-S-9143 y por el donativo DGAPA, PAPIIT IN205519. Agradezco a CONACyT por la beca de maestría para la realización de este proyecto.

Bibliografía.

(1) Angell S., Schwarz E., & Bibb M. J. (1992). Mol. microbiol, vol. 6(19): 2833–2844.
(2) Romero A., Rocha D., Ruiz B., Tierrafría V., Rodríguez R., Segura D., & Sánchez S. (2016). BMC microbiol, vol. 16: 77.
(3) Manzo M, (2018). Caracterización de un regulador transcripcional dependiente del gen glk en Streptomyces coelicolor. (Tesis de maestría, UNAM)
(4) Bailey L., Boden M., Buske A., Frith M., Grant E., Clementi L., Ren J., Li W., & Noble S. (2009). Nucleic acids research, vol 37: 202–208. (5) Bailey L., & Gribskov M. (1998). Bioinformatics, vol 14(1): 48–54.).

ANÁLISIS COMPARATIVO DE SIMILITUD Y NOVEDAD DE CLUSTERS BIOSINTÉTICOS PRESENTES EN CEPAS DE *Streptomyces venezuelae*.

Viridiana Pérez García [1], Luz Ángela González Salazar [1], Lorena Rodriguez Orduña [1], Karina Verdel Aranda [2],Valeria Souza Saldívar [3], Cuauhtémoc Licona Cassani [1]
Industrial Genomics, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey. 2. Colegio de Postgraduados Campus Campeche, BIOSAT 3. Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México.

Palabras clave: Actinomicetos, clusters de genes biosintéticos, puntaje de novedad .

Introducción. Los productos naturales (NPs) microbianos han sido considerados históricamente como una de las más importantes fuentes de diversidad química a nivel industrial y farmacéutico (1). Muchas de estas moléculas son generadas a través del metabolismo secundario y su producción está mediada por interacciones ecológicas como defensa, competencia e interacciones con el ambiente (1). El género *Streptomyces* representa uno de los principales grupos de productores de metabolitos especializados (2). Estudios previos en este género han demostrado que incluso cepas de la misma especie pueden variar enormemente en los genes que codifican para dichos metabolitos, mostrando un alto potencial de diversidad química (2). Este trabajo comparó la diversidad química a nivel de clusters de genes biosintéticos (BGCs) presentes en cepas de la misma especie *Streptomyces venezuelae* que fueron aisladas en dos ambientes contrastantes: uno altamente oligotrófico y otro rico en nutrientes. Dichos ambientes podrían modular la distribución y composición de los clusters, así como la producción de los compuestos asociados a éstos.

Metodología. Dos de las cepas fueron colectadas de sedimentos en el Sistema de Churince, Coahuila (26°50,25.1N, 102°08=01.7W), mientras las otras dos cepas se aislaron del suelo dentro de la reserva de bosque tropical en Calakmul, Campeche (N 18° 22`0,57`, W 89° 53`7,45`) con permiso SEMARNAT No. SGPA/DGVS/03121/15. Para el aislamiento se realizaron diluciones seriadas en placas de medio soya-manitol suplementadas con antibióticos. Para la extracción de ADN se utilizó un método casero con fenol cloroformo. Los genomas se secuenciaron utilizando la plataforma Illumina MiSeq 2x300 pb y se ensamblaron con Unicycler. La identificación taxonómica se realizó con la plataforma Microbial Genomes Atlas (MIGA). Los análisis comparativos de minería genómica: predicción, redes de similitud y análisis de novedad de clusters biosintéticos (BGC) fueron realizados utilizando anti SMASH versión 5.2. y las plataformas de BiG-SCAPE y BiG FAM respectivamente.

Resultados. Se observaron diferencias en la morfología de las cepas aisladas en Cuatro Ciénegas respecto a aquellas aisladas en Calakmul (Fig. 1-A). Todas las cepas evaluadas fueron ensamblados con rangos entre 38-277 contigs. El genoma más pequeño se encontró en Cuatro ciénegas (Tabla 1).

Tabla 1. Características de los ensamblados de este estudio.

S. venezuelae	Contigs	Longitud	%GC	N50
CC208A	129	7,664,893	72.46	149,073
CC224E	92	9,362,404	71,01	296,269
KL109B	38	9,342,835	71.04	636,039
KL118A	277	9,096,498	71.51	68,044

Las cepas con mayor número de clusters fueron CC224E (36 BGC) y KL118A (62 BGC), sin embargo, puede existir sobrestimación causada por fragmentación de clusters (Fig. 1-B). Las principales familias químicas fueron péptidos no ribosomales (NRPS) y Policétidos (PKs). Los clusters de las cepas de Calakmul presentaron mayor grado de novedad que los de Cuatro Ciénegas (Fig. 1-C).

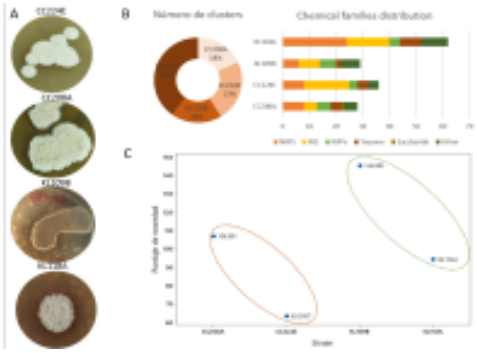


Fig. 1. cepas de *S. venezuelae* aisladas en diferentes ambientes A. Morfología. B. Análisis de minería genómica. C. Puntaje de novedad para cepas de Cuatro ciénegas (naranja) y Calakmul (verde).

Conclusiones. El análisis de minería genómica mostró que *S. venezuelae* provenientes de Calakmul presentan mayor grado de diversidad química, hecho que puede estar asociado a las condiciones del medio donde habitan.

Agradecimiento. Especial agradecimiento a Industrial Genomics Laboratorio; CONACYT por la beca No. 1048382. Al ITESM y StrainBiotech por apoyo financiero para secuenciación y análisis de muestras.

Bibliografía.

1. Milshteyn, A., Schneider, J. S., & Brady, S. F. (2014). Mining the metabiome: identifying novel natural products from microbial communities. Chemistry & biology, 21(9), 1211-1223.
2. Hopwood, D. A. (2007). Streptomyces in nature and medicine: the antibiotic makers. Oxford University Press.

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y PRODUCCIÓN DE LEVADURAS NO-*SACCHAROMYCES UTILIZANDO* SUERO DE LECHE COMO SUSTRATO ALTERNATIVO

[1]Kevin Arenas, [2]Leticia Casas-Godoy, [2]Iliana Barrera Martínez
[1]Universidad Autónoma de Guadalajara, Av. Patria 1201, Lomas del Valle, 45129 Zapopan, Jalisco. [2]CONACYT-CIATEJ, Unidad de biotecnología Industrial. Camino Arenero 1227, 45019 Zapopan, Jalisco, México
ibarrera@ciatej.mx

Palabras clave: revalorización, industria láctea, proteína unicelular

Introducción. El suero de leche es un residuo altamente disponible en el estado de Jalisco al ser el principal productor de lácteos en México (1). Por su alta carga orgánica, específicamente de lactosa, se convierte en un residuo con potencial alto de contaminación (2). Por otro lado, gracias a su composición, este resulta de interés para su aplicación en medios de cultivo. Existen levaduras de géneros no-*Saccharomyces* capaces de asimilar lactosa (3).
El objetivo de este trabajo fue realizar la búsqueda, aislamiento, identificación, selección y crecimiento de levaduras capaces de crecer prominentemente en un medio de cultivo con lactosa como única fuente de carbono.

Metodología. Las levaduras se aislaron de productos lácteos (queso, leche y búlgaros). Muestras de estos alimentos se sembraron en medio YDP con cloranfenicol. Posteriormente, mediante la técnica de estría cruzada se aislaron cepas puras que se identificaron mediante MALDI-TOF (4). Las cepas identificadas se cultivaron en suero de leche y lactosa como única fuente de carbono. Finalmente, se llevaron a cabo pruebas de crecimiento con 3 cepas en minibiorreactores de 250 mL utilizando como medio de cultivo (g/L): suero de leche 70, $MgSO_4 \cdot 7\ H_2O$ 0.2, $MnSO_4 \cdot H_2O$ 0.04, NH_4NO_3 0.1 y KH_2PO_4 0.05. Se evaluó la producción de biomasa mediante peso seco y el consumo de la fuente de carbono por DNS (5).

Resultados. A partir de los cribados en lactosa y suero de leche se identificaron 13 levaduras no-*Saccharomyces* (Figura 1)

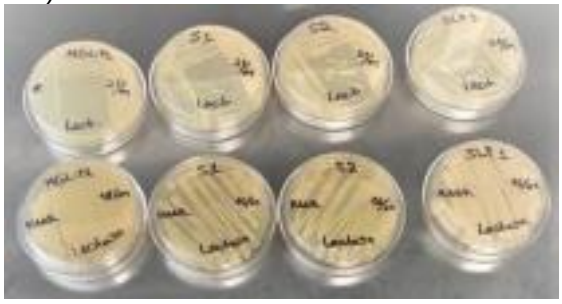


Fig. 1. Cepas aisladas de productos lácteos e identificadas por MALDI-TOF

Se estudio el crecimiento de las siguientes cepas identificadas como: *Candida kefyr* (*Kluyveromyces marxianus*), *Candida famata (Debaryomyces hansenii)* y *Yarrowia lipolytica.* La cinética de crecimiento se puede observar en la Figura 2. El porcentaje de consumo de lactosa fue de 97.56, 14.72 y 21.8 para *C. kefyr, C. famata* y *Y. lipolytica*, respectivamente. La cepa que presentó mayor crecimiento fue la que consumió en mayor medida la fuente de carbono. Esto indica que su capacidad metabólica para consumir lactosa es mayor que el de las dos cepas restantes en el medio de cultivo y condiciones de trabajo evaluadas.

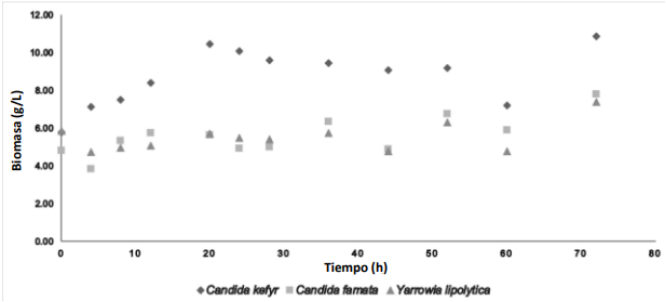


Fig. 2. Producción de biomasa durante 72h de crecimiento. Nota: Sólidos contenidos en el medio de cultivo representan la variación inicial.

Agradecimiento. Al COECYTJAL por el financiamiento: proyecto 8192-2019. FODECIJAL y al Dr. Miguel Beltrán, profesor e investigador de la UAG.

Bibliografía.

1. SIAP-SAGARPA. (2019). PRODUCCIÓN ANUAL DE LECHE DE BOVINO POR ENTIDAD FEDERATIVA. En: Boletín de Leche. Editorial, México. pag 7-10.
2. Spalatelu, C.(2012). IRFB. vol (10): 1-8.
3. Turker, M. (2014). Yeast Biotechnology: Diversity and Applications. Advances in Science and Industrial Productions of Baker´s Yeast. Instanbul. 2014. pag 1-26.
4. Zboromyrska, Y. (2015). Ed Cont Lab Clín. vol (20): 87-98.
5. Miller, G. (1959). Anal. Chem, 31, 426-428

MODIFICACIÓN GENÉTICA DE *AZOTOBACTER VINELANDII* PARA LA SOBREPRODUCCIÓN DE LÍPIDOS ANTIFÚNGICOS ALQUILRESORCINOLES.

Andrea Moyao, Josefina Guzmán, Soledad Moreno, Guadalupe Espín, Daniel Segura, Instituto de Biotecnología UNAM, Departamento de Microbiología Molecular, Cuernavaca 62210
andrea.moyao@ibt.unam.mx

Palabras clave: antifúngicos, alquilresorcinoles, regulación.

Introducción. Los alquilresorcinoles (ARs) son compuestos fenólicos anfipáticos presentes en diversas fuentes naturales como algunos cereales. Pueden ser utilizados como biomarcadores de consumo de cereales integrales, también se usan para hacer liposomas y como componentes de emulsiones para tratar fitopatógenos, ya que tienen actividad inhibitoria contra algunos hongos y bacterias (1). La bacteria *Azotobacter vinelandii* produce este tipo de lípidos, se ha demostrado su potencial para inhibir una variedad de hongos que enferman al mango (*Mangifera indica L*). Además, se conocen muchos detalles sobre la regulación genética del operón biosintético *arsABCD* en esta bacteria, y el efecto positivo en la producción de ARs al inactivar la síntesis del polímero polihidroxibutirato (PHB) (2,3). El objetivo general de éste trabajo fue obtener cepas mutantes de *Azotobacter vinelandii* que sobre produzcan lípidos alquilresorcinoles. Para esto se propuso inactivar los genes, tanto de reguladores negativos, como de los de biosíntesis de los polímeros PHB y alginato para modificar el metabolismo del Carbono y favorecer la sobreproducción de ARs. Se consiguieron incrementos en producción de hasta 20 veces al combinar modificaciones de los sistemas de regulación genética con los bloqueos metabólicos.

Metodología. Para obtener una cepa sobre productora de alquilresorcinoles primero se seleccionó entre las cepas de *Azotobacter vinelandii* (*UW136*, *SW136*, *AEIV* y *ATCC9046*) mejor productora de estos compuestos. Posteriormente, se siguieron dos estrategias: inactivar los principales reguladores negativos del operón biosintético *arsABCD* (genes *rsmA*, *phoB*, *ptsN* y sus respectivas combinaciones) e inactivar las vías de síntesis de los polímeros PHB y alginato (inactivación de los genes *phbB* y/o *algA*), esto con la finalidad de obtener una combinación de modificaciones que permitieran obtener un efecto acumulativo para sobre producir alquilresorcinoles. La producción de ARs se evaluó por método colorimétrico con sales de Fast Blue B (4) y de crecimiento por cuantificación de proteína con Método de Lowry (5).

Resultados. Una vez seleccionado el fondo *AEIV*, se cuantificaron los ARs en las mutantes de los reguladores. Se observó que la mutante *rsmA* a pesar de su fenotipo hipermucoide y ser la de menor crecimiento, fue la de mayor producción específica con niveles 5 veces más altos que la cepa silvestre tanto en células enquistadas como en células vegetativas. Debido a su poco crecimiento asociado a la hiperproducción de alginato (también regulado por rsmA), se decidió inactivar la síntesis del polímero alginato. Se obtuvo una doble mutante *algA-rsmA* (Figura 1).

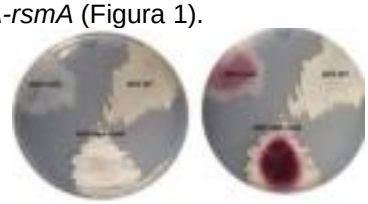


Fig. 1. Cepas mutantes *rsmA, algA-rsmA* y tinción de sus ARs.

Esta mutante no solo mostró tener un mejor crecimiento, sino que mantuvo producciones muy altas en células vegetativas e incluso mayores que las de la mutante sencilla en células enquistadas (Figura 2).

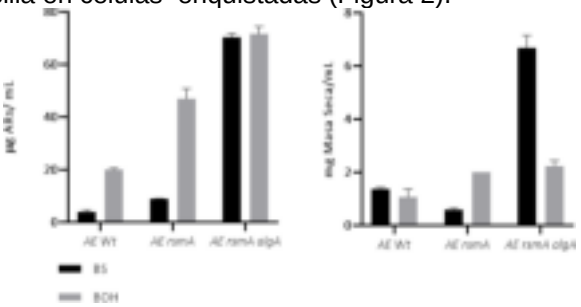


Fig. 2. Producción específica y masa seca de las mutantes *rsmA* y *alga rsmA*. BS medio con células vegetativas, BOH medio inductor de enquistamiento.

Conclusiones. La inactivación del regulador RsmA mostró ser más efectiva para sobre producir alquilresorcinoles, sin embargo la inactivación de la síntesis de alginato en conjunto con la inactivación del regulador RsmA permitió obtener una cepa con mejores niveles de producción tanto volumétrica como específica.

Agradecimiento. Al proyecto PAPIIT-UNAM IG200219 por financiar este trabajo de investigación.

Bibliografía.

1. Kozubek A.(1999). *Chemical Reviews*. 99 (1): 1-25.
2. Romero Y, Guzmán J, Moreno S, Cocotl M, Vences M, Castañeda M, Espín G, Segura D. (2016) *PloSONE* 11(4): e0153266.
3. Segura D, Cruz T, Espín G. (2003) *Arch Microbiol* 179,437-443. 4. Watanabe K,Yamaki E, Yamamoto I, Yoshimura H. (1979), J STAGE 25(6)321-326.

5. Lowry O, Rosebrough N, Farr A, Randall R.(1951)J. *Biol.Chem*. 193,265-275

COMPOSICIÓN Y ESTRUCTURA DE LOS CUERPOS DE INCLUSIÓN DE LA PROTEÍNA rHuGM-CSF OBTENIDOS EN *E. coli* USANDO UN SISTEMA TERMOINDUCIBLE

Sara Restrepo-Pineda[1], Norma A. Valdez-Cruz[1], Néstor O. Pérez[2], Mauricio A. Trujillo-Roldán[1] [1]Unidad de Bioprocesos, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, CP 04510. [2]Unidad de Investigación y Desarrollo, Probiomed SA de CV, Tenancingo, Estado de México 52400.
E-mail: sarestrepo90@gmail.com; maurotru@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: Termoinducción, Proteínas recombinantes, Cuerpos de inclusión.

Introducción. El sistema de expresión termoinducible *λpL/pR*-cI857 se ha usado ampliamente para la producción de proteínas recombinantes (PR) en *E. coli* (1), ya que se evita la adición de inductores químicos y se minimizan riesgos de contaminación (2). Sin embargo, un aumento de la temperatura (>34°C) activa la respuesta de choque térmico (HSR) y, a su vez, la sobre síntesis de chaperonas involucradas en mantener la proteostasis celular (3). Al mismo tiempo, *E. coli* tiende a formar agregados proteicos llamados cuerpos de inclusión (CI), los cuales son partículas electrodensas enriquecidas de PR parcialmente estructurada. Se ha reportado que las condiciones del bioproceso pueden modificar las propiedades de los CI (4).
El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto de la temperatura de crecimiento (30°C vs 34°C) sobre la composición y la estructura de los CI que contienen el factor estimulante de colonias de granulocitos y macrófagos (rHuGM-CSF) al ser inducidos a 42°C.

Metodología. Se realizaron cultivos de *E. coli* W3110 productora del rHuGM-CSF en biorreactores de 1.2 L con 0.8 L de medio mínimo (17.5 g/L de glucosa) a dos temperaturas de crecimiento (30°C vs 34°C) con inducción a 42°C. Se cuantificó el consumo de glucosa en un YSI 2900 y la acumulación de acetato por HPLC (5). Se separaron y purificaron los CI para determinar cambios en los niveles de expresión del rhuGM-CSF y las chaperonas DnaK/J, GroEL/ES por SDS-PAGE y Western blot. Para la caracterización estructural de los CI, se utilizó espectroscopía infrarroja (FTIR-ATR), unión a tioflavina T, digestión con proteínasa K y solubilización con cloruro de guanidinio (GndCl).
Resultados. Se alcanzaron biomasas máximas similares bajo ambas temperaturas de crecimiento. Sin embargo, a 34°C hubo un aumento de ~69% en la velocidad específica de crecimiento (0.90±0.07 h^{-1}) comparada con 30°C (0.53±0.01 h^{-1}). En ambos casos, la glucosa se consumió completamente y se acumuló ~6.0 g/L de acetato. rHuGM-CSF (~14 kDa) se expresó exclusivamente en los CI (**Fig. 1A y 1B**). GroEL se encontró en los CI durante todo el cultivo, mientras que DnaK aumentó su expresión después de las 5h de inducción. GroEs y DnaJ no se asociaron a los CI (**Fig. 1C y 1D**). Por FTIR-ATR, se encontró que el contenido de hélices α/random coil no varía significativamente entre los CI (**Fig. 2A**), mientras que a 30°C fue mayor el contenido de agregados amiloides que a 34°C (**Fig. 2B**).

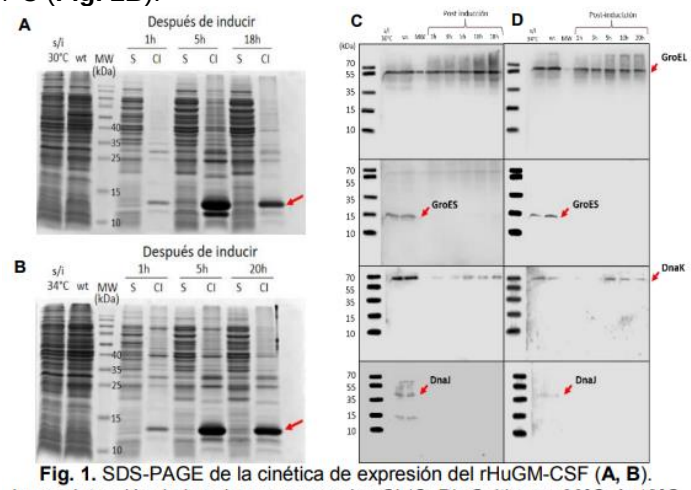


Fig. 1. SDS-PAGE de la cinética de expresión del rHuGM-CSF (**A, B**). Inmunodetección de las chaperonas en los CI (**C, D**). Cultivos a 30°C → 42°C (**A, C**) o 34°C → 42°C (**B, D**). Fracción soluble (S) y cuerpos de inclusión (CI). s/i: cepa sin inducir y wt: cepa silvestre.

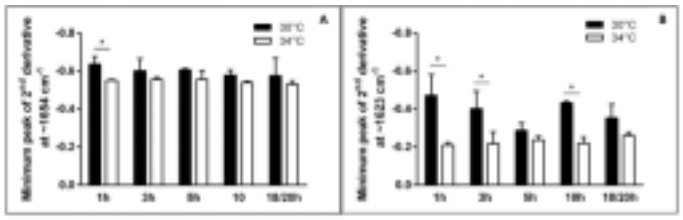


Fig. 2. Mínimos de la 2da derivada de los espectros obtenidos por FTIR ATR, correspondientes a hélices α/random coil (**A**) y agregados amiloides (**B**).

Conclusiones. En los cultivos a 34°C se acelera el crecimiento (mayor μ) en comparación con 30°C. La proteína rHuGM-CSF forma CI en cultivos de *E. coli* termoinducidos a 42°C, independientemente de la temperatura de crecimiento. Las chaperonas se asocian de manera diferencial a los agregados. A 30°C aumenta el contenido de agregados amiloides, con respecto a 34°C.

Agradecimiento. PAPIIT IT-200719, IN-208414 y beca CONACYT 589949

Bibliografía.

(1) Villaverde A *et al.* (1993) *Appl Environ Microbiol* 59(10):3485-3487
(2) Valdez-Cruz NA *et al.* (2010) *Microb Cell Fact* 9:18
(3) Guisbert E *et al.* (2004) *Genes Dev* 18(22):2812-2821
(4) De Marco A *et al.* (2019). *FEMS Microbiol Rev* 43(1):53-72
(5) Restrepo-Pineda S *et al.* (2019) *Cell Stress Chaperon* 24(4):777-792).

BIOSENSOR FLUORESCENTE DEL METABOLISMO AERÓBICO DE GLICEROL EN *Escherichia coli*

José Ignacio Rodríguez Ochoa, Luz María Martínez Mejía, Georgina Hernández-Chávez, José Utrilla Carreri, Guillermo Gosset Lagarda. Instituto de Biotecnología, UNAM. Depto. de Ingeniería celular y biocatálisis. Cuernavaca, 62210.
guillermo.gosset@ibt.unam.mx

Palabras clave: Biosensor, biología sintética, glicerol

Introducción. El glicerol es un subproducto de la producción de biodiesel y una fuente de carbono económica fermentable por el microorganismo *E. coli*. La utilización de glicerol en procesos para la producción de combustibles y compuestos químicos es de gran interés biotecnológico. En el presente trabajo se estudió la respuesta transcripcional de la secuencia promotora del gen *glpD* fusionado al gen de una proteína verde fluorescente de plegamiento rápido (*gfpmut2*) en glucosa, glicerol y en diferentes mezclas de glucosa glicerol. Con la fusión P*glpD::gfpmut2* se estudió el tiempo de consumo de diferentes concentraciones de glucosa desde 0.5 a 3 g/L y la magnitud de inducción al iniciar el consumo de glicerol, cultivando la cepa en mezclas de las diferentes concentraciones de glucosa más 10 g/L de glicerol.

Metodología. La cepa W3110 de *E. coli* fue transformada con el plásmido pUA66 P*glpD::gfpmut2* y cultivada en medio mínimo M9 adicionando 2 g/L glucosa o 10 g/L glicerol. Se realizaron cinéticas de crecimiento (OD_{600nm}) y fluorescencia (410nm/520nm) en microplacas de 96 pozos, en medio M9 con glucosa 2 g/L o glicerol 10 g/L, a partir del cultivo de glucosa o de glicerol. Además, a partir del cultivo de adaptación en glucosa, se realizaron cinéticas en mezclas de glucosa 0.5, 1, 1.5, 2, 2.5 y 3 g/L más 10 g/L de glicerol.

Resultados. Se observó la inducción de la fluorescencia únicamente cuando la cepa es cultivada en glicerol, y la represión cuando es cultivada en glucosa a partir del cultivo de adaptación en glicerol. Al cultivar la cepa en mezclas glucosa-glicerol, la fluorescencia se mantiene reprimida durante el tiempo de consumo de glucosa, y se observa un desfase en el tiempo de inducción de la fluorescencia de acuerdo con la concentración inicial de glucosa. La magnitud de la inducción disminuye conforme se incrementa la concentración inicial de glucosa, posiblemente por un menor consumo de glicerol. Considerando las concentraciones de glucosa inicial entre 0.5 a 2 g/L, se observa una correlación de R^2=0.98 entre la concentración inicial de glucosa con el tiempo de inducción. A través de esta correlación, se puede estimar el tiempo de consumo de diferentes concentraciones de glucosa, siendo aproximadamente de 1 hora por cada 0.5 g/L de glucosa.

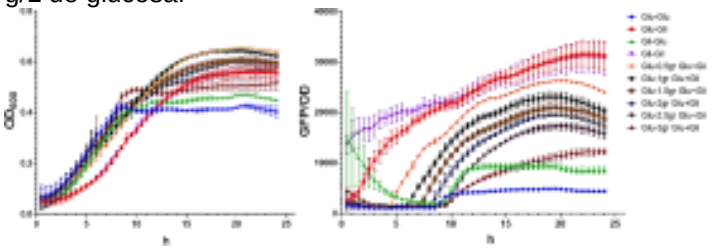


Fig. 1. Cinética de crecimiento y fluorescencia de la cepa W3110 con el plásmido pUA66 P*glpD::gfpmut2* en glucosa, glicerol y mezclas glucosa glicerol

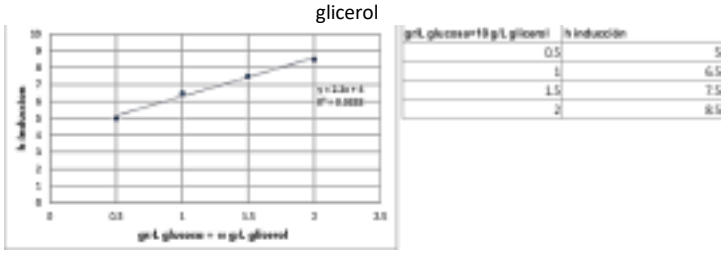


Fig 2. Correlación de la concentración de glucosa inicial y tiempo de inducción en diferentes mezclas glucosa-glicerol. Se considera como inducción un incremento de 2 veces GFP/OD vs. el cultivo en glucosa.

Conclusiones. Se determinó el tiempo del consumo de diferentes concentraciones de glucosa y la magnitud de inducción de la fusión al iniciar el consumo de glicerol en las mezclas glucosa-glicerol. Los resultados obtenidos demostraron que la secuencia promotora del gen *glpD* puede ser empleada como un sistema de expresión de genes al cultivarse en glicerol, y para un control dinámico al cultivarse en mezclas glucosa-glicerol. Se determinó que es posible definir el momento de inducción variando la relación glucosa-glicerol de una forma reproducible. El empleo de este promotor evita el uso de inductores químicos como el IPTG que aumentan el costo y contaminan el producto

Agradecimiento. Al donativo CONACyT A1-S-8646

Bibliografía.

1. Zaslaver A., Bren A., Ronen M., Itzkovitz S., Kikoin I., Shavit S., Liebermeister W., Surette M., Alon U. (2006). *Nature Methods*. Vol.3 No.8 pp. 623- 628
2. Martínez K., de Anda R., Hernández G., Escalante A., Gosset G., Ramírez O., Bolívar F. (2008). *Microbial Cell Factories* 2008, 7:1)).).

ESTUDIO Y CARACTERIZACIÓN DEL SISTEMA DE DOS COMPONENTES *SCO6162/SCO6163* PARA ELUCIDAR SU PARTICIPACIÓN EN LA REPRESIÓN CATABÓLICA POR CARBONO EN STREPTOMYCES *COELICOLOR*".

Rodrigo Cruz-Bautista, Beatriz Ruiz-Villafán y Sergio Sánchez
Departamento de Biología Molecular y Biotecnología Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Cd. de México CP. 04510 rodyac@outlook.com

Streptomyces, Represión Catabólica por Carbono, Sistemas de Dos Componentes.

Introducción. El género *Streptomyces* es conocido por su extraordinaria habilidad para producir una amplia gama de metabolitos secundarios con diversas funciones y que son empleados en la medicina e industria agroalimentaria. La producción de un gran número de estos metabolitos se ve reprimida por glucosa. A pesar de que el mecanismo de regulación por carbono (RCC) en bacterias Gram-negativas y Gram-positivas con bajo contenido de GC ha sido establecido desde hace tiempo, en el género *Streptomyces* continúa siendo poco claro. De acuerdo con un análisis transcriptómico que realizamos en *Streptomyces coelicolor*, bajo condiciones de represión por glucosa, se detectaron al menos 32 reguladores transcripcionales y cuatro sistemas de dos componentes (TCS) que fueron afectados en estas condiciones. Derivado de esto, se ha observado que deleciones en los genes de uno de estos TCS (*Δsco6162* y *Δsco6163*), muestran diferencias significativas con respecto a la cepa silvestre, aumentando la producción de los antibióticos undecilprodigiosina (RED) y actinorrodina (ACT) de cada mutante crecida en presencia de concentraciones represoras de glucosa. Esto soporta la participación de este TCS en la RCC ejercida por glucosa. Sin embargo, aún falta generar información que esclarezca cómo se lleva a cabo su participación en la RCC en este género.
El objetivo de este proyecto es identificar el mecanismo por el cual este Sistema de Dos Componentes (SCO6162/SCO6163) regula la producción de antibióticos y la utilización de otras fuentes de carbono.

Metodología. Mediante un análisis *in silico* del regulador de respuesta SCO6162, se realizará la predicción de sus genes blanco. La determinación de expresión de los reguladores maestros *ActII*-ORF4, para ACT, *red* y *redZ* para RED (1). Complementar las cepas mutantes mediante la integración cromosómica del gen silvestreen fusión con la etiqueta 3XFLAG en N-terminal (2). Posterior a su evaluación, se llevará a cabo un ensayo de ChIP-seq y mediante el análisis de las secuencias obtenidas permitirá identificar los genes blanco (3) para SCO6162. Mediante ensayos de EMSA se identificarán las secuencias blanco y se podrá determinar el motivo de unión al DNA. La histidina cinasa (SCO6163) será inmunoprecipitada y evaluada *in vitro* para detectar su fosforilación en presencia de glucosa y otros intermediarios de su metabolismo para poder establecer el estímulo que desencadena su actividad.

Resultados. Se ha realizado el análisis bioinformático para los genes blanco putativos de SCO6162. Se generaron tres probables motivos con base en secuencias ortólogas de su región promotora. Dentro de estas predicciones se incluyen promotores de genes involucrados en la síntesis de ACT. Además, se predijeron 60 genes blanco involucrados en el metabolismo secundario, en la regulación de otros factores transcripcionales (FT's) y en la utilización de fuentes de carbono.

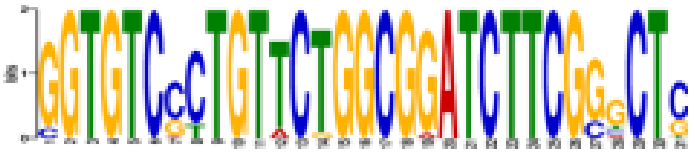


Fig. 1. Logo de uno de los motivos generados a partir de las regiones promotoras ortólogas para *sco6162* de *S. coelicolor* utilizando las herramientas *online* MEME y MAST. e-value=3.0E-321

Conclusiones. El análisis bioinformático arroja más evidencia sobre el papel de este TCS en la utilización de fuentes de carbono y síntesis de metabolitos secundarios. La regulación de otros FT's sugiere un papel que puede involucrar otros procesos.

Agradecimiento. Este proyecto se lleva a cabo gracias a la beca CONACyT No. 749494 y al soporte económico del CONACYT (A1-S-9143) y DGAPA, PAPIIT IN205519

Bibliografía.

1. Yin H, Wang W, Fan K y Li Z. (2019). *Sci China Life Sci*. 62(5):698-700.
2. Som NF, Heine D, Holmes N, Knowles F, Chandra G, Seipke RF, Hoskisson PA, Wilkinson B y Hutchings MI. *Microbiology.* (2017). 163(10):1415-1419.
3. Myers KS., Dan MP, Nicole AB y Patricia JK. (2015). *Methods* 86(1):80–88.

EFECTO DE LA LONGITUD DE ONDA Y DEL MEDIO DE CULTIVO PARA LA PRODUCCIÓN DE PIGMENTOS FOTOSINTÉTICOS A PARTIR DE UN CONSORCIO DE MICROALGAS ALCALÓFILAS PROVENIENTE DEL EX LAGO DE TEXCOCO

Karina Mera-Viveros, Alejandro Téllez-Jurado, Rocío Ramírez-Vargas. Laboratorio de Aprovechamiento Integral de Recursos Bióticos. Universidad Politécnica de Pachuca, Zempoala, Hgo., C.P. 43830.
karinamera@micorreo.upp.edu.mx.

Palabras clave: Longitud de onda, pigmentos fotosintéticos, microalgas

Introducción. Las microalgas son de gran interés biotecnológico, su cultivo depende de diversos factores como el medio de cultivo, la luz, el pH, entre otros. Al ser organismos fotosintéticos, la luz es una de las condiciones más importantes. La cinética de crecimiento y producción de pigmentos fotosintéticos (PF) puede verse afectada por el fotoperiodo aplicado, la intensidad y la longitud de onda de la luz incidente (1). Del mismo modo, los macronutrientes (carbono, nitrógeno, fosforó y magnesio) así como los micronutrientes (manganeso, hierro y cobre) presentes en el medio de cultivo pueden afectar el crecimiento y la generación de algún producto (2). El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la longitud de onda y del medio de cultivo sobre la producción de pigmentos fotosintéticos y el crecimiento de un consorcio de microalgas alcalófilo (CMA) a través de estudios cinéticos para la posterior optimización.

Metodología. Se identificó microscópicamente el CMA proveniente del ex Lago de Texcoco utilizando la clave taxonómica de Bellinger y Sigee en el 2005. El efecto de la longitud de onda y del medio de cultivo se determinó realizando cinéticas de crecimiento con tres medios diferentes (M1, M2 y M3) y luz a dos longitudes de onda (400 nm y 700 nm). La determinación de biomasa se realizó siguiendo la técnica de peso seco (4) y la cuantificación de PF utilizando la técnica adaptada por Corzo Piñeros y colaboradores durante el 2019.

Resultados. La observación microscópica permitió identificar 6 géneros diferentes de microalgas (Figura 1). En la Figura 2 se muestran las cinéticas de crecimiento para los tres medios y las dos longitudes de onda probadas. Los datos experimentales fueron ajustados al modelo logístico para calcular la velocidad máxima específica de crecimiento (μmax) bajo cada condición de cultivo probada.

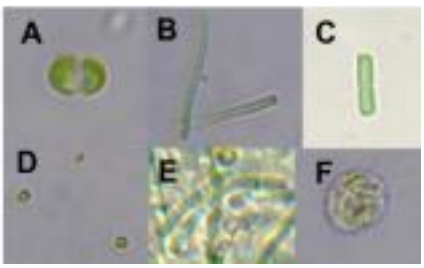


Figura 1. Morfología microscópica de las microalgas identificadas. A) *Chroococcus sp.,* B) *Spirulina sp*, C) *Nitzschia sp.*, D) *Microcystis sp.*, E) *Pseudanabaena sp.*y F) *Picochlorum sp*

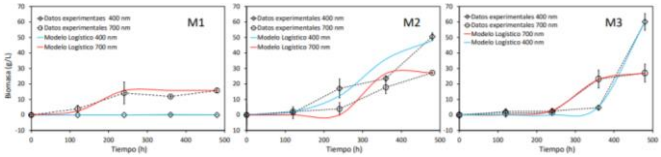


Figura 2. Cinéticas de crecimiento del CMA y ajuste al Modelo Logístico para los medios de cultivo y para las longitudes de onda probadas.

Las concentraciones de los PF pueden verse en la Tabla 1.

Tabla 1. Valores máximos registrados para la producción de pigmentos fotosintéticos con el CMA a una longitud de onda de 400 nm y 700 nm.

Longitud de onda: 400 nm			
	M1	**M2**	**M3**
Clorofila *a* (μg/mL)	0.000 ± 0.000	0.385 ±0.330	0.250 ± 0.040
Clorofila *b* (μg/mL)	0.186 ± 0.153	0.000 ± 0.000	0.731 ± 0.025
Carotenos (μg/mL)	0.061 ± 0.027	0.352 ± 0.053	0.000 ± 0.000
Longitud de onda: 700 nm			
	M1	**M2**	**M3**
Clorofila *a* (μg/mL)	0.000 ± 0.000	0.581 ± 0.095	0.461 ± 0.401
Clorofila *b* (μg/mL)	0.340 ±0.033	0.472 ± 0.088	0.558 ± 0.013
Carotenos (μg/mL)	0.091 ± 0.027	0.200 ± 0.156	0.254 ± 0.027

Conclusiones. Los géneros de microalgas identificados presentan potencial para la producción de PF. Los valores más altos de μmax se alcanzaron en el M3 a 400 nm y en el M2 a 700 nm, siendo de 1.1318 ± 0.9827 h^{-1} y 0.5394 ± 0.4138 h^{-1} respectivamente. La mayor producción de clorofila a se presentó en el M2 a 700 nm (0.581 ± 0.095 μg/mL), la de clorofila b se presentó en el M3 a 400 nm (0.731 ± 0.025 μg/mL) y la de carotenoides en el M2 a 400 nm (0.352 ± 0.053 μg/mL).

Agradecimiento. A CONACYT por la beca de maestría otorgada, CVU: 1009612.

Bibliografía.

1. Álvarez, P. (2018). Influencia de la luz sobre la producción y la composición de la biomasa microalgal de Spirulina platensis LMPA55.
2. Álvarez, J. (2012). Cultivo de microalgas (Chlorella sorokiniana) con iluminación mediante LEDs (Light Emitting Diodes). 3. Bellinger, E. G., & Sigee, D. C. (2015). FRESHWATER ALGAE. Identification, enumeration and use as bioindicators (Second).
4. American Public Health Association (APHA) (2005). American Water Works Association – Awwa; Water Pollution Control Federation - Wpcf. Standard methods for the examination of water and waste water. 22th ed. Washington DC.
5. Corzo Piñeros, R. J., Manrique Ruíz, I. G., Sandoval Herrera, J. A., & Rubio Fernández, D. (2019). Evaluación de carotenoides y lípidos en la microalga Scenedesmus dimorphus a escala laboratorio. Revista Mutis, 9(1), 20–28. https://doi.org/10.21789/22561498.1471.

CANTIDAD E IDENTIDAD; LA DANZA DE DOS VARIABLES EN EL TRANSPORTE DE α GLUCÓSIDOS DE *Saccharomyces pastorianus*.

César I. Hernández-Vásquez[1], Jorge H. García-García[1], Esmeralda R. Pérez-Ortega[2], Daniel Villarreal García[2], Luis C. Damas-Buenrostro[2], Benito Pereyra-Alférez[1]. Instituto de Biotecnología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. Pedro de Alba y Manuel L. Barragán. Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, N. L[1], CP 66455 México. Heineken México. Alfonso Reyes S/N, Industrial, 64410 Monterrey, N. L[2].
Correspondencia: bpereyra@gmail.com; benito.pereyraal@uanl.edu.mx.

Palabras clave: Transporte, maltosa, maltotriosa.

Introducción. La industria cervecera representa un importante papel en la economía nacional y mundial. En 2018, la producción mundial resultó en 191.1 millones de kilo litros y en ese mismo año México reportó un incremento del 8.8% respecto al año anterior. La cerveza lager es elaborada con *Saccharomyces pastorianus* (*S. p*) Las levaduras lager tipo I, presentan deficiencias en el consumo de maltotriosa, carbohidrato fermentable de suma importancia en la industria cervecera, mientras que las levaduras del grupo II exponen un consumo eficiente. Las principales variables vinculadas con este fenotipo son; i) condiciones de fermentación (1), ii) presencia de transportadores de maltotriosa, ii) variación en el número de copias de los transportadores de maltosa y maltotriosa (2) y v) regulación genética diferencial (3). En este trabajo se aborda el problema de los fenotipos diferenciales en el consumo de maltosa y maltotriosa en dos levaduras *S. p*, con la integración de datos genómicos, transcriptómicos y bioquímicos relacionados con los transportadores. Con estos enfoques tratamos de demostrar que la principal diferencia en los fenotipos diferenciales de consumo de maltosa y maltotriosa está dada por diferencias en sus patrones de expresión genética.

Metodología. Utilizamos datos genómicos (4) y transcriptómicos (5) generados previamente para realizar la búsqueda de los genes transportadores y los análisis de expresión. Construimos una base de datos con secuencias de transportadores para el análisis filogenético de los transportadores. Luego, una caracterización bioquímica de la tasa de transporte de maltosa y maltotriosa para cada cepa fue realizada como se expone previamente (6).

Resultados. Observamos tres principales eventos; i) en las mismas condiciones de cultivo, la levadura Sp-II presentó una mayor tasa de transporte para maltosa y maltotriosa, 282.73 nmol $min^{-1}g^{-1}$ y 183.82 nmol $min^{-1}g^{-1}$, respectivamente. Mientras que la cepa Sp-I exhibió una tasa de transporte de 202.33 nmol $min^{-1}mg^{-1}$ para la maltosa y 124.23 nmol $min^{-1}g^{-1}$ para la maltotriosa; ii) mediante análisis filogenético nos percatamos que la cepa Sp-II presenta en su genoma y transcriptoma el gen *MTY*1, reportado como un transportador específico para la maltotriosa y iii) los patrones de expresión de los genes *MAL*x1, *AGT*1, *MPH*x, *MTY*1, presentaron mayor nivel de expresión en la cepa Sp-II en comparación con la cepa Sp-I (**Figura** 1).

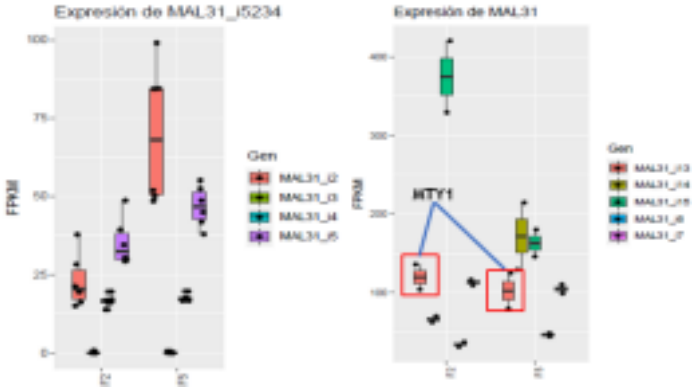


Fig. 1. Niveles de expresión en FPKM de los transportadores de maltosa MAL31 y maltotriosa de ambas cepas. El recuadro rojo resalta el gen *MTY*1 encontrado en la cepa Sp-II. Derecha cepa Sp-I e izq. Cepa Sp-II

Conclusiones. Las variables como la presencia de genes transportadores específicos para maltotriosa y los niveles de expresión genética están involucrados en el consumo diferencial de maltosa y maltotriosa en dos cepas de *S. p*. Además, es posible descartar las condiciones de fermentación como un factor que afecta dicho fenotipo en nuestras cepas de estudio.

Agradecimiento. Al CONACYT por el apoyo financiero a través del proyecto "*Optimización del proceso cervecero a partir del conocimiento generado en estudios de análisis de genómica funcional en levaduras y maltas*" con clave 179496.

Bibliografía.

1. Day RE, Rogers PJ, Dawes IW, Higgins VJ. (2002). Molecular analysis of maltotriose transport and utilization by Saccharomyces cerevisiae. Appl Environ Microbiol. 68(11):5326–35.

2. Magalhães F, Vidgren V, Ruohonen L, Gibson B. (2016). Maltose and maltotriose utilisation by group I strains of the hybrid lager yeast Saccharomyces pastorianus. *FEMS Yeast Res*. 16(5):1–11.

3.Vidgren V, Kankainen M, Londesborough J, Ruohonen L. (2011). Identification of regulatory elements in the AGT1 promoter of ale and lager strains of brewer's yeast. *Yeast*.28(8):579–94.

4. De León-Medina PM, Elizondo-González R, Damas-Buenrostro LC, Geertman JM, Van den Broek M, Galán-Wong LJ, et al. (2016). Genome annotation of a Saccharomyces sp. lager brewer's yeast. *Genomics Data*.9:25–9.

5. Hernández-Vásquez César I. (2020). Análisis del transcriptoma, basado en RNA-seq, de una levadura cervecera tipo lager en fermentación a nivel industrial y laboratorio. Tesis de maestría. [citado el 24 de Julio 2021]. Disponible en: http://eprints.uanl.mx/21059/1/1080314869.pdf

6. Hollatz C, Stambuk BU. (2001). Colorimetric determination of active α glucoside transport in S. cerevisiae. *J. Microbiol. Met*. 46(3):253–259.).

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN BIOQUIMICA Y MOLECULAR DE BIFIDOBACTERIAS DEL TRACTO GASTROINTESTINAL DE NEONATOS

Raquel González Vázquez[1], Lino Mayorga Reyes[2], Pedro Reyes-Castillo[2], Martha Leyte Lugo[1], Alejandro Azaola Espinosa[2].
[1]CONACYT-Universidad Autónoma Metropolitana unidad Xochimilco, Departamento de Sistemas Biológicos, Laboratorio de Biotecnología.[2] Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco, Departamento de Sistemas Biológicos, Laboratorio de Biotecnología. Ciudad de México C.P. 1100. [3]

Palabras clave: Bifidobacterias, sales biliares, antibióticos

Introducción. Las Bifidobacterias son miembros comunes del tracto gastro intestinal (TGI) que aportan beneficios para la salud, son abundantes en lactantes alimentados con leche materna. *Bifidobacterium. pseudocatenulatum* tiene efectos benéficos en colitis, modula la microbiota intestinal y bloquea la producción de citocinas proinflamatorias (1). En individuos con dietas obeso-génicas algunas bifidobacterias pueden reducir la pérdida de masa y densidad ósea asociada a dicha dieta (2). Se ha reportado el potencial de *B. longum* en la reducción de marcadores específicos de la obesidad y su habilidad inmunomoduladora (3). El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar bioquímica y molecularmente bifidobacterias del TGI de neonatos alimentados con leche materna.

Metodología. Se utilizó medio TPY adicionado con Litio y propionato de sodio en condiciones anaeróbicas para el aislamiento. Se extrajo y purificó el ADN utilizando el kit Wizard (Promega). El genoma completo se determinó por secuenciación PacBio el en IMR (Universidad Dalhousie) utilizando un análisis Pokka (4). La tolerancia a sales biliares (oxgal), la resistencia a antibióticos y la evaluación del efecto antimicrobiano fueron determinadas (5).

Resultados. Las cepas aisladas fueron identificadas como *Bifidobacterium pseudocatenulatum* y *Bifidobacterium longum* (**Fig. 1**). Los datos genómicos obtenidos se muestran en la tabla 1.

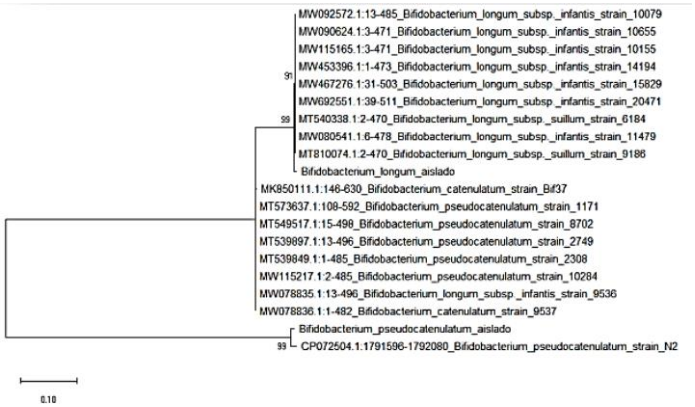


Fig. 1. Distancias filogenéticas de *B. pseudocatenulatum* y *B. longum* aislados del tracto gastrointestinal

Tabla 1. Identidad nucleotídica de las cepas aisladas

	B. pseudocatenulatum	*B. longum*
Longitud total (pb)	2,369,863	2,287,838
Adenina	516,630	459,855
Citocina	673,042	686,351
Guanina	668,301	686351
Tiamina	511,890	455,280
Contenido de GC (%)	56.6	60

Con respecto a las tolerancia a sales biliares *B. longum* toleró hasta 0.3% de oxgal y *B. pseudocatenulatum* hasta 0.5%. Ninguna cepa mostró capacidad de inhibición de *E. coli* O157:H7 y *S. typhi* ATCC 14028. La tabla 2 se muestra la resistencia de las cepas aisladas a la presencia de diferentes antibióticos.

Tabla 2. Sensibilidad y Resistencia de las cepas a antibióticos

Antibiótico	*B. pseudocatenulatum*	*B. longum*	*B. bb12*
Vancomicina	S	S	S
Ampicilina	R	R	R
SXT	S	S	S
Gentamicina	S	S	S
Dicloxacilina	S	R	R
Cefalotina	R	S	R
Clindamicina	S	S	S
Eritromicina	S	S	S
Penicilina	S	S	S
Tetraciclina	S	S	R
Cefotaxima	S	S	S
Ciprofloxacina	S	S	R

Trimetoprima- sulfametoxazol (SXT). S= sensible; R=resistente. Control=*B. bb*12

Conclusiones. Se aisló y caracterizó bioquímica y molecularmente a *Bifidobacterium pseudocatenulatum* y *Bifidobacterium longum* del TGI de neonatos capaces de crecer en sales biliares lo cual podría estar asociado a un potencial probiótico, por lo que se requiere de una caracterización más profunda.

Agradecimiento. Al programa de apoyo a la investigación implementado por el Rector UAM (X)

Bibliografía.

1. Chen Y, Yang B, Stanton C, Ross RP, Zhao J, Zhang H, Chen W. (2021). J Agric Food Chem. 69 (5): 1496-1512.
2. Fernández-Murga l, Olivares M, Sanz Y.(2020).Bone. 141:115580.
3. Sharma M, Wasan A, Sharma Rk. (2021). Food Biosci. 41:100993,
4. Seemann T. 2014. Bioinform. 15(14):2068-9.
5.González-Vázquez R, Azaola-Espinosa, Mayorga-Reyes L. (2015). Probiotics & Antimicro. Prot. 7:242–248

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS HOMOLÁCTICAS FRUCTANOLÍTICAS DE *AGAVE SALMIANA*

Diego Gallardo Martínez[+], Dra. Alma Elizabeth Cruz Guerrero[+], Dr. Gustavo Viniegra González[+] y Dr. Jorge Gustavo Rocha Estrada* [+]Universidad Autónoma Metropolitana Departamento de Biotecnología, CDMX 09350, *Conacyt-CIAD Unidad Regional Hidalgo, Pachuca 42163.
dgvm1338@gmail.com

Fructanos, bacterias ácido-lácticas, agave

Introducción. En este trabajo se pretende aislar bacterias epifíticas del agave pulquero (*Agave salmiana*) que sean homolácticas y fructanolíticas, con altos rendimientos de ácido láctico. *A. salmiana* generalmente se cultiva en forma intercalada (metepantle) con la milpa (maíz, frijol, calabazas y arvenses) y su savia o jugo (aguamiel) es utilizado para la producción de la bebida fermentada llamada pulque. Los fructanos, forman el 80% de la materia seca de la biomasa y la fermentación de las hojas desfibradas, puede producir un forraje fermentado (ensilaje) para alimentar al ganado rumiante (Gschalerdle.2017). Sin embargo, poco se conoce del microbiota epifítica del agave y podría ser la fuente de nuevos microorganismos homolácticos de posible uso industrial.

Metodología. Se aislaron en una parcela de Tomatlán, Tlaxcala, muestras de frotis o diluciones de: la raspadura (metzal) del centro de la piña, aguamiel y frotis de la hoja de un agave pulquero en explotación. Se aislaron 260 colonias de las siembras por estría en medio sólido MRS (g/L: CHO 20, extracto de carne, 10; peptona, 10; ext. levadura, 5; con sales minerales), siendo CHO: glucosa o fructanos de origen industrial. Se seleccionaron las colonias con el fenotipo fermentativo en fructanos y negativas para gas con la campana de Durham (Gas+/-. Donde + indica presencia de burbuja gas en la campana y – ausencia.). Se seleccionaron las colonias con mayores halos en un medio de verde de bromocresol, y analizaron, en matraces agitados, los perfiles de fermentación se estudiaron mediante cromatografía HPLC. A las bacterias Gram +, con mayor rendimiento láctico se les aisló el segmento 16S de su ADN que se mandó secuenciar a Langebio. (Escalante *et al.2004).* Las secuencias de los fragmentos 16S fueron alineadas usando los programas Chromas pro y se compararon con: Ribosomal Database Project (RDP) y Basic Local Alignment Search Tool (Blast).

Resultados.

a) Datos microbiológicos: De las 260 colonias crecidas con glucosa MRS, 247 (95%) crecieron con fructanos y de ellas, 60, presentaron halos apreciables de acidez (23%). De estas, 24 fueron heterofermentadoras (Gas+, 40%) y 36 homofermentadoras (Gas-, 60%). De las últimas, sólo 15 produjeron, en medio líquido, un viraje intenso con el indicador. Todas fueron Gram positivas.

b) Datos bioquímicos: Los perfiles bioquímicos de las 5 mejores cepas se muestran en la Fig. 1. Sólo la cepa DG2 mostró una elevada conversión fructanolítica (75%) en relación con la producción de 20 g/L de ácido láctico con glucosa. Aunque la cepa DG5 si tuvo una actividad fructanolítica elevada, pero con solo 5 g/L de ácido láctico.

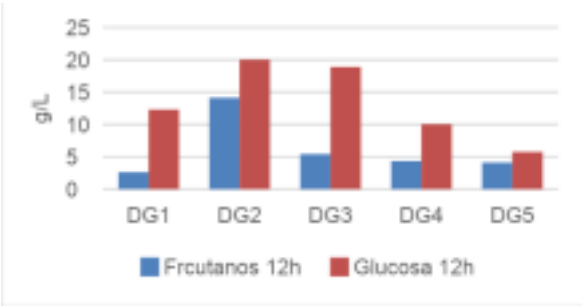


Fig. 1. Producción de ácido láctico en medio MRS con glucosa o fructanos como principal fuente de carbono a las 12h.

Los alineamientos arrojaron como resultado que las cepas DG1, DG2, DG3 y DG4, son del género *Enterococcus* y DG5 es del género *Lacticaseibacillus*; Entre las cepas de baja producción (no mostradas en la Fig. 1) DG6, DG7 y DG8, son del género *Enterococcus* y DG9 pertenece al género *Bacillus*.

Conclusiones: En el microbiota epifítica de *A. salmiana* abundan las bacterias lácticas fructanolíticas homolácticas, pertenecientes a los géneros *Enterococcus, Lacticaseibacillus y Bacillus*. Estos resultados sugieren que dicho microbiota epifítica es peculiar para *A. salmiana* (Blajman.2018)

Bibliografía:

1. Gschalerdler Mathis A. (2017). Aprovechamiento sustentable de residuos y subproductos. *En Panorama del aprovechamiento de los Agaves en México.* CIATEJ. México. pag:215-240
2. Escalante A, Rodríguez ME, Martínez A, López-Munguía A, Bolívar F, Gosset G. Characterization of bacterial diversity in pulque, a traditional Mexican alcoholic fermented beverage, as determined by 16S rDNA analysis. FEMS Microbiol Lett. 2004 Jun 15;235(2):273-9
3. Blajman J. E, Páez R.B., Vinderola C.G., Lingua M.S., Signorini M.L.. (2018). *Journal of applied microbiology*. Volumen (125): pag 1655-1669).

).

EVALUACIÓN DE CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* MODIFICADAS GENÉTICAMENTE PARA PRODUCIR LA PROTEÍNA ADHESIVA MRCP-19K DEL PERCEBE *MEGABALANUS ROSA.*

Gustavo Zamudio-Cortés [1], Luz Maria Martínez-Mejía [2], Guillermo Gosset-Lagarda [2], José Campos-Terán [3], Andrea Sabido-Ramos [3]

[1]Licenciatura en Ingeniería Biológica. Universidad Autónoma Metropolitana, Ciudad de México, 05348. [2]Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología Cuernavaca, 62210. [3]Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Ciudad de México, 05348.
Correo electrónico: gustavozamudio96@gmail.com

Palabras clave: Bioadhesivos, proteínas recombinantes, ingeniería genética.

Introducción. Los adhesivos convencionales son sintetizados por procesos químicos basados en compuestos tóxicos y algunos compuestos orgánicos volátiles, derivados de fuentes no renovables como el petróleo (1). Es por esto que ha surgido un gran interés en los adhesivos de origen biológico (bioadhesivos) como reemplazo a los provenientes de fuentes fósiles.

Se han identificado organismos como los percebes que excretan proteínas "cemento" por medio de las cuales se unen a superficies (2). Por esta razón la expresión de este tipo de proteínas de manera recombinante en *Escherichia coli*, resulta una estrategia viable para la potencial producción de esta proteína adhesiva. En este proyecto se clonó la secuencia de la proteína Mrcp-19k del percebe *Megabalanus rosa* en un sistema de secreción de proteínas hacia la membrana exterior con el fin de conferir propiedades adhesivas a las cepas de *Escherichia coli* modificadas con esta proteína.

Metodología. Para ubicar a la proteína adhesiva Mrcp19k en la membrana externa de las células, se utilizó el plásmido pAg43pol (3), el cual contiene el sistema de secreción Ag43, que consta de una unidad de translocación (UT), la proteína que se desea transportar y un péptido señal. *Obtención de proteínas de membrana*. El tratamiento se realizó utilizando el método propuesto por Maurer et al. (1997) para obtener las proteínas totales de la membrana de las células.

Resultados. Se comprobó la presencia de la proteína Mrcp-19k en la membrana de las cepas modificadas por medio de un gel de proteínas SDS-PAGE, observándose un peso de 79, 280 Da, que corresponde a la proteína Mrcp-19k y a la UT (Fig. 1). Este fragmento no se observa en las cepas control (pAg43pol). En la Fig. 2. se muestra la comparación entre una cepa con la proteína adhesiva y sus controles, evaluadas en condiciones de agitación y sin agitación. Se puede observar que existen células adheridas a la superficie de vidrio, sin embargo, las cepas con la proteína adhesiva muestran agrupaciones bien definidas y de mayor tamaño que las cepas control.

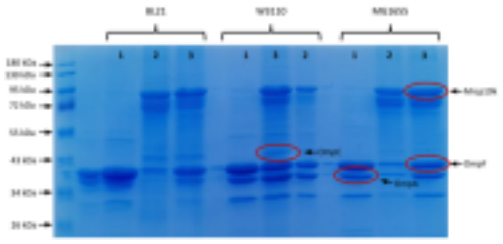


Fig. 1. Gel SDS-PAGE 1: Cepa control (pAg43), 2: Cepa transformada (pAg43Mrcp19k) tratada con tripsina, 3: Cepa transformada (pAg43Mrcp19k) sin tripsina. Entre cada cepa se dejó un carril libre para una mejor identificación.

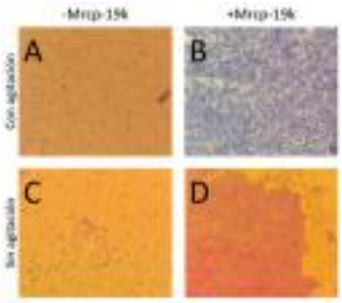


Fig. 2. Microscopía de contraste a 40x (A): MG1655/pAg43pol, (B): MG1655/pAg43Mrcp19k, (C): MG1655/pAg43pol, (D): MG1655/pAg43Mrcp19k.

Conclusiones. Se identificaron las proteínas de membrana externa junto con la proteína Mrcp-19k en las cepas recombinantes. Por otra parte, utilizando microscopía de contraste se pudo comprobar que todas las cepas que expresan la proteína adhesiva presentan mayor adhesión al vidrio con respecto a sus controles, siendo la cepa MG1655/pAg43Mrcp-19k la que mostró la mayor adhesión.

Bibliografía.

1. Ferdosian, F., Pan, Z., Gao, G., & Zhao, B. (2017). *Polymers*, 9(2):70.
2. Hennebert, E., Maldonado, B., Ladurner, P., Flammang, P., & Santos, R. (2015). *Interface focus*, 5(1), 20140064.
3. Muñoz-Gutiérrez, I., Oropeza, R., Gosset, G., & Martinez, A. (2012). *Journal of industrial microbiology & biotechnology*, 39(8), 1141–1152.

EVOLUCIÓN ADAPTATIVA DE *Clavispora lusitaniae* CDBB-L-2031 PARA ACELERAR EL CONSUMO DE XILOSA

Erika Alfayuset Ochoa Chacón[a], David Guzmán Hernández[a], Ana Ramos Valdivia[a], Alfredo Martínez[b], Teresa Ponce Noyola[a].
[a]Cinvestav, Departamento de Biotecnología, Ciudad de México, 07360. [b]Instituto de Biotecnología UNAM, Cuernavaca, Morelos, 62210.
Correo: erika.ochoa@cinvestav.mx

Palabras clave: xilosa, evolución, velocidad de consumo.

Introducción. La xilosa es el segundo azúcar más abundante en la biomasa lignocelulósica (1). En el contexto de la obtención de bioproductos como el etanol y el xilitol a partir de esta biomasa, es de suma importancia que esta pentosa sea utilizada más eficientemente para hacer rentable el proceso de producción (2). *Clavispora lusitaniae* es una levadura nativa de México, aislada de mostos de mezcal. Esta levadura posee la capacidad de producir etanol a partir de glucosa y celobiosa, y produce xilitol a partir de xilosa (3,4). El consumo de xilosa por parte de *C. lusitaniae* es lento en comparación al de la glucosa. El objetivo de este trabajo fue obtener una cepa evolucionada de *C. lusitaniae* con una mayor velocidad de consumo de xilosa.

Metodología. La evolución de *C. lusitaniae* se llevó a cabo en medio mínimo Breus (MMB) (0.5 g/L extracto de levadura, 1 g/L $(NH_4)_2SO_4$, 0.05 g/L $MgSO_4$) con combinaciones crecientes de xilosa y glucosa hasta alcanzar la relación 2:1. Después de aproximadamente 30 generaciones se aislaron las cepas evolucionadas y se realizaron cinéticas de crecimiento en matraces Erlenmeyer de 1 L conteniendo 250 mL MMB con relación 2:1 de xilosa:glucosa (MMB+XG) a 30 °C y 150 rpm durante 48 h. Las cinéticas se realizaron con la cepa nativa y 3 cepas evolucionadas de la levadura. El consumo de sustrato fue medido por medio de la técnica de DNS (5). En todos los casos la DO inicial fue de 5 U a 660nm.

Resultados. El consumo de azúcares entre la cepa silvestre de *C. lusitaniae* y las cepas Clu_Ev1, Clu_Ev2 y Clu_Ev3 fue muy similar hasta las 12 h en MMB+XG, en condiciones aerobias. Tras este tiempo, las cepas Clu_Ev1, Clu_Ev2 y Clu_Ev3 consumieron más azúcares en comparación a la cepa control, logrando una diferencia de al menos 5 g/L de azúcares consumidos a las 48 h (**Figura 1**).

Adicionalmente, se llevó a cabo el análisis estadístico de las velocidades específicas de consumo de sustrato (q_s), para discernir si existían cambios significativos en este parámetro (**Tabla 1**). Este análisis demostró que si existen diferencias significativas entre las q_s en los intervalos de 12 a 48 h y en el consumo global de 0 a 48 h en comparación con la cepa nativa de *C. lusitaniae*. Demostrando así que tras el proceso de evolución se lograron obtener cepas de C. *lusitaniae* con mayor velocidad de consumo de sustrato de al menos dos veces mayor respecto a la cepa control.

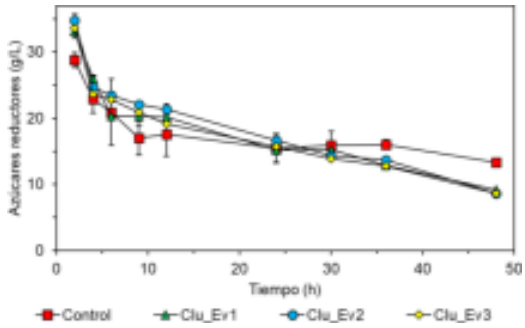


Figura 1. Consumo de sustrato por *C. lusitaniae* cepa silvestre y las cepas evolucionadas en MMB+XG 2:1.

Tabla 1. Velocidades específicas de consumo de sustrato (q_s[a]) de *C. lusitaniae* control y cepas evolucionadas.

Cepa	0 – 12 h	12 – 48 h	0 – 48 h
Control	0.695 ± 0.1	0.066 ± 0.0	0.099 ± 0.0
Clu_Ev1	1.357 ± 0.4	0.258 ± 0.0*	0.244 ± 0.1*
Clu_Ev2	1.270 ± 0.2	0.266 ± 0.0*	0.239 ± 0.0*
Clu_Ev3	1.325 ± 0.1	0.259 ± 0.1*	0.244 ± 0.0*

[a]q_s ($g_{sustrato}/g_{biomasa}$*h)

*Diferencias significativas determinadas con ANOVA de una vía con un valor $p \leq 0.05$.

De acuerdo con observaciones previas en el grupo de trabajo, cuando *C. lusitaniae* está en un medio de cultivo con glucosa y xilosa, opta por consumir primero la glucosa y tras un tiempo de adaptación, consume la xilosa. Por lo anterior, se presume que la q_s de esta pentosa fue la que aumentó.

Conclusiones. El proceso de evolución adaptativa en aerobiosis en MMB con xilosa y glucosa aumentó en promedio 2 veces la velocidad específica de consumo de sustrato en *C. lusitaniae.*

Agradecimiento. EAOCH es becaria de CONACyT, CVU 784763.

Bibliografía.

(1) Komesu A, Oliveira J, Moreira J, Delloso E… da Silva Martins L. (2020). Xylose fermentation to bioethanol production using genetic engineering microorganisms. En: *Genetic and Metabolic Engineering for Improved Biofuel Production from Lignocellulosic Biomass.* pp143-154.
(2) Ko J & Lee S. (2018). *Curr Opin Biotechnol*. 50:72-80.
(3) Kumar A, Parikh B, Shah E, Liu L, Cotta. (2016). *Biocatal Agric Biotechnol*. 7:14-23.
(4) Ochoa-Chacón E. (2018). Caracterización de la β-glucosidasa de *C. lusitaniae*. Tesis de maestría. Cinvestav.
(5) Miller G. *Anal Chem*. 31:426-428.

PERFIL TRANSCRIPTOMICO DE UNA CEPA MUTANTE DE *Geobacter sulfurreducens* CON AUMENTO EN LA REDUCCIÓN DE Fe(III), FORMACIÓN DE BIOPELÍCULA Y PRODUCCIÓN DE BIOELECTRICIDAD

Juan Bernardo Jaramillo Rodríguez, Alberto Hernández Eligio, Katy Juárez López. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 2001. Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México.
katy.juarez@ibt.unam.mx

Palabras clave: Geobacter, GSU1771, Regulador transcripcional

Introducción. *Geobacter sulfurreducens* es una bacteria que acopla la oxidación de compuestos orgánicos a un proceso de transferencia extracelular de electrones (TEE) usando óxidos metálicos como aceptores de electrones (Fe(III) y Mn(IV), así como algunos compuestos orgánicos (1). Debido a esto, *G. sulfurreducens* tiene un enorme potencial biotecnológico en la generación de bioelectricidad en celdas microbianas de combustible y biorremediación de agua o suelos contaminados con metales pesados o hidrocarburos (1). En la TEE están involucrados un repertorio de citocromos tipo-*c* y un pili tipo IV que funciona como nanocable (1). En un trabajo previo se observó que una cepa de *G. sulfurreducens* con el gen *gsu1771* deletado se incrementa la reducción de Fe(III) y produce una biopelícula más gruesa y electroconductiva, además de que aumenta la producción del pili, así como de algunos citocromos tipo-*c* (2).
El objetivo de este trabajo fue determinar la respuesta transcriptómica global de la cepa mutante Δ*GSU1771* en condiciones de formación de biopelícula.

Metodología. Se creció a *G. sulfurreducens* WT y la cepa mutante *Δgsu1771* en medio NBAF en condiciones anaerobias (3) dentro de botellas de vidrio a 25 °C por 48 horas. Posteriormente, se realizó extracción de ARN de las biopelículas, el cual se procesó para realizar RNA seq y obtener el transcriproma (4). El análisis de datos se realizó mediante el programa en línea IDEAMEX (http://www.uusmb.unam.mx/ideamex/) eligiendo los genes diferencialmente expresados (DE) con un "p value" < 0.05 y un "Log fold change" > 1.5 en 4 métodos (edgeR, DESeq2, limma–voom y NOISeq). La anotación genómica se realizó usando la base de datos del KEGG (4). Finalmente se seleccionaron algunos genes DE y se validaron por RT-qPCR.

Resultados. En perfil transcriptómico de la cepa mutante Δ*GSU1771* en condiciones de formación de biopelícula mostró que 467 genes se encuentran DE en los 4 métodos estadísticos usados. De los 467 genes DE, 167 presentaron regulación positiva y 300 regulación negativa (Fig. 1). Entre los genes con regulación positiva, destacan aquellos involucrados en la producción de exopolisacáridos, transporte y metabolismo energético.
Los genes DE se agruparon en 15 categorías funcionales (Fig. 1). Para validar y corroborar el estudio de RNA-Seq se realizó RT-qPCR. Dentro de los genes regulados positivamente se seleccionaron: *epsH, gsu0972*, *hybA, pgcA, omcM aroG, panC, gnfK y gsu2507* y, del grupo de genes con regulación negativa se seleccionaron: *acnA, ato-I, gsu0810, dcuB, pilA, ppcD, csrA y gsu3356.* Los resultados obtenidos en la RT-qPCR confirman lo observado en el transcriptoma.

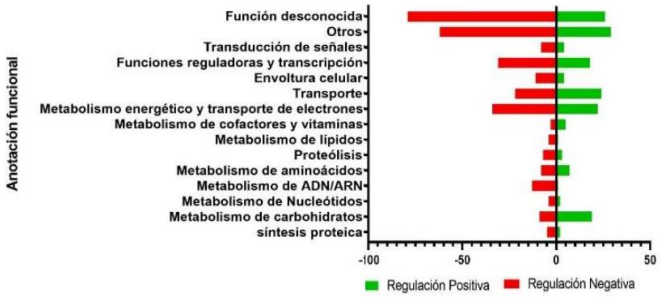


Fig. 1. Categorias funcionales que agrupan los genes DE en la cepa mutante ΔGSU1771. Gráfica generada en "GraphPad Prism 8"

Conclusiones. GSU1771 es un regulador transcripcional global que modula al menos 467 genes, en su mayoría actuando como regulador positivo. Dentro de los genes con regulación positiva encontramos aquellos que favorecen la formación de biopelícula y la TEE. Los resultados de RT-qPCR concuerdan con lo observado en el transcriptoma, por lo que los datos son confiables.

Agradecimiento. CONACyT CB255476.

Bibliografía.

1. Reguera G, Kashefi K. (2019). *Adv Microb Physiol.* 74, 1-96.
2. Hernández-Eligio A, Huerta-Miranda G, Martínez Bahena S, Castrejón-López D, Miranda-Hernández M, Juárez K. 2021. En preparación.
3. Coppi MV, Leang C, Sandler SJ, Lovley DR. (2001). *Appl Environ Microbiol*. 67, 3180-3187.
4. Hernandez-Eligio A, Pat-Espadas AM, Vega-Alvarado L, Huerta-Amparan M, Cervantes FJ, Juarez K. (2020). *Appl Microbiol Biotechnol*. 104, 4059-4069.

SELECCIÓN DE MICROORGANISMOS PRODUCTORES DE EXOPOLISACÁRIDOS.

Lorena Pedraza [1], Ruth Pedroza[1], Karina Maldonado[1],Manuel Kirchmayr [2]
1 Universidad Iberoamericana Ciudad de México, Departamento de Ingeniería Química, Industrial y de Alimentos. Prolongación Paseo de Reforma 880, Lomas de Santa Fe, México, C.P. 01219, Ciudad de México. P4000. 2 Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Unidad de Biotecnología Industrial. Camino Arenero #1227. El Bajío del Arenal. Zapopan, Jalisco. México, C.P. 45019
lorena.pedraza@ibero.mx

Palabras clave: Exopolisacáridos, Biopelícula, Bacillus.

Introducción. El uso de hidrocoloides en la industria alimentaria, farmacéutica, cosmética y la química radica en su variedad de funciones para mejorar las características de los productos. Dentro de los hidrocoloides, hay un grupo de polisacáridos denominados gomas, que son macromoléculas complejas polielectrolíticas, con propiedades de textura, estabilizantes, emulsionantes, gelificantes e incluso para sustituir grasas. Las fuentes principales de gomas son vegetales y solo unas pocas, a partir de microorganismos. No obstante, las gomas producidas como exopolisacáridos de microorganismos muestran algunas propiedades superiores a las de origen vegetal, de ahí el interés por buscar microorganismos productores a partir de diversas fuentes (1,2) Por el área que representan los mares, los microorganismos de este origen son un potencial importante para la producción de exopolisacáridos. Estos microorganismos crecen en condiciones de alta presión osmótica, bajas temperaturas e incluso en limitación de nutrimentos y son algunas de estas características lo que hace que sea factible la producción, ya sea de homo o heteropolisacáridos a partir de ellos, una vez que han sido aislados, identificados y seleccionados (3). El objetivo de este trabajo es identificar las cepas marinas productoras de EPS de forma preliminar, para posteriormente evaluar su desempeño en matraz y fermentador.

Metodología. El screening de microorganismos se llevó a cabo en el medio ASW el cual contiene en g/L (5.94 MgSO4, 4.53 MgCl2, 0.64 KCl, 1.3 CaCl2, 5 YE, 35 NaCl) y se dejaron en incubación 24 horas. Una vez obtenidos los microorganismos formadores de películas se realizaron pruebas en medio líquido con la misma formulación sin agar, se dejaron 20 horas a 250 rpm y 30°C y se realizó la extracción de los EPS con etanol. Se realizaron pruebas adicionales donde se observó la formación de una biopelícula en la parte superior, en ASW con diferentes concentraciones de glucosa (16, 8 y 4 g/L); se utilizó de la misma forma el medio YPD y el medio Triptona-Glucosa-YE, el cual contiene en g/L (5 Triptona, 1 K2HPO4, 1 Glucosa); en todos los medios se observó la formación de la biopelícula desde la hora 8.

Resultados. Los microorganismos tienen diferentes capacidades para formar biopelículas y EPS dependiendo de su origen y del medio de cultivo como se ve en la figura 1, los pozos que además de crecimiento presentaron una película en la parte superior son los que tienen una coloración blanca-beige. En caja, las colonias formadoras de EPS tienen apariencia mucoide, sin la consistencia sólida de otras bacterias.

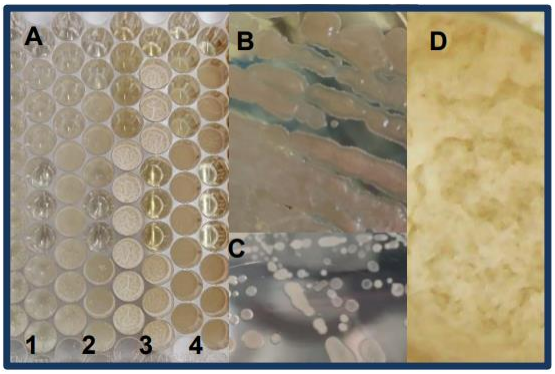


Fig. 1. (A) Formación de biopelícula en medio líquido, ASW (1), ASW sin sal (2) YPD (3), TGY (4), (B) Colonia mucoide de *B. velezensis* YPD (C) Colonia mucoide de *B. velezensis* ASW, (D) biopelícula en medio líquido YPD.

Conclusiones. La presencia de glucosa en el medio de cultivo fue uno de los principales factores para la producción de EPS en las cepas estudiadas, además de su origen (marino o terrestre), ya que no todas las cepas de una misma especie se comportan de la misma forma en la producción de biopelículas e incluso en algunos medios no se observó este fenómeno. A partir de estos resultados se está estudiando su comportamiento en matraz, para caracterizar a los EPS producidos.

Bibliografía.

1.Subair, H. (2015). Procedia Food Science, 3, 74-81.
2. Rühmann, B., Schmid, J., & Sieber, V. (2015). Carbohydrate polymers, 122, 212-220.
3. Chaudhari, R., Hajoori, M., Suthar, M., Desai, S., & Bharthana-Vesu, S. (2017). Biosci Discov, 8, 643-9.

ACTINOMICETOS: AGENTES DE CONTROL BIOLÓGICO DE INSECTOS VECTORES Y BACTERIAS PATÓGENAS

Daniela Cerda Apresa, María Guadalupe Maldonado Blanco, Katiushka Arévalo Niño, Verónica Almaguer Cantú, Ma Guadalupe Rojas Verde, Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Cd. Universitaria, C. P.
guadalupe.rojasvrd@uanl.edu.mx .

Palabras clave: Enzimas hidrolíticas, gen PKS1, actividad antibacteriana.

Introducción. Los microorganismos son una fuente inagotable de compuestos de alto valor aplicables en diversas áreas, médica, agrícola,de alimentos, entre otras por la capacidad de producir compuestos antiparasitarios, potenciadores del crecimiento de plantas, enzimas hidrolíticas, etc. Dentro de estos se encuentran los actinomicetos, bacterias grampositivas, filamentosas (presentan pseudomicelio), ampliamente distribuidas en ambientes terrestres y acuáticos (1). En los últimos años los actinomicetos se han colocado como candidatos para ser empleados en el ataque de insectos transmisores de enfermedades virales (ejemplo, Aedes aegypti) (2), sin embargo, evaluar al total de aislados nativos resulta costoso y poco práctico, por lo cual es necesario establecer un mecanismo de preselección (3). Detectar el gen PKS1 en actinomicetos aislados de diversas regiones y evaluar su actividad antimicrobiana.

Metodología. Los actinomicetos fueron activados en agar avena por 5 días a 30°C. La actividad antimicrobiana se realizó por doble capa sembrando los actinomicetos (fragmento) en Mueller Hinton, después de 5 días se agregó en doble capa del mismo agar con cada una de las diferentes bacterias evaluadas (concentración de 1X108 cel/mL) y se incubo a 37°C por 24 h. Para la detección del gen PKS1 se realizó la extracción por la técnica de una colonia y se hizo la pcr a las condiciones sugeridas para los oligos empleados, así como una electroforesis en gel de agarosa para visualizar el amplicón.

Resultados. Del total de actinomicetos aislados, en 42 se evaluó la actividad antimicrobiana. Se determinó que cuatro tuvieron un efecto inhibitorio contra S. aureus, S. enteritidis, S. Typhimurium y K. pneumoniae (Figura 1). Siendo la cepa CHI30 (Aislada de Chiapas), el actinomiceto capaz de inhibir al total de bacterias evaluadas, así como presentar la mayor inhibición contra S. Typhimurium (3.5 cm de diámetro), Adicional a ello, es capaz de producir diferentes enzimas hidrolíticas como quitinasa, lipasa, proteasa y esterasa. Por otro lado, en 19 actinomicetos se detectó el gen PKS1 (Figura 2).

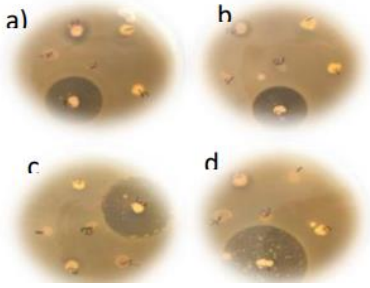


Fig. 1. Evaluación de la actividad antimicrobiana de CHI30 contra bacterias patógenas. a) *S. aureus*, b) *S. enteritidis*, c) *K. pneumoniae*, d) *S. Typhimurium*

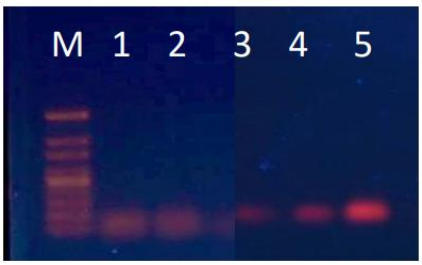


Fig. 2. Amplicones obtenidos en electroforesis en agarosa al 1.5 %. M, marcador. 1, CHI29, 2, CHI30, 3, CHI46. 4, CHI61. 5, CHI63

Conclusiones. La capacidad que presentan los actinomicetos para inhibir bacterias patógenas, el presentar enzimas hidrolíticas como las quitinasa, proteasas y lipasas, así como la presencia del gen PKS1 señalan que al menos CHI30 puede ser empleado como agente de control biológico contra insectos en particular Aedes aegypti, vector transmisor de enfermedades virales de gran importancia médica.

Bibliografía.

1. Sharma V., Salwan R. 2018. Biocontrol potential and applications of actinobacteria in agriculture.In New and Future Developments in New and future developments in microbial biotechnology and bioengineering. Pratap S. B, Kumar G. S., Kumar P. G (Ed). Elsevier. Holanda. 93-108.
2. Hitzenhammer E. 2019. YPR2 is a regulatof og light modulated carbon and secondary metabolism in Trichoderma reesei. BMC Genomics 20(211):1.14
3. Charousová, I. 2019. Antimicrobial activity of actinomycetes and characterization of actinomycinproducing strain krg-1 isolated from Karoo, South Africa. Brazilian J. Pharm. Scie. 55(7249): 1-11

MICROORGANISMOS PROMOTORES DEL CRECIMIENTO: ACTINOMICETOS

Daniela Cerda Apresa, Itzeel Rosalina Ramírez Hernández, Katiushka Arévalo Niño, Verónica Almaguer Cantú, Ma Guadalupe Rojas Verde, Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Cd. Universitaria, C. P.
guadalupe.rojasvrd@uanl.edu.mx

Palabras clave: Actinomicetos, enzimas hidrolíticas, promotores del crecimiento

Introducción. El uso de fertilizantes químicos y herbicidas ha conducido a la generación de contaminación del suelo, el agua y el ambiente en general, así como el incremento en costos de producción y efecto nocivo para la salud de mamíferos (1). Los biofertilizantes elaborados con microorganismos permiten el crecimiento de la planta, aportando nutrientes necesarios al convertir compuestos complejos en nutrientes simples, la producción de hormonas que generan la proliferación de raíces. Los actinomicetos son bacterias presentes en suelo, gram positivas capaces de degradar la materia orgánica, promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), fijadoras de nitrógeno, solubilizadoras de fosfatos y productoras de sideróforos (2).

Debido a esto, se evaluó la capacidad de actinomicetos nativos de producir enzimas hidrolíticas, IAA (ácido indol acético), producción de amonio y la solubilización de fosfatos, aislados de diversas regiones de México y Canadá.

Metodología. Los actinomicetos se reactivaron en agar avena. Las enzimas hidrolíticas se determinaron empleando los sustratos específicos para cada fin: quitina, CMC, caseína y almidón para quitinasa, celulasa, proteasa y amilasa, respectivamente. Para la producción de amonio se empleo el método descrito por Lara, et. al. (3). Finalmente, la solubilización de fosfatos se empleo el medio de Pikovskaya.

Resultados. De los 26 actinomicetos evaluados, 1% fueron positivos a proteasa, 59% a quitinasa, mientras que el 100% fueron positivos para CMCasa y amilasa (Figura 1)

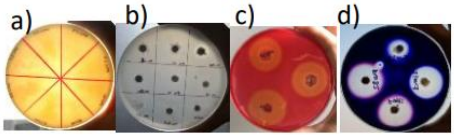


Fig. 1. Actividad enzimática de a) proteasa, b) quitinasa, c) CMCasa y d)amilasa de los actinomicetos alisados.

Con respecto a la fijación de nitrógeno, siete actinomicetos exhibieron un cambio en el color a los 3 días de crecimiento, aunque 22 fueron capaces de crecer en esas condiciones, mientras que cuatro fueron incapaces de desarrollarse (Figura 2).

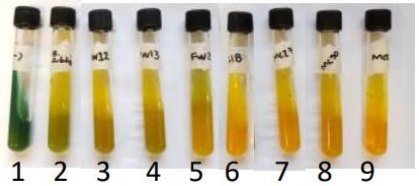


Fig. 2. Fijación de nitrógeno. 1) control negativo 2) Control positivo, *B. subtilis* del 3 al 9, actinomicetos nativos de diferentes regiones.

Por otro lado, la producción de amonio fue variable, siendo los aislados de Mexicali (51) y de Chiapas (CHI143), los que mostraron una mayor intensidad (Figura 3). Por último, la fijación de nitrógeno, 13 actinomicetos presentaron una degradación del medio, siendo los aislados de Canadá, Mexicali y Chiapas (datos no mostrados).

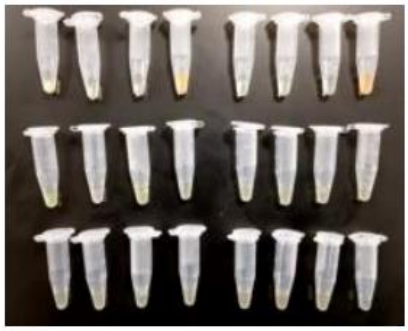


Fig. 3. Producción de amonio. Color amarillo (-), color rojo (+). Orden de izquierda a derecha: Primera fila: MC34, MC37, MC38, MC39, MC40, MC47, MC50 y MC51. Segunda fila: *Bacillus subtilis, Pseudomonas aeruginosa,* CHI43, FW11, FW12, FW13, FW32 y FW40. Tercera fila: MC18, MC19, MC22, MC2vo5, MC26, MC27, MC28 Y MC30.

Conclusiones. Los actinomicetos son capaces de producir una amplia gama de metabolitos, los que los coloca como una alternativa para ser empleados en diversas áreas. Dentro de la que puede destacar su uso como bioefertilizantes, en particular los aislados de Mexicali, Baja California, específicamente MC51, ya que esta cepa es capaz de producir no solo enzimas hidrolíticas como proteasas, quitinasas, CMCasas y amilasas, sino también es buen fijador de nitrógeno y productor de amonio.

Bibliografía.

1. Kumar P, Kumawat, Kumar Y. (2017). Role of biofertilizers in agricultura. Popular Kheti. 5(4):63-66.
2 Franco C. M. (2008). Utilización de los actinomicetos en procesos de biofertilización. *Rev. Peruana Biol.* 16(2):239-242.
3.Lara M. C, Oviedo Zumaqué L. e., Betancur Hurtado C. A. (2011). Bacterias nativas con potencial en la producción de ácido indol acético para mejorar los pastos. *Zootecnia tropical.* 29(2): 187-194.

PRODUCCION DE CUTINASAS EN Pichia pastoris: DIFERENCIAS DE COMPORTAMIENTO ENTRE CEPAS HOSPEDERAS.

Andrea Sabido, Montserrat Tagle, Krystel León, José Augusto Castro y Amelia Farrés. Departamento de Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química, UNAM, 04510 Ciudad de México
farres@unam.mx.

Palabras clave: Pichia pastoris, cutinasas, expresión heteróloga.

Introducción. Las cutinasas han adquirido relevancia en la última década por diversas aplicaciones, particularmente en la degradación de poliésteres. El sistema cutinolítico de *Aspergillus nidulans* ha sido descrito (1) y dos de sus componentes presentan potencial para la degradación de poliésteres (2). Uno de los retos para lograr su explotación es contar con un sistema eficiente de producción.
Pichia pastoris es una levadura ampliamente utilizada en la producción heteróloga de proteínas eucariotes. En primera instancia, se empleó como hospedera la cepa X33 y como vector el plásmido pPICZα, que contiene dos promotores aox inducibles por metanol. En ese trabajo se pretende explorar si el uso de las cepas denominadas Mut^s puede ofrecer ventajas en la producción de las proteínas de interés. Estas cepas, como la KM71H, sólo contienen un promotor aox y tienen una utilización más lenta de metanol. Se comparan los resultados para dos enzimas, ANCUT1 y ANCUT3, en diferentes condiciones de inductor e inóculo.

Metodología. Se sintetizaron los genes de interés optimizando el uso de codones para *Pichia pastoris* Las clonas criopreservadas fueron propagadas en medio YPD, de acuerdo a las recomendaciones del proveedor (Thermofisher) y se emplearon para propagación en matraces de 250 mL con agitación de 300 rpm, 29 °C, medio BMGY, durante 72 h. La actividad esterasa fue evaluada espectrofotométricamente con p-nitrofenil acetato (3) y la cuantificación de proteína se realizó por el método de Bradford.

Resultados.

Metanol	Actividad volumétrica ANCUT 1	Actividad volumétrica ANCUT 3
0.5%	188	131
1.0%	182	157
1.5%	80	204
3.0%	80	113

Tabla 1. Actividad presentada por las clonas ANCUT 1 y ANCUT 3 en las cepas Pichia pastoris KM71H. Determinaciones por triplicado.

Conclusiones. Los niveles de actividad alcanzada son mayores cuando se emplea la cepa X33 como hospedera, independientemente del nivel de inóculo. En esa cepa, la mayor producción se alcanza en la Clona ANCUT1 con 3% de metanol, mientras que cuando se usa la KM71H el valor mayor se logra a la concentración más baja de metanol.

Metanol(%)	ANCUT 1	ANCUT 3
0.5	744	97
1.5	567	97
3.0	1867	84

Tabla 2. Actividad volumétrica (u/Ml) obtenida por las clonas de ANCUT1 y ANCUT3 expresadas en *Pichia pastoris* X33

Nivel de inóculo (%)	ANCUT1	ANCUT3
0.1	99	114
0.5	188	110
1.0	179	116
2.0	99	189

Tabla 3. Actividad volumétrica (U/Ml) obtenida por las clonas de ANCUT1y ANCUT 3 expresadas en *Pichia pastoris* KM71H ante diferentes niveles de inóculo.

La actividad de ANCUT 3 es mayor a 1.5% de metanol en la cepa Mut^s y no presenta diferencia significativa cuando se usa X33. Ambas cepas requieren de diferente nivel de inóculo para alcanzar la máxima producción. Se debe explorar el papel de la secuencia genética en la respuesta al nivel de inductor. Ambas cepas requieren de diferente nivel de inóculo para alcanzar la máxima producción.

Agradecimiento. PAPIIT UNAM IT203128, IT201921 y PAIP Facultad de Química 9000-9095. AS recibió beca posdoctoral DGAPA.

Bibliografía

1. Bermúdez-García E, Peña-Montes C, Martins I, País J, Silva Pereira C, Sánchez S, Farrés A. 2019. Regulation of the cutinases expressed by *Aspergillus nidulans* and evaluation of their role in cutin degradation" Appl Microbiol Biotechnol. 103:3863-3874.
2. Farrés, A. Peña Montes, C., Hernández, E., Morales, S., Sánchez, M. y Solís, I. (2021). Cutinasas recombinantes de *Aspergillus nidulans* para degradación de poliésteres solicitud MX/a/2016/006869 y WPO 2017204615A2. Otorgada, 21 enero 2021 Título 3800946.
3. Del Monte-Martínez A, González-Bacerio J, Aragón-Abreu C, Palomo-Carmona JM, Guisán-Seijas JM, Díaz-Brito J. (2012). Selective and oriented immobilization of (phospho)lipases from the Caribbean Sea anemone Stichodactyla helianthus by interfacial adsorption. Rev CENIC Cienc Biol.43, 3-8.

NANOENSAMBLAJES SUPRAMOLECULARES PARA CAPTURA DE ANTICUERPOS EN EL DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS.

Juan Patiño Cárdenas & Luz María López Marín, Centro de Física Aplicada y Tecnología Avanzada, Universidad Nacional Autónoma de México, UNAM Campus Juriquilla, 76230 Querétaro, México
juanpatino@comunidad.unam.mx.

Palabras clave: tuberculosis, antígeno, diacil trealosa.

Introducción. Actualmente la tuberculosis es la principal causa de muerte debido a un agente infeccioso, con casos y muertes con aumentos anuales previstos para los próximos años [1]. La detección temprana de esta enfermedad permitirá una pronta aplicación de tratamiento y de las medidas cautelares para evitar su transmisión y propagación. Entre los antígenos más prometedores para el serodiagnóstico de la tuberculosis destacan los compuestos lipídicos, abundantes en *Mycobacterium tuberculosis*, el agente causal de la enfermedad [2]; sin embargo, este tipo de antígenos ha sido desatendido debido a su carácter lipofílico.
El objetivo de este trabajo es el despliegue del lípido diacil trealosa, antígeno específico para diagnóstico de la tuberculosis, en un formato coloidal. En este trabajo se presentará el diseño y resultados preliminares de este estudio.

Metodología. El antígeno será obtenido a partir de un extracto orgánico de células de micobacterias, y su estructura confirmada mediante técnicas químicas (reacciones específicas e identificación de componentes), movilidad cromatográfica, y espectrometría de masas. Dado su carácter anfipático, el antígeno será desplegado en liposomas. Para ello, vesículas de múltiples capas serán preparadas por el método de deshidratación/rehidratación, usando mezclas de fosfatidilcolina, colesterol y dodecanotiol. Enseguida, se obtendrán vesículas monocapa mediante extrusión. Finalmente, se evaluará la estabilidad de las estructuras obtenidas, así como su capacidad para la captura de anticuerpos específicos. Para ello, los liposomas serán inmovilizados sobre una superficie metálica conductora, y la presencia de reacciones antígeno-anticuerpo será monitoreada.

Resultados. Se discutirán las bases del trabajo, incluyendo la pertinencia del desarrollo de métodos rápidos para el diagnóstico de tuberculosis y la selección del antígeno, así como las oportunidades que la ciencia e ingeniería de materiales brinda para el rescate de moléculas bioactivas de difícil manejo en medios acuosos.

Conclusiones. La reciente emergencia de la lipidómica es decir del estudio integral de los lípidos de una célula u organismo, ha puesto en relevancia la importancia de estos compuestos en el área de la biomedicina. El uso de la nanotecnología y de la ciencia de materiales hace posible el desarrollo de estrategias para el monitoreo o la explotación de lípidos bioactivos. En este trabajo se discute y se presenta la elaboración de un sistema coloidal como una nueva plataforma diagnóstica de la tuberculosis.
Agradecimiento. Este trabajo es apoyado por Becas Nacional (Tradicional) 2020–2, Conacyt con Clave: 2020- 000026-02NACF y el Programa de Apoyo a los Estudios de Posgrado (PAEP) 2021.

Bibliografía.

1. Comella-del-Barrio P., De Souza-Galvão M., Prat Aymerich C., Domínguez J. (2021). *Arch Bronconeumol.* 57(S2): 5-6.
2. Steingart K., Dendukuri N. Henry M. Schiller I., Nahid P., Hopewell P., Ramsay A., Pai M., Laal S. (2009). *Clin. Vaccine Immunol.* 16(2): 260-2766.

EVALUACIÓN DE *Bacillus* sp. PARA EL CONTROL DE ENFERMEDADES EN POSCOSECHA DE AGUACATE HASS

Lorena María López Lujan [1], Cristina Calle Henao[1], Maria Paulina Montoya Vargas[1], Juan Carlos Bedoya Perez [2], Sinar David Granada García [1], 1. Unidad de Fitosanidad y Control Biológico, Corporación para Investigaciones Biológicas (UFCB)- CIB, Medellín Colombia, 2. Facultad de Ciencias de la Salud. Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Medellín Colombia
lomlopezlu@unal.edu.co

Palabras clave: Bacillus sp., aguacate Hass, patógenos poscosecha

Introducción. La comercialización de aguacate colombiano se ha visto limitada por problemas fitosanitarios que se manifiestan en poscosecha (1). El control de estas enfermedades se realiza empleando prochloraz (2). A pesar de esto, la industria intenta reducir el uso de fungicidas teniendo en cuenta su efecto adverso sobre la salud humana y el ambiente (3). El control biológico representa una alternativa para combatir patógenos de aguacate. En este trabajo, se evaluó el potencial de *Bacillus sp.* para proteger frutos de aguacate Hass frente infección por patógenos en poscosecha.

Metodología. Se emplearon bacterias y hongos patógenos de aguacate de la colección de la UFCB. Se seleccionaron bacterias antagonistas por enfrentamientos duales. Luego, se evaluó su eficacia in vivo para controlar lesiones en frutos infectados con patógenos. Se determinaron parámetros de crecimiento y fuentes de carbono/nitrógeno óptimas para favorecer producción celular y endosporas empleando la metodología de optimización "Un factor a la vez".

Resultados. Se seleccionó el aislamiento HOB008-290 *Bacillus sp.* por su eficacia en la protección de frutos en poscosecha (Fig 1). En fermentación sumergida se logró una producción de $5x10^9$ cel/mL y $2x10^{10}$endosporas viables/mL. Se seleccionaron sacarosa y caseína hidrolizada de soya como fuentes de carbono y nitrógeno adecuadas para favorecer la producción de células y endosporas (Fig 2, 3).

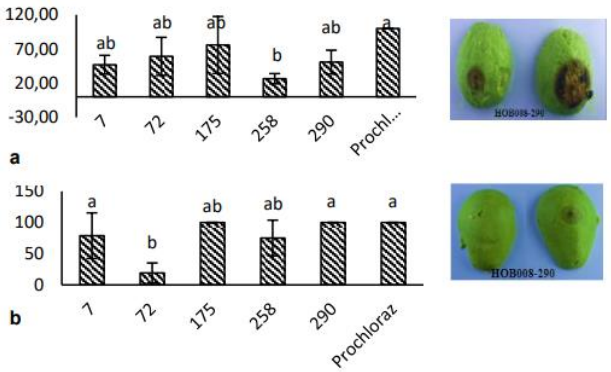


Fig 1. Porcentaje de protección de los aislamientos bacterianos frente al desarrollo del patógeno poscosecha a) C. gloeosporioides y b) L. sojae.

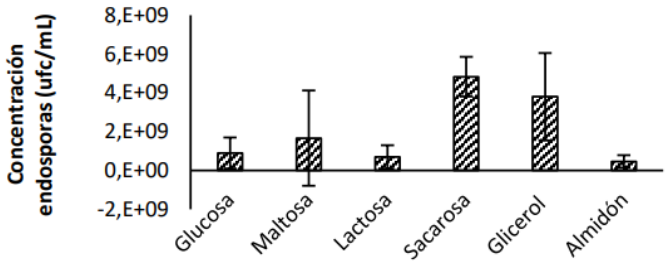


Fig 2. Efecto de la adición de diferentes suplementos de carbono a la fermentación en estado líquido sobre la producción de endosporas por el aislamiento *Bacillus sp*. HOB008-290.

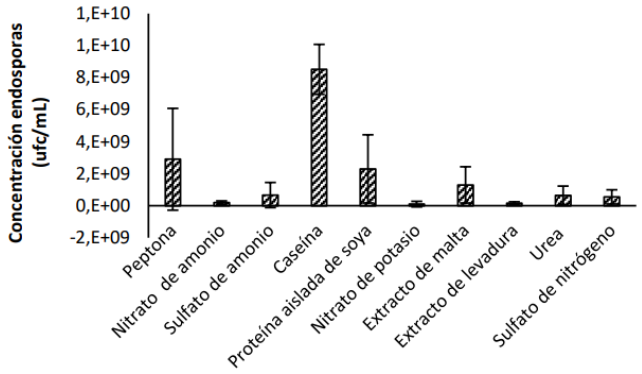


Fig 3. Efecto de la adición de diferentes suplementos de nitrógeno a la fermentación en estado líquido sobre la producción de endosporas por el aislamiento *Bacillus sp.* HOB008-290

Conclusiones. Estos resultados demuestran el potencial de aislamientos *Bacillus sp.* nativos de aguacate para conservar la calidad del fruto en poscosecha, representando un recurso viable para el desarrollo de productos que puedan ser articulados a los procesos de plantas empacadoras de aguacate.

Agradecimiento. A las instituciones participantes: Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, CIB y COLCIENCIAS, Jardines Sierra, ASPROAGRICOL, Green West.

Bibliografía.

1. Maftoonazad, N. et al. (2007). Carbohydr. Polym. Vol. 68, no. 2, p. 341–349. 2. Korsten, et al. (1993). Diseases Biological Control of Avocado p 65–69.
3. Obianom, C. et al. (2019). Postharvest Biol. Technol. Vol. 147, p. 214–221
4. Granada, D. et al. (2020). J Integr Agric. 2020. Vol. 19, no. 3, p. 748–758.

CUPREDOXINAS DE PARED CELULAR DE HONGOS FILAMENTOSOS: DEMOSTRACIÓN DE SU LOCALIZACIÓN E INDAGACIÓN DE SU PAPEL BIOLÓGICO

Jesús Urbar-Ulloa, Elizabeth Chavira-Espinoza, Alejandro Pereira-Santana, Jorge Verdín, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, Biotecnología Industrial, Zapopan 45019,
jeurbar_al@ciatej.edu.mx

Palabras clave: cupredoxina, Neurospora, pared celular

Introducción. La indagación *in silico* de la composición proteómica de la pared celular de hongos filamentos lignocelulolíticos condujo a la identificación de una cupredoxina (CuRDX) en *Neurospora crassa* que cuenta con las señales necesarias (péptido señal, GPI-señal, ausencia de regiones transmembranales, [Ser/Thr] >21%) para potencialmente residir en la pared celular. Además, estudios transcriptómicos señalan un aumento significativo en la expresión del gen que la codifica (NCU04496) en un estado de inanición[1] o en presencia de sustratos lignocelulósicos[2] con respecto a sacarosa como sustrato, sugiriendo una correlación entre la expresión de esta proteína y algún proceso relacionado con la alimentación. La presencia de esta proteína en la pared celular de *N. crassa* abriría la posibilidad de que esta estructura cuente con funciones sin precedentes como la ligninólisis. Por lo tanto, el presente trabajo tiene como objetivo la verificación *in vivo* de la localización de CuRDX en la pared celular de *N. crassa* además de rastrear su evolución y su posible papel biológico mediante técnicas bioinformáticas.

Metodología. La verificación de la localización *in vivo de CuRDX* se realizó mediante las fusiones *curdx-1* (Pccg1::*curdx::v5::gfp)* y *curdx-2* (Pccg1::*ps::gfp::v5::curdx)* de *curdx* con *gfp* para posteriormente ser incorporado al genoma de *N. crassa* mediante recombinación homóloga[3]. Las cepas transformantes y *curdx-knock-out* fueron analizadas *a posteriori* mediante microscopía confocal de fluorescencia y con experimentos de crecimiento radial y conteo de hifas. Para indagar en su evolución se elaboró una reconstrucción filogenética y análisis sinténico utilizando una base de datos con 521 proteomas fúngicos de donde se obtuvieron los ortólogos de CuRDX, quienes fueron filtrados en función a las señales pertinentes para residir en la pared celular de hongos filamentosos.

Resultados. De la estrategia *in silico* para la indagación de su proceso evolutivo y su papel biológico se obtuvieron los ortólogos de CuRDX con las señales necesarias para residir en la pared celular, en su mayoría pertenecientes a hongos filamentosos de las divisiones *Ascomycota* y *Basidiomycota*, encontrándose ausentes hongos levaduriformes como *Ustilagomycetes* y *Saccharomycetes*. Enseguida se realizaron dos reconstrucciones filogenéticas basadas en la proteína completa y en su dominio funcional: mientras que la reconstrucción filogenética basada en la proteína completa muestra una conservación en función de la *División,* aquella basada en el dominio funcional se divide en cuatro clados alternados entre *ascomicetos* y *basidiomicetos*. Esta diferencia podría significar que, mientras las cupredoxinas han evolucionado de manera paralela en función de su *División*, los dominios funcionales conservan características en común, quizás asociado a su función biológica. Por otro lado, el análisis sinténico muestra 16 clados *Clase-específicos fortaleciendo* la hipótesis acerca de una reducción sinténica debido a factores como la transferencia lateral o la reproducción asexual[4]. En relación a las cepas transformantes generadas, aquella que expresa la fusión *curdx-1* mostró fluorescencia en vacuolas dentro de las hifas sugiriendo que las modificaciones post-traduccionales derivadas de la GPI señal siguen la misma ruta de las proteínas de pared celular de hongos levadurifomes. Por otra parte, la fusión *curdx-2* tuvo una señal de fluorescencia ausente en su análisis por microscopía, posiblemente debido a interacciones oxidantes indeseadas entre CuRDX y GFP. Los análisis de crecimiento radial mostraron un crecimiento 3 veces más rápido de cepa de *N. crassa* expresando la fusión *curdx-2* con respecto al resto de cepas, mientras que la cepa *curdx-1* y *knock-out* mostraron una etapa de adaptación prolongada con respecto al resto y un menor crecimiento final de la cepa con la fusión curdx-*1*. Finalmente el conteo de hifas mostró una ramificación significativamente mayor por parte de la cepa *curdx-1* con respecto al resto.

Conclusiones. Los resultados obtenidos tanto en la estrategia in *silico* como *in vivo* muestran que CuRDX de *N. crassa* tiene un impacto directo en la morfología de las hifas y su capacidad de ramificación soportando la hipótesis de una pared celular fúngica funcionalizada, ya sea en la degradación de lignocelulosa o en su crecimiento y elongación.

Agradecimiento. Este trabajo contó con el apoyo económico del fondo SENER-CONACYT “Sustentabilidad energética” (proyecto 245750)

Bibliografía.

1. Wang B., Li J., Gao J., Cai P., Han X., Tian C. (2017). Biotechnol Biofuels. 10: 17.
2. Wu V., Thieme N., Huberman L., Dietschmann A., Kowbel D., Lee J., Calhoun S., Singan V., Lipzen A., Xiong Y., Monti R., Blow M., O’Malley R., Grigoriev I., Benz J., Glass L. (2020). *PNAS.* 117 (11): 6003-6013.
3. Sharan S., Thomason L., Kuznetsov S., Court D. (2009). *Nat. Protoc*. 4, 206–223.
4. Hane J., Rouxel T., Houlett B., Kema G., Goodwin S., Oliver R. (2011). *Genome Biol.* 12 (5): R45.



Área X

Bioingeniería y fermentaciones

Contenido

DINÁMICA FISICOQUÍMICA Y MICROBIANA DURANTE EL PROCESO DE PRODUCCIÓN DE MEZCAL ARTESANAL A PARTIR DE *Agave angustifolia Haw*.
Ángela Martínez Monterroza, Paula Cecilia Guadarrama Mendoza, Ludmila Elisa Guzmán Pantoja, Thalía Isadora Ramírez Reyes, Rogelio Valadez Blanco 345

ESTUDIO DE LA TRANSFERENCIA DE OXÍGENO Y TAMAÑOS DE BURBUJA EN FERMENTACIONES CON CARACTERÍSTICAS REOLÓGICAS COMPLEJAS, BAJO DOS ESQUEMAS DE SUMINISTRO DE POTENCIA
Diana Nahyeli Pulido-Durán y Enrique Galindo 346

ANÁLISIS DEL HOLD-UP DEL GAS LOCAL, EN UN SISTEMA TRIFÁSICO MICELIAL A ESCALA PILOTO
Alehlí Holguín Salas, Frédéric Thalasso, Gabriel Corkidi, Enrique Galindo 347

PRODUCCIÓN DE ADN PLASMÍDICO EN ESCHERICHIA COLI CON PROTEOMA REDUCIDO
Mitzi de la Cruz Hernández, Elisa A. Ramírez, Juan Carlos Sigala, José Utrilla, Álvaro R. Lara 348

EMPLEO DEL ANÁLISIS DE TIEMPOS DE RELAJACIÓN PARA EL MONITOREO EN LÍNEA DE BIOMASA EN FERMENTACIONES MEDIANTE ESPECTROSCOPIA DE IMPEDANCIA
Adrián Díaz Pacheco, Jabel Dinorín Téllez Girón, Claudia Patricia Larralde Corona, Raúl René Robles de la Torre, Víctor Eric López y López 349

PRODUCCIÓN SOSTENIDA DE BEAUVERICINA POR CULTIVO EN ESTADO SÓLIDO
José Norberto Vásquez Bonilla, Juan Esteban Barranco Florido, Edith Ponce Alquicira, Octavio Loera Corral 350

EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE BIOHIDRÓGENO EN UN REACTOR ANAEROBIOHÍBRIDO DE FLUJO ASCENDENTE DURANTE LA CODIGESTÓN DE RESIDUOS ORGÁNICOS
Lirio María Reyna-Gómez, Juan Manuel Alfaro Barboza, Santiago Suárez-Vázquez, Arquímedes Cruz-López 351

ANÁLISIS DE LA RENTABILIDAD DEL PROCESO DE PRODUCCIÓN INDUSTRIAL DE RIBOFLAVINA.
Manuel González-Santiago, Miguel Tomate-Hernández, Teresa López-Arenas 352

CARACTERIZACIÓN E HIDRÓLISIS DE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES DEL ESTADO DE JALISCO PARA LA PRODUCCIÓN Y OBTENCIÓN DE COMPUESTOS DE ALTO VALOR AGREGADO
Iliana Barrera-Martínez, Lorena Amaya-Delgado, Leticia Casas-Godoy 354

PRODUCCIÓN Y RECUPERACIÓN DE EXOPOLISACÁRIDOS DE NEOCHLORIS OLEOABUNDANS MEDIANTE FERMENTACIÓN EXTRACTIVA CON AGENTES TERMOSENSIBLES
Carlos Iván Ávila Velasco, Alma Gómez-Loredo 355

INDUCCIÓN DE LA BIOSÍNTESIS DE CAROTENOIDES EN *Xanthophyllomyces Dendrorhous* EMPLEANDO INDUCTORES DE ESTRÉS OXIDATIVO
Alejandro Torres-Haro, Jorge Verdín, Manuel R. Kirchmayr, Melchor Arellano-Plaza 356

DISEÑO DE MÉTODO RÁPIDO DE MONITOREO DE LA FERMENTACIÓN DE *Clostridium chauvoei*
Daniela Cepeda-Pérez, Héctor Castañeda-Aponte, Calef Sánchez-Trasviña, Miguel Flores-Gatica, Karla Mayolo Deloisa, Cuauhtémoc Licona-Cassani 357

CARACTERIZACIÓN DE CORRIENTES RESIDUALES DE LA DESTILACIÓN DEL TEQUILA PARA USO POSTERIOR EN BIORREFINERÍA
Edgardo Martínez Orozco, Pablo Gortáres Moroyoqui, Norberto Santiago Olivares, Ruth Gabriela Ulloa Mercado, Luis Alonso Leyva Soto, Lourdes Mariana Diaz Tenorio, Luis Humberto Alvarez Valencia, Juan Nápoles Armenta 358

DEPENDENCIA DE LA PRODUCTIVIDAD CELULAR EN LA TASA DE AIREACIÓN DE UN BIORREACTOR AIRLIFT: UG CONSTANTE Y VARIABLE
Edgar N. Tec Caamal, Sergio A. Medina-Moreno, Ana G. Rojas Labrada, Luz M. Pérez-Montoya 359

MODELADO MATEMÁTICO DE LA PRODUCCIÓN DE γ-DECALACTONA POR *Yarrowia lipolytica* EN UN REACTOR CONTINUO.
Juan L. Ávila González, Alan Kevin Pineda, Enya Arantza Cárcamo, Víctor M. Sánchez Santos, Rigel V. Gómez Acata 360

EFECTO DEL ZINC Y CALCIO EN LA PRODUCCIÓN DE ETANOL A PARTIR DE DIFERENTES FUENTES DE CARBONO POR *Mucor circinelloides* C1502 (MN128960)
Héctor Manuel Fonseca Peralta, Karen Virginia Pineda Hidalgo, Claudia Castro Martínez, Ignacio Contreras Andrade 361

REPRODUCCIÓN DE LA ZONA DE ADICIÓN DE GLUCOSA DE CULTIVOS ALIMENTADOS DE *E. coli* RECOMBINANTE TERMOINDUCIBLE MEDIANTE ESCALAMIENTO DESCENDENTE
Greta I. Reynoso-Cereceda, Néstor O. Perez, Norma A. Valdez-Cruz, Mauricio A. Trujillo-Roldán 362

IDENTIFICACIÓN DE UN SOFOROLÍPIDO LACTÓNICO DIACETILADO PRODUCIDO POR *Starmerella bombicola* EN CULTIVO EN MEDIO SÓLIDO
Ricardo Marín Sánchez, José de Jesús Cázares Marinero, Lorena Pedraza Segura, Gerardo Saucedo Castañeda 363

DISEÑO, CONSTRUCCIÓN, INSTRUMENTACIÓN Y CONTROL DE UN FOTOBIORREACTOR PARA LA OBTENCIÓN DE ALMIDÓN A PARTIR DE *Chlamydomonas reinhardtii*
María Fernanda González Barajas, Eimy Alejandra Vázque Bello, Froylán M.E. Escalante, Efrén Aguilar Garnica 364

PRODUCCIÓN DE BIOMASA EN UN BIOREACTOR AGITADO USANDO AGITADOR DE PROXIMIDAD MEDIANTE EL MÉTODO SPH.
Gerardo Martínez-Herrera, Tzayam Pérez-Segura, Agustín R. Uribe-Ramírez, Carlos E. Alvarado-Rodríguez 365

DEGRADACIÓN DE RESIDUOS DE LA FRUTA DE GRANADO PARA LA OBTENCIÓN DE COMPUESTOS FENÓLICOS.
Brenda Nayetxi Luna Jiménez, Armando Robledo Olivo, Susana González Morales, Adalberto Benavides Mendoza, José Antonio González Fuentes, Marcelino Cabrera De la Fuente 366

PRODUCCIÓN DE ÁCIDO KÓJICO BAJO TRES CONCENTRACIONES DIFERENTES DE EXTRACTO DE LEVADURA COMO FUENTE DE NITRÓGENO
Tomasa Quiterio Gutiérrez, Armando Robledo Olivo, Susana González Morales, Adalberto Benavides Mendoza, José Antonio González Fuentes, Fabián Fernández Luqueño 367

AISLAMIENTO DE LEVADURAS INVOLUCRADAS CON LA PRODUCCIÓN DE MEZCAL EN DURANGO
Manuel Alejandro Moran Espituñan, Itza Nallely Cordero Soto, Pablo Jaciel Adame Soto, Silvia Marina González Herrera, Luz Araceli Ochoa Martínez, Olga Miriam Rutiaga Quiñones 368

CARACTERIZACIÓN DE LA TRANSFERENCIA DE MOMENTUM Y MASA EN UN BIORREACTOR DE FERMENTACIÓN EN MEDIO SÓLIDO EMPACADO CON SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES
Gerardo A. Gómez-Ramos, Moíses Couder-García, Brianda Rivera- Rivero, Carlos O. Castillo-Araiza, Sergio Huerta-Ochoa, Lilia Arely Prado-Barragán 369

ESCALAMIENTO DE LA RUPTURA DE E. coli PARA EL DISEÑO DE UN MOLINO CONTINUO PARA LA RECUPERACIÓN DE PLÁSMIDO
Rayza Herrera Imperial, Patricia Guerrero-Germán, Armando Lucero-Acuña, Jaime Ortega-López, Armando Tejeda Mansir 370

LEVADURAS Y HONGOS FILAMENTOSOS AMILOLÍTICOS PRESENTES EN EL POZOL
Teresa E. Martínez-Oropeza, Romina Rodríguez Sanoja 371

PRODUCCIÓN DE RAMNOLÍPIDOS CON UN MICROORGANISMO NO PATÓGENO
María Alejandra Pichardo Sánchez, José de Jesús Cázares Marinero, Sergio Andrés Alatorre Santamaria, Luis Víctor Rodríguez Durán, Gerardo Saucedo Castañeda 372

PRODUCCIÓN DE POLIHIDROXIALCANOATOS POR Burkholderia thailandensis
Uriel Hernández Alonso, Rodolfo Torres de los Santos, Daniel Trujillo Ramírez, María Alejandra Pichardo Sánchez, Lilia Arely Prado Barragán, Luis V. Rodríguez Durán 373

EFECTO DE LAS FUENTES DE CARBONO Y DE NITRÓGENO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE BIOSURFACTANTES POR *Starmerella bombicola*
Yulissa M. Gutiérrez-Olvera, María Alejandra Pichardo-Sánchez, Nadia A. Rodríguez-Durán,Guadalupe Bustos, José de Jesús Cázares-Marinero, Gerardo Saucedo-Castañeda, Luis V. Rodríguez-Durán 374

EVALUACIÓN PRELIMINAR Y CARACTERIZACIÓN DE DIFERENTES CEPAS DE *Bacillus velezensis* PARA LA PRODUCCIÓN DE L-ASPARAGINASA
Karina Maldonado, Lorena Pedraza, Ruth Pedroza, Manuel Kirchmayr 375

EVALUACIÓN DEL CRECIMIENTO CELULAR EN INTERACCIONES ENTRE LEVADURAS AISLADAS DE JUGO DE AGAVE MEDIANTE LA TÉCNICA DE DOBLE PLACA
Edwin Barbosa, Melchor Arrellano, Jorge Verdín, Alejandro Pereira, Manuel Kirchmay 376

DETERMINACIÓN Y PURIFICACIÓN DE METANOL Y ETANOL EN DESECHOS DESTILADOS DE LA INDUSTRIA MEZCALERA
Catherine Ashley González, Luis Fernando Carbajal Romero, Donaciano Flores Robles, Alejandro Millán Vega, Jorge Noel Gracida Rodríguez, Yolanda Reyes Vidal, Pavel Sierra Martínez 377

DINÁMICA FISICOQUÍMICA Y MICROBIANA DURANTE EL PROCESO DE PRODUCCIÓN DE MEZCAL ARTESANAL A PARTIR DE *Agave angustifolia* Haw

Ángela Martínez Monterroza[1], Paula Cecilia Guadarrama Mendoza[1], Ludmila Elisa Guzmán Pantoja[1], Thalía Isadora Ramírez Reyes[1], Rogelio Valadez Blanco[1]. [1]Instituto de Agroindustrias. Universidad Tecnológica de la Mixteca. Huajuapan de León, Oaxaca, 69000. angela-monterroza@hotmail.com

Palabras clave: mezcal artesanal, microbiota nativa, consorcios microbianos

Introducción. La alta demanda de mezcal ha puesto en riesgo tanto a las poblaciones de *Agave* como al mismo mezcal, ya que se han incorporado métodos tecnificados y monocultivos microbianos comerciales iniciadores para la fermentación, con la intención de conseguir altos rendimientos y eficiencia en el proceso, reflejándose en un detrimento de la riqueza microbiana y sensorial que caracteriza a este producto.
El objetivo de este trabajo fue él estudió de la dinámica poblacional y fisicoquímica durante la fermentación espontánea de mezcal artesanal, con el fin de seleccionar a cepas nativas como iniciadoras de la fermentación, y al mismo tiempo conservar las características sensoriales propias del producto artesanal, además de mejorar la calidad del mezcal.

Metodología. Se caracterizó el proceso de una fábrica artesanal, ubicada en Santiago Matatlán, Oaxaca, empleando mosto de *Agave angustifolia* Haw. Se realizó un monitoreo cada 12 h durante la fermentación (0 - 120 h) de los parámetros fisicoquímicos (pH, temperatura, ºBrix, % Alc.Vol.) y microbiológicos (UFC/mL: levaduras (LEV), bacterias ácido lácticas (BAL) y mesófilas aerobias (BMA), empleando los medios YEPG, MRS y ACE, respectivamente). Para el aislamiento y clasificación de cepas, se realizó una selección basada en la morfología colonial y microscópica, así como en la tinción de Gram.

Resultados. De acuerdo a la caracterización fisicoquímica de la fermentación artesanal (Fig. 1), se observó el descenso gradual de los sólidos solubles totales del mosto de 15 a 5.6 ºBrix. La producción final de alcohol (5.6% v/v) se acercó a los valores reportados de inhibición microbiana (6%) en fermentaciones alcohólicas espontáneas (1). Las condiciones medidas de pH y temperatura durante el proceso son semejantes a lo reportado por (2), permiten deducir que la microbiota está compuesta por organismos mesófilos y acidófilos.
En la Fig. 2, se observan las curvas de crecimiento de los tres tipos de microorganismos estudiados durante la fermentación. Las LEVs se mantuvieron con una población casi constante (8x 10^6 UFC/mL) a lo largo de casi todo el proceso, con excepción de un pico de mayor crecimiento a las 72 h. En el caso de las BAL y BMA, se observa un crecimiento acelerado desde el inicio de la fermentación, presentando picos de crecimiento máximo a las 24 y 48 h, respectivamente. A partir de los aislamientos y observaciones microbiológicas, se categorizaron 9 grupos de LEV, 5 de BAL y 7 de BMA con un total de 55, 26 y 44 cepas, respectivamente.

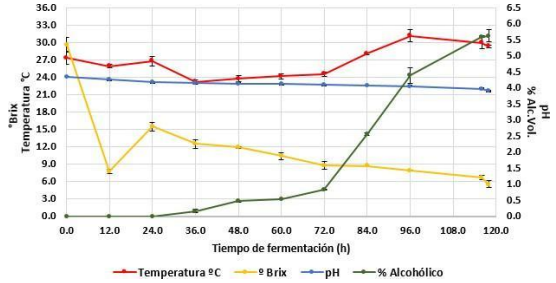


Fig. 1. Parámetros fisicoquímicos de la fermentación artesanal.

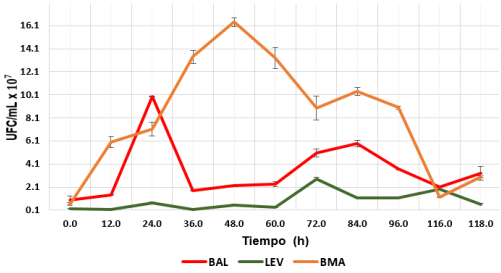


Fig. 2. Dinámica de crecimiento de la fermentación artesanal.

Conclusiones. Se logró conocer las dinámicas de crecimiento de diferentes grupos microbianos durante la producción de mezcal artesanal, y su relación con los cambios fisicoquímicos ocurridos en el mosto. Esta diversidad denota la complejidad de la microbiota durante la fermentación del mosto de agave, que puede ser explicada por la coexistencia simbiótica entre bacterias y levaduras. En trabajos futuros se espera la formulación de un inóculo iniciador de bacterias y levaduras, para la producción de mezcal a partir de un consorcio microbiano nativo del mosto de agave fermentado.

Agradecimiento. Al CONACyT por la beca para los estudios de maestría de A.M.M. No. 879268.

Bibliografía.

1. Álvarez-Ainza ML, Zamora-Quiñonez KA, Acedo-Félix E. (2009). *Rev Latinoam Microbiol.* vol (51) :58–63.
2. Pérez E, González-Hernández JC, Chávez-Parga MC, Cortés-Penagos C. (2013). *Rev Mex Ing Qum*. vo.(12):451–61.

ESTUDIO DE LA TRANSFERENCIA DE OXÍGENO Y TAMAÑOS DE BURBUJA EN FERMENTACIONES CON CARACTERÍSTICAS REOLÓGICAS COMPLEJAS, BAJO DOS ESQUEMAS DE SUMINISTRO DE POTENCIA

Diana Nahyeli Pulido-Durán[1] y Enrique Galindo[1].
[1]Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. C. P. 62210 México. diana.pulido@ibt.unam.mx

Palabras clave: potencia gaseada constante, k_La, diámetro Sauter, transferencia de oxígeno

Introducción. Para un tanque agitado mecánicamente, la transferencia de oxígeno (caracterizada por el k_La) se ve afectada tanto por las características fisicoquímicas del medio, como por las condiciones geométricas y operacionales del sistema (1). El suministro de potencia gaseada al sistema (Pg/V) influye fuertemente sobre los valores del k_La, a través del rompimiento de las burbujas para generar una mayor superficie de transferencia (2). Se ha observado que, para una velocidad de aireación superficial determinada y al mantener una velocidad de agitación (N) constante, cambios en las características fisicoquímicas del medio provocan modificaciones importantes en los valores de Pg/V (3), lo que a su vez genera una doble afectación sobre la transferencia de oxígeno. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de Pg/V sobre la transferencia de oxígeno y tamaños de burbuja en un sistema fermentativo real, bajo dos condiciones operacionales diferentes: a) N constante y b) Pg/V constante.

Metodología. Se realizaron fermentaciones en biorreactor de 100 L empleando *Bacillus velezensis* 83, seleccionadas por el incremento en la viscosidad observado. El valor de Pg/V fue determinado a partir de la lectura del par (*torque*), dada por una celda de carga acoplada a la flecha del reactor. Para las fermentaciones conducidas Pg/V constante, se modificó la velocidad de agitación de modo que la energía suministrada fuera la misma a lo largo del proceso. Los valores del k_La, el diámetro Sauter (D_{32}) y las características fisicoquímicas del medio fueron determinadas a lo largo de las fermentaciones.

Resultados. Para la condición de N constante, se observó una caída del 40 % en los valores de Pg/V (**Fig. 1A**). Los valores iniciales del k_La fueron mayores para N constante, pero presentaron una caída similar para ambas condiciones (**Fig. 1B**). Los valores del D_{32} también se comportaron de manera similar para ambas condiciones. No obstante, el comportamiento observado fue bastante atípico: dado el incremento en la viscosidad del sistema (**Fig. 1C**), se esperaba observar un aumento en los valores del D_{32}, que sería contrarrestado al mantener Pg/V constante; sin embargo, para ambas condiciones operacionales, el D_{32} disminuyó a ~ 400 µm (**Fig. 1D**), además de que se observaron poblaciones más homogéneas de burbujas (datos no mostrados), aumentándose el área superficial de transferencia. Este comportamiento del D_{32} (opuesto a la caída en los valores del k_La) se adjudica principalmente a la presencia de surfactina y bacilomicina, metabolitos producidos por *B. velezensis* 83 con fuerte actividad surfactante.

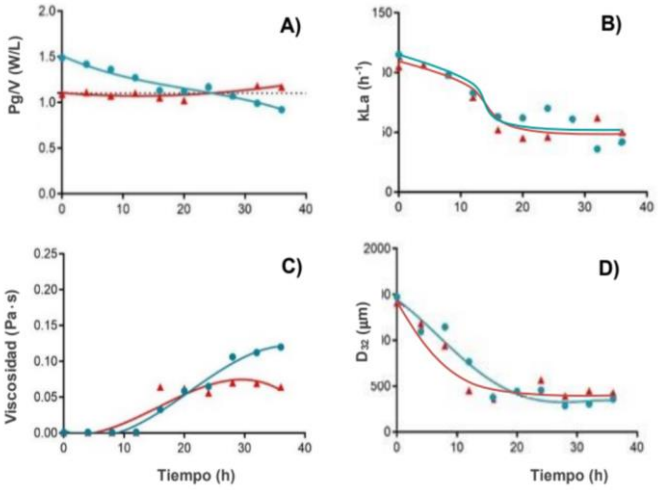


Fig. 1. Evolución de los parámetros evaluados en las fermentaciones con *B. velezensis* 83 para las condiciones ● N constante y ▲ Pg/V constante.

Conclusiones. el suministro de Pg/V constante no logró contrarrestar el efecto negativo de la viscosidad sobre los valores de k_La; mientras que valores del D_{32} sugieren estar mayormente determinados por la presencia de biosurfactantes, que por Pg/V o la viscosidad del sistema. La disminución en los valores del k_La pudo deberse muy probablemente a una fuerte disminución del coeficiente másico de transferencia, k_L.

Agradecimiento. Beca CONACyT 703283; proyecto PAPIIT BG200618.

Bibliografía.

1. Garcia-Ochoa, F., *et al*. (2010). *Biochem. Eng. J.*, 49(3), 289–307.
2. Alves, S., *et al*. (2002). *Chem. Eng. J.*, *89*(1–3), 109–117.
3. Brito-Bazan, M., *et al.* (2017). *Chem. Eng. Res. Des.*120, 316– 324.

ANÁLISIS DEL HOLD-UP DEL GAS LOCAL, EN UN SISTEMA TRIFÁSICO MICELIAL A ESCALA PILOTO

Alehlí Holguín Salas[1], Frédéric Thalasso[2], Gabriel Corkidi[1], Enrique Galindo[1]

[1]Instituto de Biotecnología; Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, UNAM; Cuernavaca, Morelos, 62210; [2]CINVESTAV, Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, Zacatenco, Cd. de México.

alehli.holguin@ibt.unam.mx

Palabras clave: hold-up, transferencia, área interfacial, potencia volumétrica, escala piloto

Introducción. En los cultivos del hongo *Trichoderma harzianum*, ocurren cambios importantes en la viscosidad a lo largo del cultivo, que pueden conducir a variaciones locales en la disipación de energía y transferencia de oxígeno (1, 2). Para estudiar la transferencia de oxígeno se puede analizar la fracción volumétrica del aire (hold-up), pero al presentarse variaciones de la viscosidad en estos cultivos, es importante hacer estos estudios a potencia volumétrica gaseada constante, que permitan discernir entre los efectos de la potencia misma y las variables del proceso como la concentración de biomasa y la aireación, sobre la transferencia de masa (2). El objetivo del presente trabajo fue estudiar los efectos locales del flujo de aireación, la potencia y la concentración de biomasa de T. harzianum sobre el hold-up, en un modelo de fermentación de tres fases a escala piloto.

Metodología. El tanque agitado utilizado fue diseñado a replica de los biorreactores de escala piloto, equipado con tres turbinas Rushton estándares y un puerto removible en la parte superior del tanque para el análisis del hold-up local (φ) por succión capilar. El análisis se hizo en condiciones que se presentan típicamente en las fermentaciones de T. harzianum: tres concentraciones de micelio, 0.2, 3.2 y 6.0 g/L; dos valores de flujo de aireación, 0.25 y 0.45 vvm y tres valores de potencia volumétrica gaseada, 0.47, 0.84 y 2.20 W/L. Ésta última se mantuvo constante a través de la medición del par de torsión, variando la velocidad de agitación. Se analizaron tres puntos dentro del tanque: entre el impulsor inferior e intermedio (puerto 1), enfrente del impulsor intermedio (puerto 2) y entre el superior e intermedio (puerto 3). Permitiendo analizar dos zonas de recirculación (puertos 1 y 3) y uno de alta disipación de energía (puerto 2). Resultados. La concentración de biomasa no mostró un claro efecto sobre los valores de hold-up local, manteniéndose valores similares para todas las concentraciones probadas. Las mayores diferencias de hold-up local se observaron en la condición de baja potencia volumétrica gaseada, pero las diferencias encontradas entre los puertos 2 y 3 fueron reduciéndose conforme se incrementó la potencia hasta 2.2 W/L, sólo conservándose las diferencias en el puerto 1 (Fig. 1). Las diferencias con el puerto 1 se atribuyen principalmente al fenómeno de inundación del último impulsor.

Al incrementar el flujo de aire de 0.25 a 0.45 vvm (Fig. 1 a y b), se tuvo un aumento en los valores locales de holdup, atribuido principalmente a un aumento en la presencia de burbujas de mayor tamaño, disminuyendo las diferencias entre las regiones analizadas.

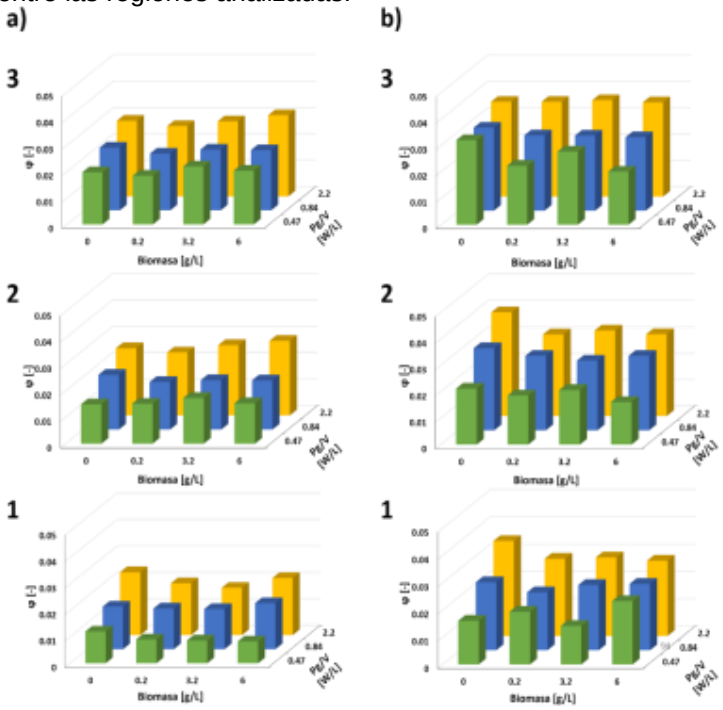


Fig. 1. Fracción volumétrica del gas, *hold up* (φ) en función de la concentración de la biomasa y la potencia volumétrica gaseada (P_g/V)en la condición de a) 0.25 vvm y b) 0.45 vvm. Los datos se muestran por puerto analizado (1-3).

Conclusiones. Por primera vez, controlando la potencia volumétrica, se pudieron conocer los efectos de las variables operacionales sobre la dispersión de aire local, mostrando que los efectos más importantes se debierona la potencia volumétrica y al flujo de aireación y no a la concentración de biomasa.

Agradecimiento. Financiación de DGAPA (IT201014) y CONACyT (240438 y 205247).

Bibliografía.

1. Rocha-Valadez JA, Albiter V, Caro MA, Serrano-Carreón L.Galindo E. (2007). *Bioprocess Biosyst Eng*, 30:115-122.
2. Brito-Bazan MM, Cuervo Amaya DH, Corkidi G, Galindo E. (2017). *Chem Eng Sci,* 120:316-324.

Producción de ADN plasmídico en *Escherichia coli* con proteoma reducido

Mitzi de la Cruz Hernández Elisa A. Ramírez, Juan Carlos Sigala , José Utrilla , Alvaro R. Lara
Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa, CDMX, 05348Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, 62210, México E-mail: witzi97@gmail.com
Palabras clave: Proteoma reducido, ADN plasmídico, Células mínimas.

Introducción. Actualmente existen dos enfoques para el desarrollo de células mínimas: la reducción del genoma y la reducción del proteoma, siendo el segundo el enfoque que se utilizó para el desarrollo de la cepa de *Escherichia coli* PFC, donde se silenciaron genes de 3 factores de transcripción (*ΔphoB, ΔflhC, ΔcueR)* en la cepa BW25113, lo que resultó en una reducción del 0.5% de la carga proteómica [1]. Este trabajo se centró en la producción de ADN plasmí-dico (pADN), dadas sus múltiples aplicaciones como agente terapéutico. El objetivo de este trabajo fue evaluar los efectos de la reducción del proteoma en la producción y calidad del plásmido pUC57-kan en distintos medios de cultivo en modo lote y modo lote alimentado.

Metodología. Se realizaron en modo lote con los distintos en matraces de 250 mL con 50 mL del medio (Medio mi- neral (MM) suplementado con 2.5 g/L de glucosa, caldo li-sogénico (LB) y *Terrific Broth* (TB)). Se tomaron muestras cada hora para los posteriores análisis. Los cultivos modo lote alimentado fueron realizados en matraces de 500 mL con 50 mL del medio de cultivo *EnPresso B* Plasmid (En-Presso GmbH, Berlin, Alemania) y se tomaron muestras cada hora a partir de la hora 18 a 24. Todos los cultivos se llevaron a cabo a 37 ºC y 250 rpm, por triplicado. La bio-masa fue medida por DO a 600 nm, y la concentración de pADN a 260 nm. La purificación del plásmido fue realizada mediante el QIAprep Miniprep Kit [2], el análisis topológico fue realizado mediante electroforesis con 1% de agarosa.

Resultados. En la **Fig. 1** se muestran los cultivos modo lote. Se encontró que el la fracción de pADN superenrro- llado (SCF) se encontraba por debajo de las recomendacio-nes de la FDA [3]. Los cultivos modo lote alimentado se muestran en la **Fig 2.,** la cepa PFC mostró el mejor desem-peño. La deleción del gen *recA* tuvo efectos positivos en lafracción superenrollada pero afectó de manera distinta los desempeños de las cepas. * indica los grupos donde se en-contraron diferencias significativas, p<0.1.

Conclusiones. La cepa PFC presentó en general a un me-jor desempeño en la síntesis de pADN. Esto podría debersea que la cepa PFC destina una mayor cantidad de recursosy energía a la producción de pADN y una menor cantidad de recursos a la producción de biomasa. Esto fue especial-mente notorio en los cultivos por lote alimentado, lo que muestra el potencial del desarrollo de las células mínimas para la producción de pADN bajo condiciones industriales.

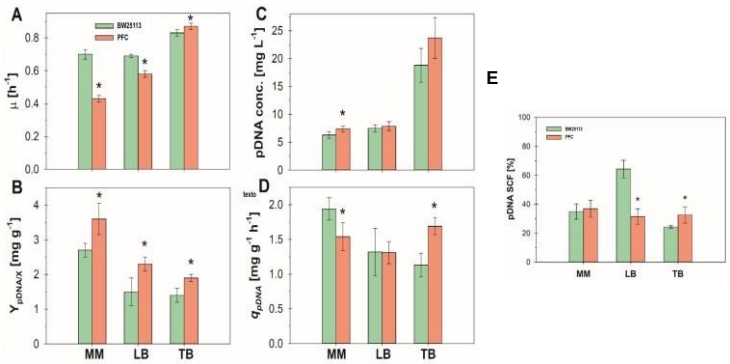


Figura 1. Resultados de cultivos por lote. A: Velocidad de crecimiento; B: Rendimientos pADN ($Y_{pDNA/x}$); C: concentración de pADN; D: Tasa espe- cífica de producción de pADN (q_{pDNA}); E: Fracción de pADN superenrro- llado.

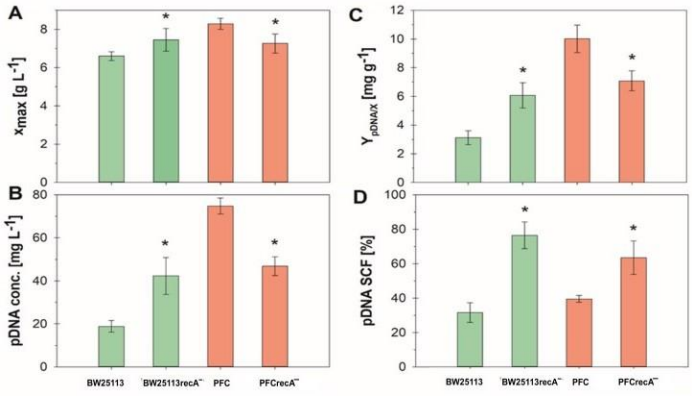


Figura 2. Resultados en modo lote alimentado. A: Velocidad de crecimiento; B: Concentración de pADN; C: Rendimiento de pADN ($Y_{pDNA/x}$); D: Fracción de pADN superenrollado

Bibliografía.

[1] Lastiri-Pancardo, G.; et al. *Nature Chem. Biol.* (2020)
[2] QIAprep Miniprep Handbook. QIAGEN, (2006).
[3] Schmidt, T.; Friehs, K.; Flaschel, Eds.; Wiley-VCH Verlag GmbH: Weinheim, Germany, (2001); pp. 29–43.

EMPLEO DEL ANÁLISIS DE TIEMPOS DE RELAJACIÓN PARA EL MONITOREO EN LÍNEA DE BIOMASA EN FERMENTACIONES MEDIANTE ESPECTROSCOPIA DE IMPEDANCIA

Adrián Díaz Pacheco, Jabel Dinorín Téllez Girón, Claudia Patricia Larralde Corona, Raúl René Robles de la Torre, Víctor Eric López y López. Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Tlaxcala C.P. 90700.
vlopezyl@ipn.mx

Palabras clave: Bacillus thuringiensis, Nyquist, Distribution de tiempos de relajación.

Introducción. La biomasa en procesos de fermentación es una de las variables cuyo monitoreo es crucial para la obtención de un producto en la cantidad y calidad deseadas. La espectroscopia de impedancia es una técnica prometedora para el monitoreo de biomasa debido a sus características no invasivas ni destructivas. Esta técnica se basa en la aplicación de una corriente alterna en un cultivo, la cual bajo determinadas frecuencias permite que las membranas celulares se comporten como capacitores. A pesar de ser una herramienta útil, hay limitantes para su implementación a nivel de investigación e industrial ya que existen dificultades para interpretar de manera rápida y conveniente la cantidad y la calidad de los datos obtenidos en un cultivo celular. El objetivo de este trabajo fue el empleo de diferentes herramientas de análisis de datos de impedancia para la determinación de una frecuencia fija de monitoreo de cultivos de *B. thuringiensis* como sistema celular modelo.

Metodología. Se establecieron cultivos de *B. thuringiensis* en un biorreactor de 0.4 l de volumen de operación. Los datos de impedancia se obtuvieron mediante el empleo de analizador de impedancia Hioki 3532-50, conectado a una sonda de impedancia *in situ* de acero inoxidable fabricado bajo el esquema de cuatro electrodos. La caracterización de fermentaciones se realizó mediante la obtención de espectros de impedancia, ángulo de fase, resistencia y reactancia cada hora. Los espectros se conformaron de 50 frecuencias en el intervalo logarítmico de 42 Hz a 5 MHz. Los datos crudos obtenidos se validaron mediante la prueba de Kramers-Kroning (Lin KK tool) (1), posteriormente los datos válidos se analizaron mediante el circuito equivalente Zarc (EISSA) (2), el modelo Cole-Cole (Matlab-PSO) (3) y la distribución de tiempos de relajación (DRTool) (4).

Resultados. Los datos válidos obtenidos de todos los tiempos de fermentación conformaron un semicírculo deprimido (Fig. 1). Mientras que un análisis de los diagramas Nyquist mediante el uso de los modelos Zarc y Cole-Cole caracterizan un semicírculo asociado a un proceso de polarización, el análisis de distribución de tiempos de relajación mostró la presencia de tres distribuciones, las cuales pueden estar relacionadas a procesos de polarización diferentes (Fig. 2). Un análisis *exsitu* de suspensiones celulares permitió identificar que la distribución C presentaba relación a la biomasa.

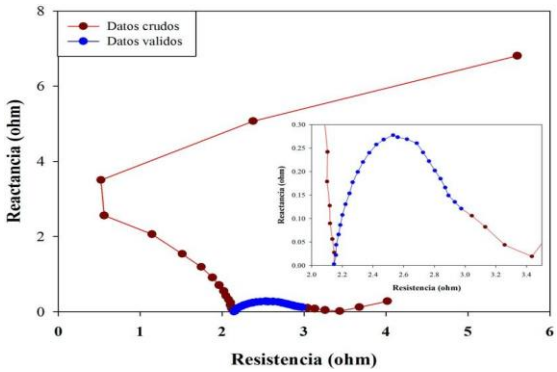


Fig.1. Diagrama Nyquist del tiempo 12. Datos crudos 50 de 42 Hz a 5 MHz. Datos válidos 26 de 175.7 a 68300 Hz.

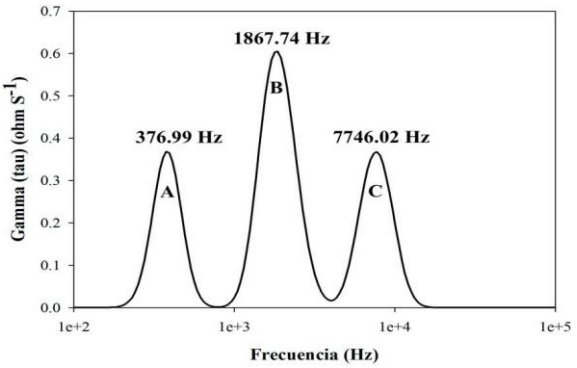


Fig.2. Distribución de tiempos de relajación del tiempo 12. Las frecuencias características se indican en cada distribución.

Conclusiones. La identificación de diferentes distribuciones constituye un paso fundamental para la determinación de una frecuencia que permita establecer el monitoreo de cultivos de diferentes modelos celulares con posibilidad de implementarse a niveles industriales.

Agradecimientos. A la beca otorgada por CONACyT. CVU 703626. Proyecto SIP2021233.

Bibliografía.

1. Karlsruhe Institute of Technology. (2017). Kramers-Kronig Validity Test
2. Bondarenko A. S., Ragoisha G. A. (2005). En: *Progress in Chemometrics Research*. Pomerantsev A. L. Nova Science Publishers, EUA. 89-102
3. Díaz A., *et al*. (2021) *Bioprocess Biosyst. Eng*.
4. Wan T.H. *et al.* (2015). *Electrochim. Acta* 184: 483–499

PRODUCCIÓN SOSTENIDA DE BEAUVERICINA POR CULTIVO EN ESTADO SÓLIDO

José Norberto Vásquez Bonilla[1]; Juan Esteban Barranco Florido[2]; Edith Ponce Alquicira[1]; Octavio Loera Corral[1]; [1]Doctorado en Biotecnología, [2]Departamento de Sistemas Biológicos. Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Ciudad de México C.P.09340. Correo electrónico del responsable del trabajo: norberto.vasquez.bonilla@gmail.com

Palabras clave: *Beauvericina, Cultivo en estado sólido, metabolito secundario*

Introducción. La beauvericina (BEA) es un metabolito secundario producido por algunos hongos entomopatógenos (HE) tales como *Cordyceps* sp. y *Beauveria bassiana*, así como hongos fitopatógenos del género *Fusarium* sp. La molécula tiene diversas actividades biológicas y mecanismos de acción de interés farmacéutico[1]. La mayoría de los estudios para aumentar la producción de BEA se basan en laoptimización de cultivos líquidos (SmF)[2], sin embargo, no se ha explorado las ventajas que tiene el cultivo en estado sólido (SSF) en la producción de BEA. El objetivo de este trabajo es determinar la cinética de producción de BEA en un SSF, usando un medio de cultivo optimizado embebido en un soporte sólido inherte.

Metodología. Se utilizó un medio de cultivo líquido previamente optimizado para producción de BEA[2], inoculado con 2x10^6 conidios de *Fusarium Oxysporum* AB2 por mL de medio, y embebido en cubos de 0.7mm de espuma de poliuretano (PUF), en matraces Erlenmeyer de 250mL. La PUF se lavó con 150mL de agua destilada, posteriormente el PUF con la biomasa fue sometida a baños sónicos con metanol al 84%, la prepurificación de la BEA se llevó a cabo usando cartuchos no polares C18. La cuantificación de la BEA se hizo desde el día 3 hasta el día 24 de cultivo mediante HPLC[3]. La confirmación de la molécula se llevó a cabo mediante espectroscopía de masas por electrospray (MS-ESI).

Resultados. La máxima producción de BEA se alcanza en el día 7 de cultivo y permanece hasta el día 11, sin cambios significativos, después de ese día comienza una disminución lenta y constante hasta el día 24, en donde hay una disminución del 19.8% respecto al máximo alcanzado en el día 7 (Fig. 1). Es el primer estudio donde la concentración más alta de BEA se mantiene durante 5 días, sin que exista una disminución significativa como ocurre en la mayoría de los metabolitossecundarios[4].

Otra de las principales contribuciones es que nuestro sistema disminuye tiempos de producción, ya que alcanza el máximo de producción a los 7 días de cultivo, lo cual supera cualquier otro sistema descrito para la producción de BEA (hasta 30 días) para llegar al máximo de producción[5].

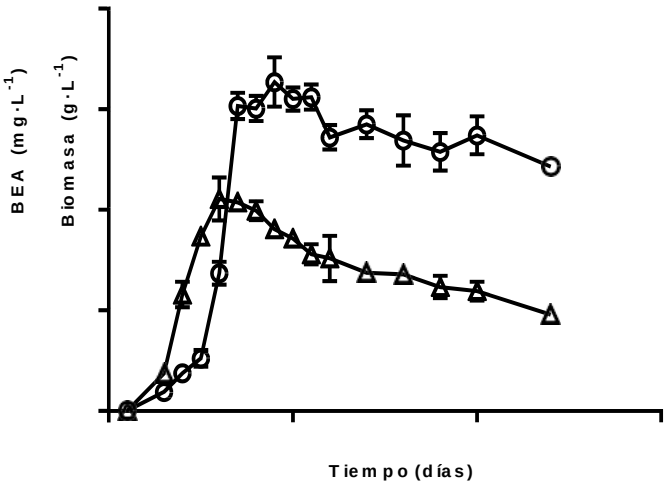


Fig. 1. Cinética de producción de BEA en mg·L^{-1} (O) y de biomasa en g·L^{-1} (Δ).

Conclusiones. La máxima producción de BEA se alcanza desde los 7 días de cultivo, y se sostiene sin disminución significativa hasta el día 11.

Agradecimiento. Se le agradece a la Universidad Autónoma Metropolitana por el financiamiento para estainvestigación así como a CONACyT por la beca otorgada a José Norberto Vásquez Bonilla (745861).

Bibliografía.

1. Vásquez-Bonilla N, Cabrera-Vega E, Vázquez-Olvera I, Gutiérrez-Nava A, Hurtado- y de la Peña M, Barranco-Florido E (2017) *Rev Mex Cienciasfarmacéuticas* 48(4):16-26.
2. Xu L, Liu Y, Zhou L, Wu J (2010) *Biotechnol Bioprocess Eng.* 15:460-466.
3. Jiang X, Cheng Y, Shi L (2013) *World J Microbiol Biotechnol* 29:1263-1269.
4. Ascacio-Valdés L, Sepúlveda J, Buenrostro-Figueroa A, Barragán A, González M, Aguilar C (2018) *Emir J Food Agr* 30(9):750-757
5. Meca G, Sospedra L, Soriano J, Ritiene A, Moretti A, Mañes J (2010*) Toxicon* 56:349-354.

EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE BIOHIDRÓGENO EN UN REACTOR ANAEROBIO HÍBRIDO DE FLUJO ASCENDENTE DURANTE LA CODIGESTÓN DE RESIDUOS ORGÁNICOS

Lirio María Reyna-Gómez[1,2], Juan Manuel Alfaro Barboza[2], Santiago Suárez-Vázquez[1], Arquímedes Cruz-López[2,*], [1]Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de ingeniería Civil, Cd. Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L. CP 66455, arquímedes.cruzlpz@uanl.edu.mx.[2]Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Químicas, Av. Pedro de Alba S/N, Cd. Universitaria, San Nicolás de los Garza, N.L. CP 66455.

Palabras clave: fermentación oscura; bacterias anaerobias; bioenergía

Introducción. El modelo económico mundial depende principalmente del uso de combustibles fósiles, desafortunadamente los sistemas energéticos basados en carbono emiten grandes cantidades de gases a la atmósfera causantes del efecto invernadero [1]. El biohidrógeno (BH2) obtenido por fermentación oscura es una alternativa frente a los combustibles fósiles por su alta energía potencial (122 kJ g-1) [2] y porque su combustión es libre de CO2, su obtención a través de la fermentación oscura (FO), presenta diversos retos como mejorar la eficiencia de conversión adoptando estrategias como el diseño de los reactores. En este trabajo se presenta la evaluación de un reactor anaerobio híbrido de flujo ascendente (RAHFA) para la producción de BH2 empleando la FO de residuos orgánicos.

Metodología. Se emplearon como sustratos una mezcla de cáscaras de frutas (CFs) y lodos (LP) de una planta tratadora de agua residual (PTAR). El inóculo utilizado fue un lodo anaerobio granular. Inóculo, sustratos y efluentes del reactor fueron caracterizados de acuerdo a los métodos estándar y normas mexicanas (NMX). La mezcla con relación carbono nitrógeno 30 (C/N=30) fue alimentada en un reactor híbrido de flujo ascendente (RAHFA) equipado con soporte para inóculo. Se evaluó el pH, la producción de BH2 y otros subproductos por cromatografía de gases (GC FID y TCD) a tres diferentes valores de Tiempo de retención hidráulico (TRH) 24,12 y 6 h, además de la evolución de las especies en el reactor por la técnica avanzada secuenciación PCR, realizada por RTL Genomics, Lubbock, Texas [3].

Resultados. Los resultados de la caracterización fisicoquímica de la codigestión al inicio de la operación del reactor RAHFA fueron: relación C/N = 30, pH inicial 5.5, T=350C, inóculo granular. Los resultados de la evolución del pH a la salida del reactor presentaron una disminución. Para el TRH de 24 h el pH disminuyó hasta 5.01. Para el TRH 12 h, el pH fue de 4.70 y para 6 h el pH medido fue de 4.55 en los diferentes ciclos. El rendimiento de BH2 reveló la siguiente secuencia 650±50 (24 h) > 48±4 (12 h) > 20±2 mL H2*g-1DQO removida (6 h). La evolución de los metabolitos formados fue ácido acético>> ácido butírico > ácido iso-butirico para las condiciones acetogénicas (24h) pero para 12 y 6 h la secuencia fue ácido, butírico> ácido.

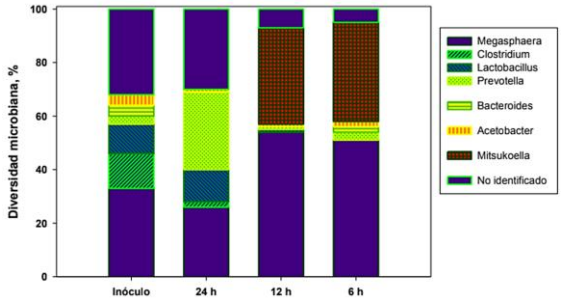


Fig. 1. Evolución de las especies microbianas en el proceso de codigestión de CFs y LP en el RAHFA a diferentes TRH.

valérico > ácido propiónico > ácido acético. De acuerdo con la técnica molecular, la composición de hidrógeno se atribuyó a los géneros (*Megasphaera, Clostridium, Lactobacillusy Prevotella*, quienes estuvieron presentes en los siguientes porcentajes de 26%, 2%, 12%, 29 %, respectivamente para 24 h (véase figura 1)

Conclusiones. Fue posible la producción continua de BH2 empleando el RAHFA a través de la FO. El rendimiento de BH2 presentó la siguiente secuencia 650±50 (24 h) > 48±4 (12 h) > 20±2 mL H2*g-1DQO removida (6 h). Los resultados de producción de BH2 se atribuyeron a los géneros *Megasphaera, Clostridium, Lactobacillus y Prevotella*, quienes estuvieron presentes en los siguientes porcentajes de 26%, 2%, 12%, 29 %, respectivamente para HRT=24 h. En cambio, las especies prometedoras en la producción de BH2 como Clostridium y Lactobacillus, se inhibieron (12 y 6 h) cuando las condiciones de la reacción favorecieron las rutas metabólicas de la acidogénesis.

Agradecimiento. Al proyecto 249908 CONACyT- SENER-Sustentabilidad Energética. Al Laboratorio de Ingeniería Ambiental de la FIC-UANL por todas las facilidades otorgadas.

Bibliografía.

1. Sekoai P.T *et al.,* (2018), Rev. Environ. Sci. Biotech; 17, 501–529.
2. Pavi S. *et al.,* (2017), Bioresource Technol; 228:362– 7.
3. L.M. Reyna-Gómez, A. Cruz-López, J.M. Alfaro, S.I. Suárez-Vázquez (2021), Chem. Eng. J. 425.

ANÁLISIS DE LA RENTABILIDAD DEL PROCESO DE PRODUCCIÓN INDUSTRIAL DE RIBOFLAVINA

Manuel Gonzalez-Santiago, Miguel Tomate-Hernández, Teresa López-Arenas, Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana - Cuajimalpa, Ciudad de México, 05348, mtlopez@cua.uam.mx

Palabras clave: análisis de rentabilidad, análisis de bioprocesos, fermentación.

Introducción. La riboflavina (vitamina B2) es importante para la generación de los glóbulos rojos y la liberación de energía de las proteínas. La demanda mundial de este producto supera 1,250 ton/año. La riboflavina puede ser producida mediante síntesis química o fermentación microbiana, siendo ésta última la vía más desarrollada por su menor costo y mayor productividad [1].

En este trabajo se analiza el diagrama de flujo para la producción de riboflavina a nivel industrial, y se mejora la rentabilidad del proceso considerando aspectos de operación y diseño del proceso, tomando en cuenta los siguientes criterios: una tasa de retorno sobre la inversión (RSI) mínima del 20%, un período de recuperación (PR) mínimo de 3 años y un costo de producción unitario (CPU) menor al costo de venta [2].

Metodología. Se tomó como base el diseño conceptual del proceso de producción de la riboflavina (1,031 ton/año) a partir de jarabe de glucosa (557 ton/año, al 70%), desarrollado por Storhas y Metz [3]. La corriente arriba del proceso consiste de la preparación del medio de cultivo, la dilución y la esterilización de las materias primas. En la sección de reacción se produce la riboflavina por fermentación usando *Candida famata*, a 1 atm, 30ºC, 0.3 vvm, durante 300 h. Mientras que en la corriente abajo, se cristaliza y purifica el producto hasta lograr 85% de pureza. El diagrama de flujo del proceso (con un total de 18 operaciones unitarias) se implementó en el simulador SuperPro Designer®. Para el análisis técnico-económico se evaluaron los tres criterios mencionados: CPU, RSI y PR. Mientras que para aumentar la rentabilidad se variaron diversos parámetros como: pureza de sustrato (70-80%), costo de adquisición del sustrato (±5%), precio de venta del producto, y algunas variables de operación y diseño que afectan el análisis de tiempos y movimientos del proceso (Fig. 1).

Resultados. El costo base de adquisición del sustrato se propuso en 0.08 USD/kg, y el de venta del producto en 60 USD/kg. Los rendimientos del proceso fueron $Y_{x/s}$ = 1.56 g/g y $Y_{P/S}$ = 3.19 g/g, con una productividad de 1.011 g/(L·h). De acuerdo al diagrama de tiempos y movimientos (Fig. 1), los tiempos de operación más largos se identificaron en el sistema de aireación y el reactor de fermentación (rectángulos rojos en la Fig. 1). Mientras que los tiempos muertos más largos se observan en las secciones de corriente arriba y abajo.

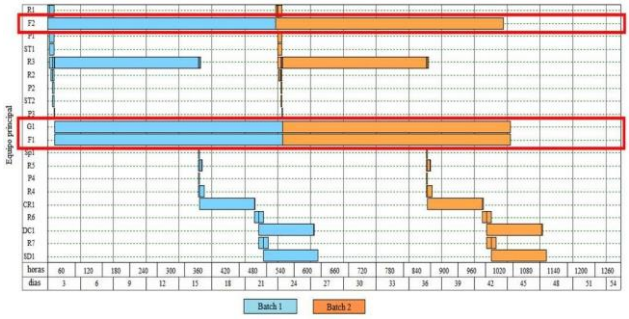


Fig. 1. Diagrama de tiempos y movimientos del proceso.

Al evaluar económicamente el diseño conceptual base [3], éste no cumplió con los criterios de rentabilidad del proceso como se observa en el Caso A de la Tabla 1. Así que se hicieron los cambios descritos en la metodología, logrando una mejora radical para hacer el proceso rentable cuando se aumentó la cantidad de reactores, así como de sus correspondientes compresores y filtros (de entrada y salida) de aire. El mejor resultado obtenido se muestra como Caso B en la Tabla 1.

Tabla 1. Análisis de la rentabilidad del proceso.

Caso	No. de reactores	No. de filtros y compresores	CPU (USD)	RSI (%)	PR (Años)
A	1	1	38.12	22.62	4.42
B	2	4	27.05	47.86	2.09

Conclusiones. Los resultados reflejan la dependencia de los parámetros de operación y las variables de diseño en la rentabilidad del proceso, lo que ayuda a comprender mejor los procesos y la interrelación de las operaciones unitarias. Bajo esta misma perspectiva se pretende estudiar a futuro el impacto ambiental.

Agradecimiento. Agradecemos el financiamiento otorgado por la Coordinación de la Licenciatura en Ingeniería Biológica de la UAM-Cuajimalpa.

Bibliografía.

1. Stahmann, K. (2000). *Three biotechnical processes using Ashbya gossypii, Candida famata, or Bacillus subtilis compete with chemical ribflavin production*. Appl Microbiol Biotechnol, 509-516.

2. Baca, G., (2011). Capítulo 1, en: Fundamentos de Ingeniería Económica. McGraw-Hill Interamericana, 34-45.

3. Storhas, W., Metz, R. (2006). *Riboflavin – Vitamin B_2*, en: Heinzle, E., Biwer, A., Cooney, C.: *Development of Sustainable Bioprocesses. Modeling and Assessment*. Wiley, 169-179.

CARACTERIZACIÓN E HIDRÓLISIS DE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES DEL ESTADO DE JALISCO PARA LA PRODUCCIÓN Y OBTENCIÓN DE COMPUESTOS DE ALTO VALOR AGREGADO

Iliana Barrera-Martínez[1], Lorena Amaya-Delgado[2], Leticia Casas-Godoy[1]. [1]CONACYT-CIATEJ, Unidad de biotecnología Industrial. Camino Arenero 1227, 45019 Zapopan, Jalisco, México, [2]CIATEJ, Unidad de biotecnología Industrial. Camino Arenero 1227, 45019 Zapopan, Jalisco, México
lcasas@ciatej.mx

Palabras clave: revalorización, biomoléculas, bioprocesos

Introducción. Los residuos agroindustriales se han convertido en un problema ambiental, por lo que hay un creciente interés en implementar procesos que permitan su uso de forma eficiente e integral. Estos residuos pueden ser utilizados para la recuperación y producción de un amplio rango de compuestos, por medio de técnicas biotecnológicas. Sin embargo, es necesario realizar pretratamientos que liberen los azucares y compuestos bioactivos presentes en los residuos.

El objetivo del trabajo fue caracterizar e hidrolizar residuos generados en el estado de Jalisco para su uso en la producción de compuestos de alto valor agregado.

Metodología. Los residuos elegidos fueron bagazo de agave (BA), residuo de malta de cerveza (M), zarzamora (Z), frambuesa (F) y suero de leche (SL). La caracterización y la determinación de lignina soluble (LS), se llevaron a cabo de acuerdo con la metodología de NREL (1). Los azúcares totales (AT) y azúcares reductores (AR) se determinaron usando las técnicas de fenol-sulfúrico (2) y DNS (3), respectivamente. La concentración de nitrógeno se realizó por el método de ninhidrina (4). Los residuos, en una concentración de 10% (p/v), fueron sometidos a 3 distintos procesos de extracción o hidrólisis a 50°C y 220 rpm, por 20 h: (I) sin tratamiento (ST, extracción acuosa), (II) hidrólisis enzimática (E, buffer de acetatos 50 mM, pH 5.5, 2% enzima CTec2) y (III) hidrólisis químico-enzimática (QE, H_2SO_4 al 1%, sometido a 121°C durante 15 min, ajuste de pH a 5.5, 2% enzima CTec2).

Resultados. Los resultados de la caracterización (Tabla 1), indican que los diferentes residuos estudiados cuentan con compuestos que pueden ser utilizados por las como fuente de carbono para la producción de compuestos de alto valor agregado. Los resultados de los procesos de extracción se muestran en la Tabla 2.

Tabla 1. Análisis bromatológico de los residuos agroindustriales del Estado de Jalisco. LS: Lignina soluble.

Compuesto (%)	BA	M	Z	F	SL
Humedad	9.05	4.4	2.7	6.85	3
Grasa	0.132	6.29	0.262	0.37	0.4
AT	80.18	66.10	78.91	58.66	NR
AR	51.7	35.02	38.91	28.18	61
LS	8.89	3.03	NA	NA	NA

Tabla 2. Concentración de azúcares y proteína en los diferentes hidrolizados.

Residuo		Concentraciones (g/L) AT	AR	Proteína
BA	ST	2.95±0.99	0.68±0.05	0.04±0.00
	E	19.85±2.97	14.01±0.65	0.41±0.03
	QE	65.75±2.81	51.51±3.34	0.46±0.01
M	ST	26.09±3.57	24.94±2.66	0.89±0.04
	E	31.70±6.05	31.70±6.05	1.81±0.04
	QE	78.42±4.29	72.40±0.67	2.49±0.01
F	ST	94.16±3.10	26.45±3.83	1.46±0.05
	E	87.95±2.58	35.04±1.67	2.09±0.01
	QE	82.11±8.77	31.04±2.66	2.13±0.12
Z	ST	58.39±17.55	26.09±0.33	2.13±0.15
	E	55.11±5.68	38.57±1.00	2.29±0.14
	QE	71.16±12.90	39.75±1.67	2.35±0.02

Se seleccionaron hidrolizados con una concentración de AR mayor o igual a 20 g/L. En el caso de BA es necesario someterlo a tratamiento QE. Para M, se presentan concentraciones de AR aceptables en los tres procesos de extracción. Para frambuesa, el tratamiento QE afecta la cantidad de AR, mientras que, para zarzamora, la cantidad de AR se mantiene constante entre los tratamientos. Los hidrolizados fueron utilizados en un cribado para seleccionar levaduras capaces de producir proteína unicelular y/o lípidos microbianos. Utilizando los residuos BA y M, fue posible identificar 20 y 7 cepas, respectivamente, para la producción de estos compuestos.

Conclusiones. Los residuos elegidos fueron caracterizados y se logró hidrolizar los azúcares para que puedan ser utilizados por microorganismos capaces de producir lípidos y/o proteínas. Con la información obtenida será posible elegir el proceso más adecuado considerando el propósito de revalorización del residuo.

Agradecimiento. Al CECYTJAL por el financiamiento: proyecto 8192-2019. FODECIJAL.

Bibliografía.

1. Sluiter, A., Hames, B., Ruiz, R., Scarlata, C., Sluiter, J., Templeton, D., Crocker, D. L. A. P. (2008). *Laboratory analytical procedure*, *1617*(1), 1-16.
2. Nielsen S.S. (2010) Phenol-Sulfuric Acid Method for Total Carbohydrates. En: *Food Analysis Laboratory Manual. Food Science Texts Series*. Nielsen S.S. Springer, EUA. 47-53.
3. Miller, G. (1959). *Anal. Chem*, *31*, 426-428.
4. Lie S. (1973). *J Inst Brewery*. 79:37–41.

PRODUCCIÓN Y RECUPERACIÓN DE EXOPOLISACÁRIDOS DE *NEOCHLORIS OLEOABUNDANS* MEDIANTE FERMENTACIÓN EXTRACTIVA CON AGENTES TERMOSENSIBLES

Carlos Iván Avila Velasco, Alma Gómez-Loredo. Centro de Investigacion en Biotecnologia y Nanotoxicologia, Facultad de Ciencias Quimicas, Universidad Autonoma de Nuevo León. Parque de Investigacion e Innovacion Tecnologica, Km. 10 autopista al Aeropuerto Internacional Mariano Escobedo, Apodaca, Nuevo León, 66629, México.
alma.gomezlr@uanl.edu.mx

Palabras clave: fermentación extractiva, exopolisacáridos, Neochloris oleoabundans

Introducción. Las microalgas presentan un gran potencial de producción de metabolitos de interés [1,2]. Entre estos compuestos se encuentran los exopolisacáridos (EPS), compuestos con gran aplicación industrial debido a sus propiedades espesantes e inmunomoduladoras [3]. Hasta el momento los métodos de producción de EPS no resultan eficientes ya que no se favorecen las condiciones de recuperación de EPS [4-5]. La técnica de fermentación extractiva, permitiría alcanzar mayores rendimientos de producción al reducir el número de operaciones unitarias de recuperación de EPS al integrar la producción y recuperación de EPS en una misma operación [6]. En el presente proyecto se empleó la técnica de fermentación extractiva acoplada a EOPO 12000 (agente termosensible) para la recuperación de EPS producido por Neochloris oleoabundans.

Metodología. Se realizaron conteos celulares en cámara de Neubauer de N. oleoabundands en cultivos batch de 100 mL de medio de cultivo a un 10, 20 y 30 % de EOPO 12000 por 12 días, 25ºC, iluminación de 40-60 µM fotones/m·s y agitación 150 rpm. Posteriormente, se analizaron las condiciones de temperatura y tiempo para la generación de dos fases acuosas en medios de cultivo de 12 días de incubación con EOPO 12000 a 4 diferentes concentraciones (Tabla 1). Observándose un tiempo límite de formación 25 minutos. La determinación de la partición del EPS recuperado en cada fase fue realizada solamente en los tratamientos en los que la formación de fases se logró en un tiempo menor a 25 minutos empleando un método de precipitación para recuperar el EPS [9].

Resultados. Al 30% de EOPO 12000 se inhibe por completo el crecimiento de la microalga (Figura 1). Para llevar a cabo la formación de fases para la separación de la microalga y el EPS se estudiaron diferentes temperaturas y concentraciones de EOPO 12000. Medios con EOPO 12000 al 20 y 25% resultaron positivas para la formación de dos fases en menos de 25 minutos a 70°C (Tabla 1). Una vez determinados los parámetros para la formación de fases, se cuantificó la producción de EPS en cada fase del sistema de fermentación extractiva. Las mejores particiones de EPS se obtuvieron utilizando una concentración del 25% de EOPO 12000 (Tabla 2).

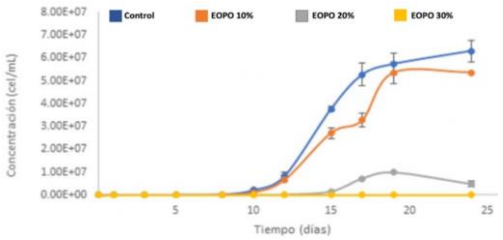


Fig. 1. Curvas de crecimiento de N. oleoabundands bajo diferentes concentraciones de EOPO 12000. Medio Salim y colaboradores 2011, 25ºC, 150 rpm. Iluminación de 40-60 µM fotones/m·s

Tabla 1. Análisis de variables para generación de fases. NF: No formación de fases, I:formación de fases incompleta.

% v/v EOPO	Temperatura °C	Tiempo (s)	Desviación estándar (s)
10%	30 – 70	NF	----
15%	30 – 70	NF	----
20%	30 – 60	NF	----
	70	1,172	64
25%	30 – 50	NF	----
	60	I	----
	70	888	58

Tabla 2. Recuperación de EPS en las fases de fermentación.

% v/v EOPO	Fase	Partición de EPS	Desviación estándar
25%	Superior	98.86%	0.4%
	Inferior	1.14%	0.1%
20%	Superior	99.09%	0.8%
	Inferior	0.91%	0.3%

Conclusiones. La implementación de la fermentación extractiva con N. oleoabundands, requiere de EOPO 12000 a un % menor del 30% de para evitar efectos negativos en la viabilidad de la microalga. Para lograr la formación de fases y separación del EPS, es necesario trabajar con temperaturas de 70ºC y concentraciones de EOPO 12000 mayores al 20%.

Agradecimiento. Este proyecto fue realizado gracias al apoyo de CONACyT (beca 932082) y la División de Estudios de Posgrado de la FCQ de la UANL.

Bibliografía.

1.Camacho, F., et al. (2019).Mar. Drugs, 17(6). 312.
2.Lian, J., et al.(2018). Microb. Biotechnol., 11(5), 806–8183.
3.Li, Y., et al. (2020). Algal Res., 48(March), 101883.14(10), 1–19.
4.Banik, R., et al. (2003). World J. Microb. Biotech., 19(4), 337–348.
5.Xiao, R., et. al. (2016). Biotechnol. Adv., 34(7), 1225–1244.
6.Othman, M., Ariff, A.B., Rios-Solis, L., Halim, M.(2017) Front. Microbiol. 8(NOV),1–7.

INDUCCIÓN DE LA BIOSÍNTESIS DE CAROTENOIDES EN *Xanthophyllomyces dendrorhous* EMPLEANDO INDUCTORES DE ESTRÉS OXIDATIVO

Alejandro Torres-Haro, Jorge Verdín, Manuel R. Kirchmayr, Melchor Arellano-Plaza. Biotecnología Industrial, Unidad Zapopan, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A. C. Camino al Arenero 1227 Colonia El Bajío, Zapopan, Jalisco, C.P. 45019. México.
marellano@ciatej.mx

Palabras clave: Estrés oxidativo, biosíntesis de carotenoides, Xanthophyllomyces dendrorhous.

Introducción. La levadura *X. dendrorhous* es una de las principales alternativas biológicas para llevar a cabo la producción de carotenoides y en específico, astaxantina. Esto se debe a su fácil adaptación en múltiples medios de cultivo de bajo costo y a la implementación de sistemas de producción a gran escala (1,2). Sin embargo, los rendimientos de estos compuestos por cepas silvestres son bajos para competir con la síntesis química (2), por lo cual, se han propuesto alternativas como: el desarrollo de cepas genéticamente modificadas y/o la inducción metabólica con la finalidad de incrementar los rendimientos. Para inducir el metabolismo se han empleado fitohormonas y/o agentes que generen estrés oxidativo (3,4), lo cual obliga a que la célula active sus mecanismos de defensa, entre los que destaca la biosíntesis de carotenoides. En el presente estudio se analizó el efecto del glutamato, así como de los estresores oxidantes H2O2, menadiona y Fe^{+2}, sobre la producción de carotenoides por *X. dendrorhous* 25-2.

Metodología. Se empleó la levadura *X. dendrorhous* 25-2. Se utilizó un medio de cultivo mineral enriquecido con glutamato en concentración alta (+, 1 g/L) y baja (−, 0.1 g/L) (1). Para la inducción de estrés oxidativo (3,4), se adicionó H2O2 (10 mM), menadiona (1 mM) o Fe^{+2} (50µM) a las 24, 36, 48, 60 y 72 h de fermentación de manera independiente. Los cultivos fueron monitoreados hasta las 120 h. La biomasa se determinó por densidad óptica (DO) a 600 nm (1) y la producción de carotenoides por espectrofotometría (5).

Resultados. Evaluando el efecto de la inducción de carotenoides en los cultivos de *X. dendrorhous* a las 120 h de fermentación, se evidenció que la presencia de glutamato a una concentración de 1 g/L promueve la biosíntesis de carotenoides comparado con los cultivos que contienen un nivel bajo de este nutriente. Además, la adición de H2O2 en el mismo cultivo fue la mejor alternativa para inducir la producción de carotenoides, hasta un 17.36% más (2.04 mg/L) comparado con el tratamiento control (1.74 mg/L) (Fig. 1). Con la finalidad de mejorar estos resultados y tratar de inducir aún más la biosíntesis de carotenoides, se realizó un segundo experimento adicionando distintas concentraciones de H2O2 en un rango de 0 hasta 100 mM con nivel alto de glutamato (1). Los resultados obtenidos fueron similares (Tabla 1) y expresados en términos de rendimientos de producto por biomasa (YP/X, mg/g).

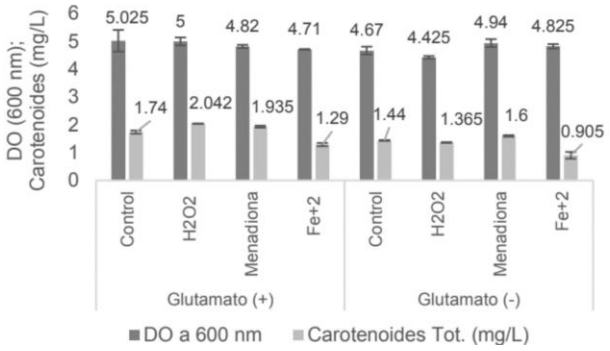


Fig. 1. Comparación de los cultivos de *X. dendrorhous* 25-2 evaluados en nivel alto (+) y bajo (−) de glutamato y sometidos a H_2O_2, menadiona o Fe^{+2}.

Para los cultivos tratados a concentraciones de 0 a 40 mM de H2O2, se obtuvieron YP/X en un rango de 0.194 a 0.199 mg/g. Para los cultivos tratados a concentraciones de 60 a 100 mM, se incrementó ligeramente el rendimiento a valores entre 0.202 y 0.211 mg/g. En cuanto a la velocidad específica de crecimiento máxima (µmáx, h^{-1}), no se observó una variación significativa (*p*-value>0.05) debido al efecto de la adición de diferentes concentraciones de H2O2.

Tabla 1. Evaluación del rendimiento ($Y_{P/X}$) para los cultivos de *X. dendrorhous* 25-2 inducidos a diferentes concentraciones de H_2O_2 y su efecto en la velocidad especifica de crecimiento (µ, h^{-1}).

Conclusiones. Se demostró la inducción de la biosíntesis de carotenoides y astaxantina por *X. dendrorhous* 25-2 debido al empleo de glutamato en combinación con H2O2. Fue posible incrementar hasta un 17.36% la producción de carotenoides. Este trabajo demuestra que la levadura cuenta con la capacidad metabólica que le permite soportar el estrés oxidativo mediante la sobreproducción de carotenoides y astaxantina.

Agradecimiento. Al CONACYT por la beca asignada de doctorado con número 783291.

Bibliografía.

1. Torres-Haro A, Gschaedler A, Mateos-Díaz JC, Herrera-López EJ, Camacho-Ruíz RM, Arellano-Plaza M. (2021). Processes. 9, 429.
2. Schmidt I, Schewe H, Gassel S, Jin C, Buckingham J, Hümbelin M, Sandmann G, Schrader J. (2011). Appl Microbiol Biotechnol. 89(3), 555–71.
3. Pan X, Wang B, Duan R, Jia J, Li J, Xiong W, Ling X, Chen C, Huang X, Zhang, G, Lu, Y. (2020). Microb Biotechnol.13(5),1446–60.
4. Jiang G, Yang Z, Wang Y, Yao M, Chen Y, Xiao W, Yuan Y. (2020). Biochem Eng J. 156, 107519. **(5)** Sedmak J, Weerasinghe D, Setsuko JS. (1990). Biotechnol Technol. 4, 107–112.

DISEÑO DE MÉTODO RÁPIDO DE MONITOREO DE LA FERMENTACIÓN DE *Clostridium chauvoei*

Daniela Cepeda-Perez, Hector Castañeda-Aponte, Calef Sánchez-Trasviña, Miguel Flores-Gatica, Karla Mayolo-Deloisa, Cuauhtemoc Licona-Cassani, Tecnológico de Monterrey, EIC, Monterrey N.L. 64849, A01039096@itesm.mx

Palabras clave: Clostridium chauvoei, actividad hemolítica, método de monitoreo

Introducción. El agente etiológico de la enfermedad bovina de carbunco sintomático o pierna negra es la bacteria anaerobia gram-positiva *Clostridium chauvoei*. Dicha enfermedad tiene una alta tasa de letalidad causando pérdidas económicas significativas en el sector ganadero. Por esta razón, se han desarrollado vacunas que consisten en el crecimiento de *C. chauvoei* en fermentadores seguido de su inactivación con formaldehído [1]. La producción industrial de esta vacuna enfrenta diversos retos debido a la falta de conocimiento de la fisiología y procesos metabólicos de la bacteria, además de existir pocos métodos rápidos para determinar la bioactividad de las toxinas durante el proceso de fermentación. Esto causa pérdidas en las industrias farmacéuticas debido al rechazo de lotes por no cumplir las especificaciones requeridas para la vacuna. En el presente trabajo se propone un método rápido basado en la lisis de eritrocitos para generar un mapa de bioactividad en fermentaciones industriales y en un sistema de purificación acoplado.

Metodología. Se determinó la actividad hemolítica de acuerdo con la metodología propuesta previamente [2-3] como se muestra en la Fig.1.

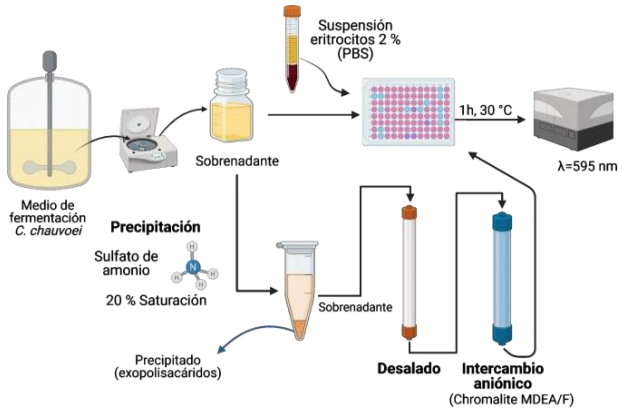


Figura 1. Esquema general de la metodología de actividad hemolítica

Resultados. En la Fig. 2 se observa el porcentaje de lisis con respecto al tiempo de incubación del ensayo, donde hay un incremento en la tasa de lisis conforme transcurre la fermentación. Por medio de cromatografía intercambio aniónico (Fig. 3) se separaron las proteínas responsables de la actividad hemolítica, las cuales son las que interactúan con mayor fuerza con la resina.

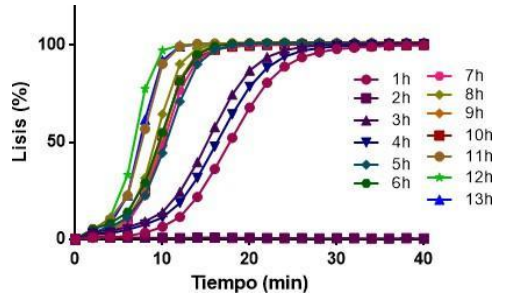


Figura 2. Porcentaje de lisis causado por el sobrenadante de *C. chauvoei* por hora de fermentación en eritrocitos al 2% (v/v).

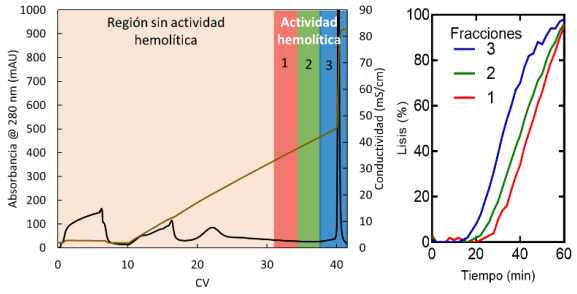


Figura 3. Cromatograma intercambio aniónico y porcentaje de lisis del sobrenadante del medio de cultivo de *C. chauvoei*.

Conclusiones. La bioactividad de toxinas hemolíticas de

C. chauvoei, puede ser monitoreada por un método en microplaca, siendo un posible indicador sobre la patogenicidad y en consecuencia la calidad del cultivo durante una fermentación industrial y sistema de purificación acoplado.

Agradecimiento Los autores agradecen a Purolite por proveer las resinas cromatográficas, al Núcleo de Innovación de Sistemas Biológicos del ITESM, y a Strainbiotech. Calef Sánchez-Trasviña, Miguel Flores-Gatica y Daniela Cepeda-Perez agradecen a CONACYT por las becas (No. beca 415553, 744118 y 939286 respectivamente)

Bibliografía.

1. N. E. Zaragoza (2019)., C. A., G. A., G., E., *Toxins (Basel).*, vol. 11, no. 9, pp. 1–29.
2. B. Hang'ombe (2006), T, M., *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.*, vol. 29, no. 4, pp. 263–268, 2006.
3. S. Koo, S., H., (2019) *ACS Cent. Sci.*, vol. 5, no. 4, pp. 629–639, 2019.

CARACTERIZACIÓN DE CORRIENTES RESIDUALES DE LA DESTILACIÓN DEL TEQUILA PARA USO POSTERIOR EN BIORREFINERÍA

Edgardo Martínez Orozco[1,2], Pablo Gortáres Moroyoqui[1], Norberto Santiago Olivares[2], Ruth Gabriela Ulloa Mercado[1], Luis Alonso Leyva Soto[3], Lourdes Mariana Diaz Tenorio[1],Luis Humberto Alvarez Valencia[1] y Juan Nápoles Armenta[4]

[1]Instituto Tecnológico de Sonora, Dirección de Recursos Naturales, Ciudad Obregón Sonora, C.P. 85000
edgardo.martinezorozco207840@potros.itson.edu.mx

[2]Instituto Tecnológico José Mario Molina Pasquel y Henríquez, Campus Arandas, Ingeniería Ambiental, Arandas, Jalisco, C.P. 47180

[3]Cátedras CONACYT–Instituto Tecnológico de Sonora, Dirección de Recursos Naturales, Ciudad Obregón, Sonora C.P. 85000

[4]Cátedras CONACYT-Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Agronomía, General Escobedo, NuevoLeón, C.P. 66050

Palabras clave: biocombustibles, biorrefinería, destilación

Introducción. En el proceso de destilación del tequila de dos etapas en alambiques, se obtienen seis efluentes residuales. En la primera etapa se obtiene mosto residual, cabezas y colas mientras que en la segunda etapa se obtiene flemazas (fracción no evaporada), cabezas y colas. El mosto residual es una mezcla compleja que sirve de base para las vinazas tequileras y generalmente se mezcla con las flemazas [1], aunque enocasiones pueden agregarse cabezas y colas de primeray segunda etapa.
El objetivo de este estudio es caracterizar las 5 corrientes volátiles residuales del proceso de destilación del tequila para determinar uso posterior en biorrefinería.

Metodología. Se obtuvieron muestras de cabezas ycolas de destilación de primera etapa y muestras de cabezas y colas de destilación, así como flemazas de segunda etapa de tres tequileras distintas. Se analizaroncon cromatografía de gases para detectar contenido de etanol, metanol, acetaldehído, acetato de etilo, n- propanol, sec-butanol, iso-butanol, n-butanol, iso- amílico, n-amílico y lactato de etilo conforme a la norma NOM-006-SCFI-2012 [2].

Resultados. Los resultados de la composición química se muestran en las figuras 1 (compuestos principales) y 2 (compuestos menores) en porcentaje masa.

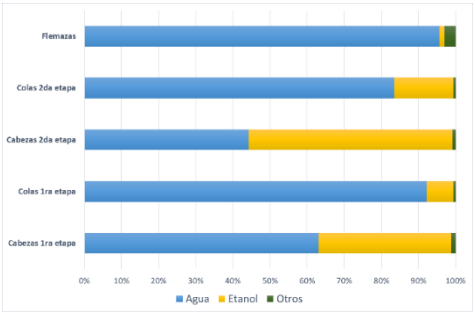


Fig. 1. Composición química de compuestos principales

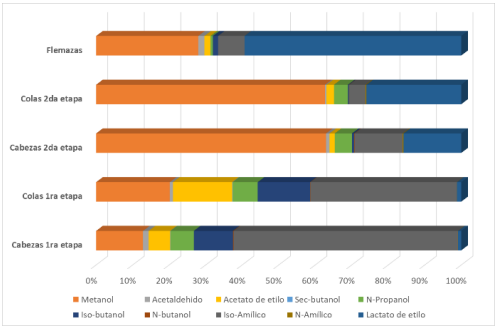


Fig. 2. Composición química de compuestos menores.

Conclusiones. Basados en el principio de separación de corrientes es más fácil destinar los efluentes para otros procesos. Las cabezas de destilación de segunda etapapueden utilizarse como biocombustible en calderas de biomasa o en combinación con otros combustibles fósiles para otros usos. Las cabezas de destilación de primera o segunda etapa pueden utilizarse para venta como mezcla alcohólica industrial para usos como solventes. Las corrientes con menor contenido alcohólico pueden redirigirse para producción de metano o biohidrógeno, así como también para recuperación de agua.

Agradecimiento. Esta investigación fue realizada con el apoyo del programa SEP-SES-PRODEP 511-6/2019.- 7840, el Instituto Tecnológico de Sonora y el Instituto Tecnológico José Mario Molina Pasquel y Henríquez.

Bibliografía.

1. López-López, A.; Contreras-Ramos, S.M. (2015) Tratamiento de Efluentes y Aprovechamiento de Residuos. En *Ciencia y Tecnología Del Tequila: Avances y Perspectivas*, CIATEJ, México, 343-378.

2. Secretaría de Energía. NOM-006-SCFI-2012 Bebidas alcohólicas-Tequila-especificaciones, DOF 13/12/2012

DEPENDENCIA DE LA PRODUCTIVIDAD CELULAR EN LA TASA DE AIREACIÓN DE UN BIORREACTOR AIRLIFT: UG CONSTANTE Y VARIABLE

Edgar N. Tec Caamal[1], Sergio A. Medina-Moreno[2], Ana G. Rojas Labrada[1], Luz M. Pérez-Montoya[1].
[1]Departamento de Ingeniería Química, Universidad Mexiquense del Bicentenario, 54910, Tultitlán de Mariano de Escobedo, México. [2]Departamento de Biotecnología, Universidad Politécnica de Pachuca, 43830 Hidalgo, México.
luz.perez@umb.mx

Palabras clave: reactor airlift, aeración, productividad.

Introducción. Las condiciones hidrodinámicas de un biorreactor determinan la productividad, rendimiento y tasa de degradación en sistemas multifásicos donde el hidrocarburo es empleado como fuente de carbono (1). La aeración es empleada como la variable manipulable para la generación de cambios en la hidrodinámica del reactor. Se ha observado que el empleo de tasas de aeración variable puede resultar en altas productividades con un menor gasto energético (2). El objetivo de este trabajo es comparar la productividad celular de un consorcio microbiano degradador de hidrocarburos cuando es cultivado en condiciones de aeración (Ug, cm/s) constante y variables.

Metodología. Se empleó un consorcio microbiano degradador de hidrocarburos aislado de la rizosfera de *Cyperus laxus*, el cual estuvo compuesto por: *Acintetobacter voubetti, Shewanella* sp., *Defluvibacter lusatiensis, Xanthomonas* sp, el cual fue cultivado en un medio mineral (3). El hexadecano (HXD) fue utilizado como fuente de carbono. Para la determinación del crecimiento microbiano se empleó la técnica gravimétrica (sólidos suspendidos). Se utilizó un reactor airlift de 2 L de volumen de operación, equipado con controlador Applikon (Netherlands).

Resultados. La Fig. 1 muestra la comparación de productividad celular en reactores de agitaciónneumática con diferentes concentraciones de HXD, empleando Ug constante y variable durante el proceso. Las condiciones de Ug variable presentaron mejores productividades. Asimismo, se observó una disminución en el gasto energético (~33%) en el proceso (1,3).

Conclusiones. El empleo de estrategias de Ug variables mejoran la productividad celular y disminuyen el consumo energético del proceso.

Agradecimiento. Los autores agradecen a la Universidad Politécnica de Pachuca por proveer materiales e instalaciones para la realización de los experimentos.

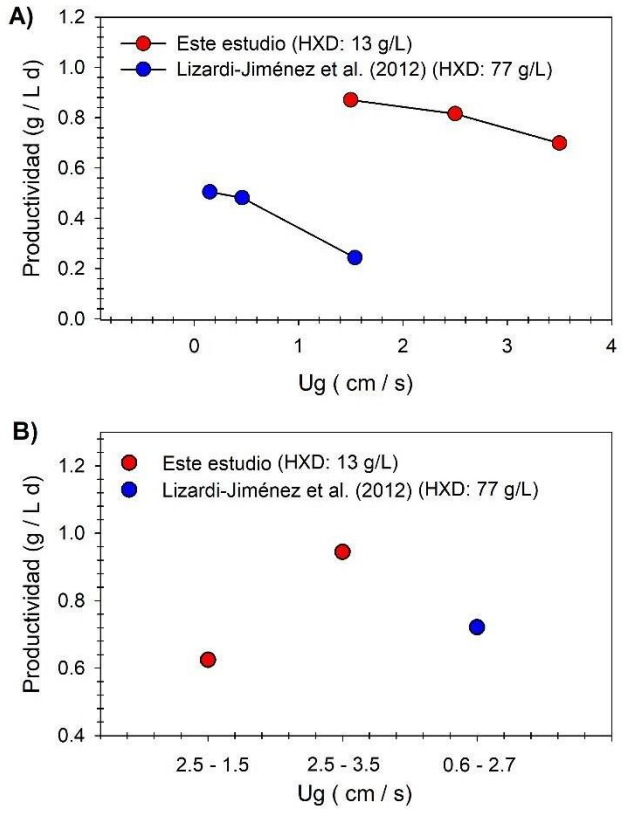


Fig. 1. Efecto de la aeración en la productividad celular. A) Ug constante, B) Ug variable

Bibliografía.

1. Medina-Moreno S.A., Conde-Báez L., Jiménez-González A., Aguilar-López R., Rodríguez-Vázquez R., Tec-Caamal E.N. (2020) Biochem. Eng. J. 160: 107611.
2. Lizardi-Jiménez M.A., Castañeda-Saucedo G., Thalasso F., Gutiérrez-Rojas M., (2012). Chem. Eng. J. 187:160-165.
3. Medina-Moreno S.A., Jiménez-González A., Gutiérrez-Rojas, M., Lizardi-Jiménez M.A. (2013). Int Biodeterior Biodegrad. 84:1-7.

MODELADO MATEMÁTICO DE LA PRODUCCIÓN DE ɣ-DECALACTONA POR *Yarrowia lipolytica EN UN REACTOR CONTINUO.*

Juan L. Avila González, Alan Kevin Pineda, Enya Arantza Cárcamo, Victor M. Sánchez Santos, Rigel V. Gómez Acata, Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Departamento de Bioingeniería, Región Ciudad de México 52926, rigel@tec.mx

Palabras clave: Yarrowia lipolytica, biotransformación, ɣ-decalactona

Introducción. La ɣ-decalactona es la molécula característica del olor y sabor del durazno, y se ha demostrado que puede ser biotransformada mediante el uso de la levadura *Y. lipolytica* (Pereira, *et al.*, 2017); esta molécula es de gran importancia en la industria para ser usada como aditivo. A la fecha, se han realizado estudios de biotransformación en reactores de producción en lote, lote alimentado y de flujo oscilatorio (Gomes, *et al* 2012, Reis, N. *et al* 2006).

El presente documento aborda el modelado matemático de un reactor con operación en lote y en continuo, para la producción de ɣ-decalactona.

Metodología. Se recopilaron los datos reportados por García (2007), donde se utilizó *Y. lipolytica* para la biotransformación utilizando metil ricinoleato como sustrato. Realizando un ajuste paramétrico en MATLAB, de datos cinéticos, con el siguiente modelo matemático, para: biomasa (*x*), sustrato (*s*) y producto (*p*).

$$\frac{dx}{dt} = (\mu - k_d) \cdot x \qquad \text{Ec. (1).}$$

$$\frac{ds}{dt} = -\left(\frac{\mu}{Yxs} + \frac{\alpha\mu+\beta}{Yps}\right) \cdot x \qquad \text{Ec. (2).}$$

$$\frac{dp}{dt} = (\alpha\mu + \beta) \cdot x \qquad \text{Ec. (3).}$$

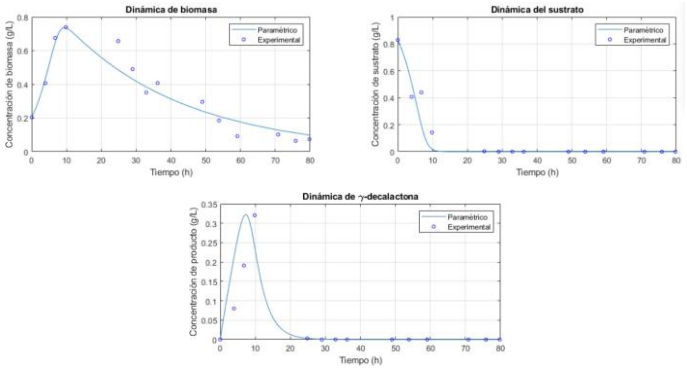


Fig. 1. Ajuste Paramétrico del crecimiento de *Y. lipolytica* en crecimiento en lote. Arriba a la izquierda se encuentra la dinámica de la biomasa a través del tiempo; arriba a la derecha se encuentra la dinámica del sustrato; abajo se encuentra la dinámica del producto.

Resultados. Los resultados del sistema de ecuaciones diferenciales, obteniendo los parámetros cinéticos de $\mu_{max} = 0.309$, $ks = 0.27$, $Y_{x/s} = 0.85$, $kd = 0.029$, $Y_{x/p} = 40$, $\alpha = 1.292$, $\beta = 0$ y $\gamma = 0.299$.

Posteriormente, se analizó *in silico* la producción de ɣ-decalactona en cultivo continuo, obteniéndose el siguiente diagrama de operación (Fig. 2):

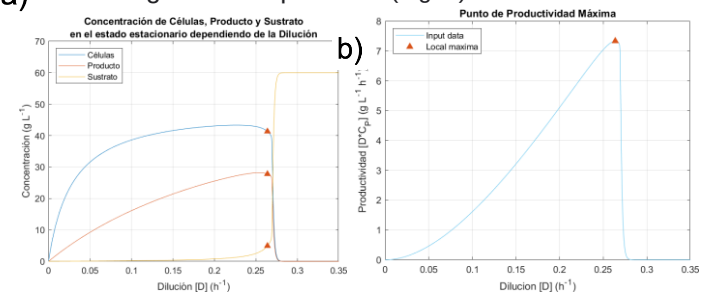


Fig. 2. a) Diagrama de operación de la producción de ɣ-decalactona; b) Diagrama de Productividad de ɣ-decalactona. En el punto máximo (rojo) indica la condición de máxima productividad.

Tabla 1. Concentración de Biomasa/Producto/Sustrato en Máxima Productividad a una Tasa de Dilución de 0.2639 h^{-1}

Variable	Concentración Alcanzada
Sustrato	4.91 g/L
Biomasa	41.31 g/L
ɣ-decalactona	27.77 g/L

Conclusiones. Se propuso un modelo matemático preciso, para predecir la producción ɣ-decalactona, con un coeficiente de correlación de 0.97. Por simulación se observó que la productividad de ɣ-decalactona en cultivo continuo, es mucho mayor que en cultivo por lote.

Agradecimientos. Victor Adrian Sosa Hernández por su colaboración en el desarrollo del script, para la optimización de los valores de los parámetros cinéticos.

Bibliografía.

García, E. E., Belin, J.-M., & Waché, Y.. (2007). Use of a Doehlert factorial design to investigate the effects of pH and aeration on the accumulation of lactones by Yarrowia lipolytica. Journal of Applied Microbiology, 103(5), 1508–1515. https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2007.03379.x

Gomes, N., Teixeira, J. A., & Belo, I. (2012). Fed-batch versus batch cultures of Yarrowia lipolytica for γ-decalactone production from methyl ricinoleate. Biotechnology letters, 34(4), 649-654.

Pereira de Andrade, D., Carvalho, B. F., Schwan, R. F., & Dias, D. R. (2017). Production of γ-Decalactone by Yeast Strains under Different Conditions. Food technology and biotechnology, 55(2), 225–230. https://doi.org/10.17113/ftb.55.02.17.5009

Reis, N., Gonçalves, C. N., Aguedo, M., Gomes, N., Teixeira, J. A., & Vicente, A. A. (2006). Application of a Novel Oscillatory Flow Micro-bioreactor to the Production of γ-decalactone in a Two Immiscible Liquid Phase Medium. Biotechnology Letters, 28(7), 485–490. doi:10.1007/s10529-006-0003-x

EFECTO DEL ZINC Y CALCIO EN LA PRODUCCIÓN DE ETANOL A PARTIR DE DIFERENTES FUENTES DE CARBONO POR *Mucor circinelloides C1502 (MN128960)*

Hector Manuel Fonseca Peralta[1], Karen Virginia Pineda Hidalgo[1], Claudia Castro Martinez[2], Ignacio Contreras Andrade[1]. 1 Universidad Autonoma de Sinaloa, Facultad de ciencias Quimico Biologicas, Culiacan, Sinaloa. C.P. 80060. 2 Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa (IPN, CIIDIR SINALOA). Instituto Politécnico Nacional, Guasave, Sinaloa. C.P. 81049. h.fonseca.fcqb@uas.edu.mx

Palabras clave: Xilosa, Mucor circinelloides, etanol

Introducción. *Mucor circinelloides* es un hongo dimorfo que presenta ventajas para convertir hexosas y pentosas en etanol al ser una especie positiva para efecto crabtree, y además tiene la capacidad de degradar la celulosa y hemicelulosa [1]. De acuerdo con reportes en la literatura el calcio favorece la producción de etanol en especies del genero Mucor, al inducir su forma levadurifome, mecanismos que no están del todo dilucidados [2]. Por otro, lado se ha demostrado que el zinc puede llegar a aumentar la producción de etanol en diversos hongos al participar como cofactor en la enzima alcohol deshidrogenasa (adh) [3]. Es por ello que en este trabajo se buscó evaluar la capacidad de la cepa de *M. circinelloides* C1502 (MN128960) y los efectos del calcio y del zinc para convertir xilosa y glucosa en etanol.

Metodología. La estrategia experimental consta de dos partes. Un estudio preliminar, para evaluar el efecto individual de CaCl (1, 2 g/L) y $ZnSO_4.7H_2O$ (0.5, 1 g/L) en la producción de etanol a partir de xilosa y glucosa. Y una optimización del rendimiento de etanol a partir de xilosa variando las concentraciones de zinc y calcio por superficie de respuesta, utilizando el software Design expert 10. La concentración de etanol, xilosa, glucosa y xilitol fueron cuantificados por UHPLC (ultra high-pressure liquid chromatography) en un equipo Acquity Arc (WATERS, USA). Se utilizó como fase móvil H_2SO_4 al 0.005 M a un flujo de 0.6 ml/min en una columna Aminex HPX-87H (300 x 7.8 mm) (BIO-RAD, USA).

Resultados. En la tabla 1, se muestran los rendimientos obtenidos del estudio preliminar. En la tabla 2 se muestran los resultados obtenidos a partir de la optimización de etanol en xilosa, así como los tratamientos empleados. En la figura 2 se presenta una gráfica de contorno donde las zonas óptimas se muestran en color naranja donde las concentraciones óptimas predichas para el CaCl es de 1.78 g/L y de $ZnSO_4.7H_2O$ es de 0.220 g/L.

Tabla 1. Rendimientos de etanol y xilitol a partir de glucosa y xilosa

Estándar	Etanol g/ Glucosa g	Etanol g/ Xilosa g	Xilitol g/ Xilosa g
CaCl 1g/L	0.42±0.00^{a}	0.28±0.00^{a}	0.15±0.00^{a}
CaCl 2 g/L	0.35±0.12^{b}	0.27±0.01^{ab}	0.17±0.00^{a}
$ZnSO_4.7H_2O$ 0.5 g/L	0.42±0.01^{a}	0.26±0.04^{ab}	0.07±0.01^{b}
$ZnSO_4.7H_2O$ 1 g/L	0.42±0.00^{a}	0.17±0.03^{b}	0.11±0.01^{b}
Control	0.44±0.00^{a}	0.27±0.02^{a}	0.11±0.02^{b}

*Letras diferentes representan diferencia significativa. Prueba Tukey (α= 0.05).

Tabla 2. Diseño experimental para la optimización del rendimiento de etanol (g/g).

Estándar	CaCl (g/L)	$ZnSO_4.7H_2O$ (g/L)	Y:s/p Xilitol (g/g)	Y:s/p Etanol (g/g)
1	0.220	0.366	0.09	0.16
2	1.280	0.366	0.13	0.15
3	0.220	2.134	0.08	0.17
4	1.280	2.134	0.09	0.16
5	0.000	1.250	0.08	0.18
6	1.500	1.250	0.09	0.17
7	0.750	0.000	0.11	0.10
8	0.750	2.500	0.07	0.16
9	0.750	1.250	0.08	0.17
10	0.750	1.250	0.10	0.19
11	0.750	1.250	0.08	0.17
12	0.750	1.250	0.08	0.16
13	0.750	1.250	0.10	0.20

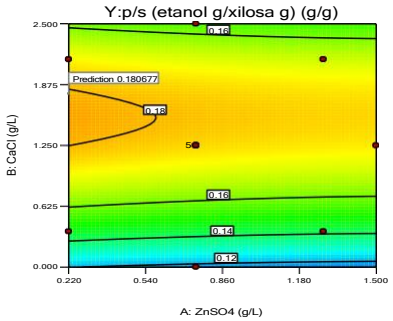


Fig. 1. Grafica de superficie de respuesta para optimizar el rendimiento de etanol a partir de xilosa.

Conclusiones. El calcio y el zinc no tienen efecto en la producción de etanol a partir de glucosa. Sin embargo, en xilosa, el calcio induce producción de etanol mientras que el zinc disminuye los rendimientos de etanol y xilitol. Por lo que lo que se puede inferir que el efecto se encuentra durante la isomerización de xilosa o en la ruta de la pentosa fosfato.

Agradecimiento. FCQB, UAS por la facilitación de sus instalaciones. IPN, CIIDIR SINALOA por el apoyo para la realización de este proyecto.

Bibliografía.

1. Lübbehüsen TL, Nielsen J, Mcintyre M. (2004). *Applied microbiology and biotechnology*. Vol (63): 543-548
2. Lee SC, Calo S, Heitman J. (2013). PLOS pathogens. Vol (9):e1003625
3. Sues A, Millati R, Edebo L, Taherzadeh MJ. (2005). FEMS yeast research. Vol (5): 667-676

REPRODUCCIÓN DE LA ZONA DE ADICIÓN DE GLUCOSA DE CULTIVOS ALIMENTADOS DE *E. coli* RECOMBINANTE TERMOINDUCIBLE MEDIANTE ESCALAMIENTO DESCENDENTE

Greta I. Reynoso-Cereceda[1*], Néstor O. Perez[2], Norma A. Valdez-Cruz[1], Mauricio A. Trujillo-Roldán[1*].
[1] Unidad de Bioprocesos, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas UNAM, CDMX 04510. [2] Unidad de Investigación y Desarrollo, Probiomed S.A. de C.V., Tenancingo, Edo. De México 52400.
* gretareynoso@gmail.com; maurotru@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: E. coli, termoinducción, alta densidad celular.

Introducción. Durante la termoinducción de proteína recombinante (PR) en *E. coli* esta tiende a agregarse en cuerpos de inclusión (CI). Los cultivos por lote alimentado con la adición de glucosa generan una alta densidad celular y elevadas productividades. Sin embargo, en la escala productiva en las cercanías del punto de adición se forma una zona de alta concentración de glucosa y oxígeno disuelto limitante (1,2). A su paso por esta zona, las células desencadenan respuestas a nivel transcripcional y metabólico (1,3), hasta el momento se desconoce cómo dichas respuestas impactan en la producción de PR y su agregación en CI. El objetivo de este trabajo es analizar la respuesta cinética del cultivo, la arquitectura y pureza de los CI en *E. coli* W3110 termoinducible productora de rHuGM-CSF cuando es expuesta a gradientes oscilantes de concentración de glucosa y oxígeno disuelto.

Metodología. *E. coli* (K-12 W3110) es propiedad de Probiomed S.A. de C.V. y expresa rHuGM-CSF (factor estimulador de crecimiento de granulocitos y macrófagos) bajo un promotor termoinducible. Los cultivos control de alta densidad celular se realizan en un biorreactor de tanque agitado (BTA) con 1.2 L de medio mínimo (1) iniciando con una fase lote, seguida por la alimentación exponencial de glucosa. La producción de rHuGM-CSF se induce con el cambio de 30ºC a 39ºC. Para la reproducción de la zona de adición de glucosa se interconectó un biorreactor de flujo pistón (BFP) a un BTA y se evaluó el comportamiento del flujo midiendo los perfiles de tiempo de residencia (t_R). En dicho sistema se realizaron cultivos con el punto de adición de glucosa a la entrada del BFP. Se tomaron muestras para cuantificar concentración celular, glucosa y ácidos orgánicos. Los CI obtenidos se analizan en geles SDS-PAGE y sus características estructurales mediante susceptibilidad a la degradación por proteinasa K y agentes caotrópicos, y su análisis por FTIR-ATR (4).

Resultados. Durante el lote y el lote alimentado los cultivos muestran perfiles cinéticos reproducibles (Fig. 1). Sin embargo, durante el periodo de termoinducción a 39°C en los cultivos realizados en la configuración de dos compartimentos BTA-BFP donde se reproduce la zona de adición de glucosa con t_R medios de 25 y 40 s, se observa la tendencia a disminuir la concentración celular hasta un ~40%, la velocidad específica de crecimiento se detiene por completo y se observa también la tendencia incrementada de acumular glucosa (de 0 hasta ~10 g/L), así como acetato (hasta ~5 g/L) y formato (hasta ~3 g/L) en el medio conforme el t_R a lo largo del BFP es mayor.

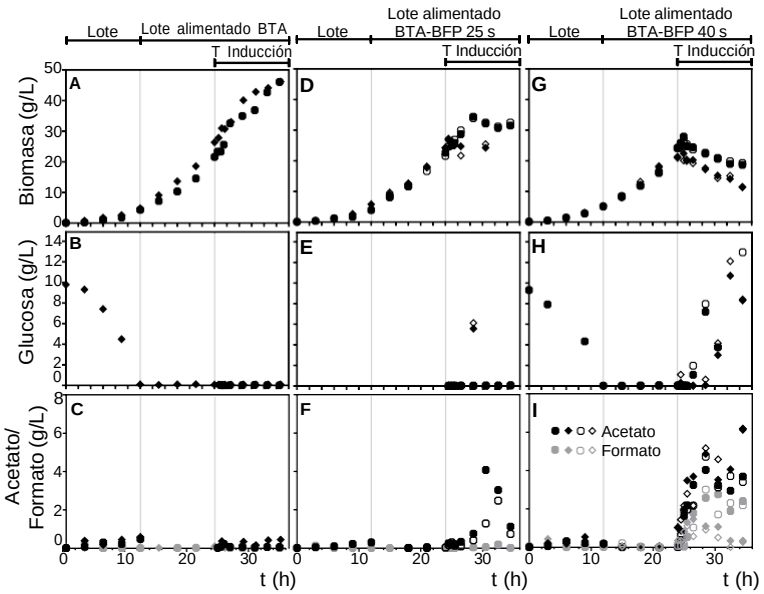


Fig. 1. Cultivos de *E. coli* en un BTA bien mezclado (A, B, C) y en el modelo a escala de la zona de adición de glucosa con un tiempo de residencia medio en la sección BFP de 25 s (D, E, F) o 40 s (G, H, I). Concentración de células (A, D, G), glucosa (B, E, H), acetato y formato (C, F, I). Las líneas superiores indican la línea de tiempo de los cultivos, con las primeras 12 h operando en lote, seguidas de la alimentación exponencial y la termoinducción de la proteína recombinante.

Conclusiones. Cultivos creciendo en el sistema interconectado BTA-BFP donde se reprodujo la región de adición de glucosa, mostraron una reducción de crecimiento y biomasa final, así como acumulación de metabolitos asociados a la ruta de fermentación ácido-mixta y sobreflujo metabólico.

Agradecimiento. Posgrado en Ciencias Biomédicas, UNAM, CONACYT (becas de doctorado CVU. No. 478675). Programa Institucional del Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM: "La producción de biomoléculas de interés biomédico en bacterias y hongos".

Bibliografía.

1. Schweder T, Kruger E, Xu B, *et al*. (1999) *Biotechnol Bioeng* 65:151–159.
2. George S, Larsson G, Enfors SO. (1993). *Bioprocess Biosyst* Eng 9. 249-257.
3. Anane E, Córcoles García A, Haby B, et al.(2019) *Biotechnol Bioeng* 116:2906–2918.
4. Calcines-Cruz C, Olvera A, Castro-Acosta RM, *et al*. (2018) *Int J Biol Macromol* 108:826-836.

IDENTIFICACIÓN DE UN SOFOROLÍPIDO LACTÓNICO DIACETILADO PRODUCIDO POR *Starmerella bombicola* EN CULTIVO EN MEDIO SÓLIDO

Ricardo Marín Sánchez[1,2], José de Jesús Cázares Marinero[2], Lorena Pedraza Segura[3]. Gerardo Saucedo Castañeda[1]
[1].Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Cd. de México, C.P. 09340. [2].Polioles S.A. de C.V., Departamento de Investigación, Lerma, Estado de México, C.P. 52000. [3].Departamento de Ingeniería y Ciencias Químicas, Universidad Iberoamericana, Cd. de México, C.P. 01219. rmarin_90@hotmail.com y saucedo@xanum.uam.mx

Palabras clave: soforolípidos, cultivo en medio sólido, Starmerella bombicola

Introducción. El cultivo en medio líquido (CML) ha sido ampliamente difundido y estudiado en la producción de biosurfactantes, sin embargo, el cultivo en medio sólido (CMS) no ha tenido la misma atención (1) esto incluye a los soforolípidos (SL) producidos por *S. bombicola*. En este trabajo se propone la producción e identificación de SL por CMS. Se pretende demostrar que con el CMS se pueden obtener rendimientos de SL comparables al CML. Por otra parte, es de interés la elucidación estructural del compuesto predominante en el producto de CMS.

Metodología. El CMS de *S. bombicola* ATCC 22214 se realizó en columnas de vidrio usando aserrín como soporte y aceite de cártamo y glucosa como fuentes de carbono. El metabolismo se monitoreó midiendo la concentración de CO_2 en los gases de salida (2). Los SL se recuperaron con extracción sólido-líquido usando acetato de etilo y posteriormente se separaron mediante cromatografía preparativa con sílica y un sistema $CH_3OH/CHCl_3$. El compuesto más abundante recuperado en las fracciones se analizó por FTIR (ATR), MS (ESI-ToF) y RMN (1H, 13C, COSY, HSQC, HMBC).

Resultados. El contenido final de SL a las 240 h fue de 0.19±0.01 g $_{\text{soforolípidos}}$/g $_{\text{materia seca}}$, y el rendimiento fue de 0.46±0.01 g $_{\text{soforolípidos}}$ / g $_{\text{(aceite+glucosa)}}$. La Figura 1 muestra las cinéticas de consumo aceite y glucosa y producción de SL. Uno de los compuestos predominantes en CMS es un soforolípido lactónico diacetilado, identificado por técnicas espectroscópicas (Figura 2).

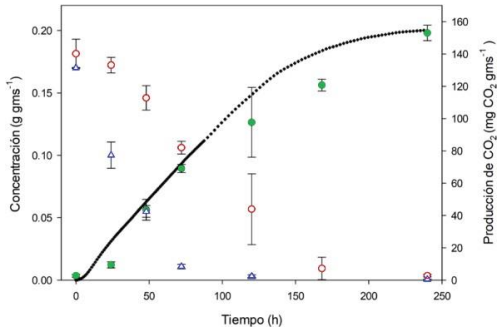


Fig. 1. Cinéticas de producción (, CO_2, ⬮ soforolípidos) y consumo (○ aceite y Δ glucosa).

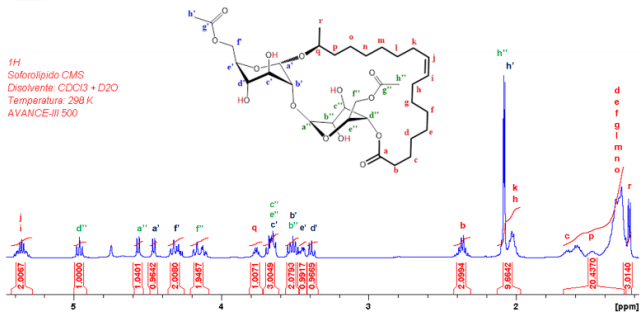


Fig. 2. Espectro de RMN 1H del soforolípido purificado y estructura propuesta

Conclusiones. El CMS usando aserrín como soporte demostró ser una alternativa viable para obtener buenos rendimientos en la producción de SL con *S. bombicola*. Uno de los principales productos en este cultivo fue un soforolípido lactónico diacetilado.

Agradecimientos. RMS agradece a CONACyT por la beca proporcionada (CVU 928786) y a la UAM y Polioles por el apoyo brindado.

Bibliografía.

1. Banat, I., Carboué, Q, Saucedo-Castañeda, G y Cázares-Marinero. (2021) *Bioresour. Technol.* 320, Part A, 124222.
2. Saucedo- Castañeda, J. G., Favela-Torres, E., Viniegra- González, G., Torres-Mancera, M.T., Figueroa-Montero, A. A. y Rosales-Zamora, G. Sistema de respirometría con administración remota para el monitoreo en línea de la concentración de CO_2 y O_2 y flujo de los gases de salida en procesos biológicos. México, 336733. (Int.Cl.8:C12Q1/02; G01N33/497). 22 enero 2016. 25 abril 2033.

DISEÑO, CONSTRUCCIÓN, INSTRUMENTACIÓN Y CONTROL DE UN FOTOBIORREACTOR PARA LA OBTENCIÓN DE ALMIDÓN A PARTIR DE *Chlamydomonas reinhardtii*

María Fernanda González Barajas, Eimy Alejandra Vázque Bello, Froylán M.E. Escalante, Efrén Aguilar Garnica,
Universidad Autónoma de Guadalajara, Av. Patria 1201, Lomas del Valle, Zapopan, Jalisco 45129.
efren.aguilar@edu.uag.mx

Palabras clave: Control, Bioplástico, Microalgas.

Introducción. Las microalgas son un conjunto de plantas unicelulares y fotosintéticas, predominantemente acuáticas, que tienen el potencial de producir biocombustibles y bioplásticos entre otros compuestos. En específico, la microalga *Chlamydomonas reinhardtii* posee la capacidad de producir almidón en diversas configuraciones y escalas incluyendo fotobiorreactores.

El objetivo de este trabajo fue poner en operación un fotobiorreactor con iluminación interna capaz de regular pH, temperatura, flujos de aire y CO_2 para obtener almidón a partir de la microalga *Chlamydomonas reinhardtii* crecida en medio TAP axénico.

Metodología. El fotobiorreactor fue diseñado como un cuerpo cilíndrico de 16.4 L equipado con un airlock, sensores de pH y temperatura, mecanismos de aireación, de ingreso de CO_2, de intercambio de calor y de extracción de muestras así como tiras de luces LED. El fotobiorreactor cuenta con un sistema de control automático ON-OFF de temperatura y pH y de regulación de aireación e iluminación que fueron desarrollados en la plataforma Siemens Tia PortalV16

Resultados. En la figura 1a se muestra el fotobiorreactor diseñado según lo descrito. El crecimiento de la microalga en el fotobiorreactor en términos de su densidad se muestra en la figura 1b. La máxima densidad (3.65 mg/L) se obtiene al día 8 de operación y se observa un crecimiento sigmoidal continuo a lo largo del periodo de prueba. El análisis de contenido de almidón se realizó únicamente para la prueba del día 9 de operación (por ser el último y en el que se asume máxima concentración de almidón) obteniéndose un contenido de almidón de 9.20 ± 0.2 (% m/m). En términos de productividad este valor corresponde a 0.042 g/Ld.

a) b)

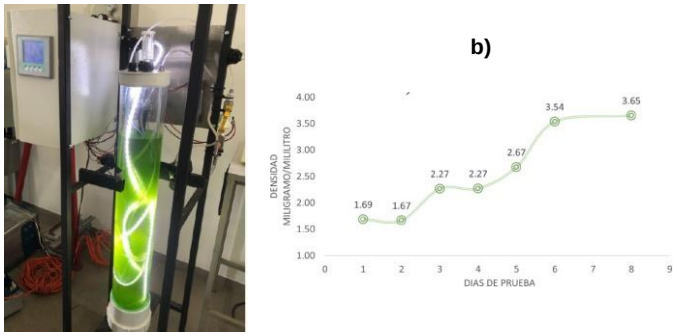


Fig. 1.a) Fotobiorreactor en funcionamiento; b) Curva de crecimiento de la microalga

Conclusiones. Fue posible obtener 9.2 % de almidón en peso seco de microalga operando el fotobiorreactor en medio axénico a 25 °C, pH=7.3 y 0.67vvm. Se observó la efectividad de los controladores ON-OFF tanto para regular la temperatura como el pH.

Agradecimiento. El presente trabajo se desarrolló con financiamiento del COECyTJAL a través del fondo: FODECIJAL 2019 para el proyecto “Síntesis de biopelículas con base en almidón y lignina para la fabricación de bolsas de un solo uso” con número de clave 8239.

Bibliografía.

1. Markou, G. (2020). Overview of microalgal cultivation, biomass processing and application. En: *Handbook of algal science, technology and medicine*. Academic Press, United Kingdom
2. Oncel, S., Kose, A. (2014). *Bioresource Technology* 151, 265-270.
3. Mathiot, C., Ponge, P., Gallard, B., Sassi, J.F., Delrue (2019). *Carbohydrate Polymers*, 208, 142- 151.
4. Gifuni, I., Oliviere, G., Krauss, I.R. D’Errico, G., Pollio, A., Marzocchella, A.. (2017) *Chemical Eng. Transactions* 57. 1423-1427.

PRODUCCIÓN DE BIOMASA EN UN BIOREACTOR AGITADO USANDO AGITADOR DE PROXIMIDAD MEDIANTE EL MÉTODO SPH.

Gerardo Martínez-Herrera, Tzayam Pérez-Segura, Agustín R. Uribe-Ramírez, Carlos E. Alvarado-Rodríguez, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Guanajuato, Guanajuato, Gto, 36050, gmartínezherrera@ugto.mx .

Palabras clave: Método SPH, Bioreactor, Agitador de proximidad

Introducción. La simulación de un bioreactor agitado es un fenómeno complejo multifísico, debido a que involucra geometrías complejas, superficie libre y grandes deformaciones en el fluido. La complejidad aumenta si añadimos un crecimiento microbiano susceptible a cualquier cambio. Las simulaciones numéricas resultan llamativas para predecir dichos fenómenos. El método SPH tiene las ventajas de simular las geometrías complejas de los agitadores, rastrear la biomasa en zonas específicas, e implementar fácilmente modelos cinéticos microbianos en sistemas biológicos. Se logra establecer una relación entre los fenómenos de trasporte y la cinética microbiana en un bioreactor.

Metodología. El crecimiento microbiano se realiza en un bioreactor escala laboratorio de *1 L*, lleno al 70% de un fluido viscoso newtoniano con una viscosidad y densidad de *0.1 Pa.s* y *1310 g/cm*^{3}, respectivamente. La distribución de biomasa se efectúa mediante el agitador de proximidad Ancla. Los parámetros cinéticos y la velocidad de crecimiento máxima pertenecen a la bacteria *Azotobacter Vinelandii* ATCC 9046 para producir alginato y fueron obtenidos de [2]. Se utiliza el código libre DualSPHysics basado en el método SPH para simular el movimiento del fluido mediante las ecuaciones de momento y continuidad [1]. Se implementan la cinética microbiana y la ecuación de advección-difusión para estudiar la distribución y producción simultánea de biomasa en el bioreactor. El coeficiente de difusión a *298.15 K* de biomasa y sacarosa es $D = 6.61X10^{-8}\ m^2/s$. El tiempo de simulación es de *24 s*, y las velocidades de agitación son *30, 50 y 75 rpm*. El inoculo inicial tiene una concentración de biomasa inicial de $x_i = 0.19962\ g/L$.

Resultados.
La producción de biomasa está influida por la convección creada por el agitador, la difusión por el movimiento molecular y por la cinética microbiana. Para cuantificar la biomasa se omite la cantidad del inoculo inicial (0.040 g). En la Tabla 1 se muestra la producción de biomasa activa de *Azotobacter Vinelandii* y su respectivo aumento por el sistema agitado del bioreactor a las diferentes velocidades de agitación.

Tabla 1. Aumento de producción de biomasa activo debido al agitador Paravisc en bioreactor en 24 s.

	Velocidad	Biomasa	Incremento de biomasa
Ancla	30 rpm	0.1397 g	348.79 %
	50 rpm	0.1645 g	410.55 %
	75 rpm	0.2020 g	504.29 %

En la Figura 1, se muestra la distribución de biomasa debido al movimiento de Ancla en el bioreactor y su respectiva escala a la derecha.

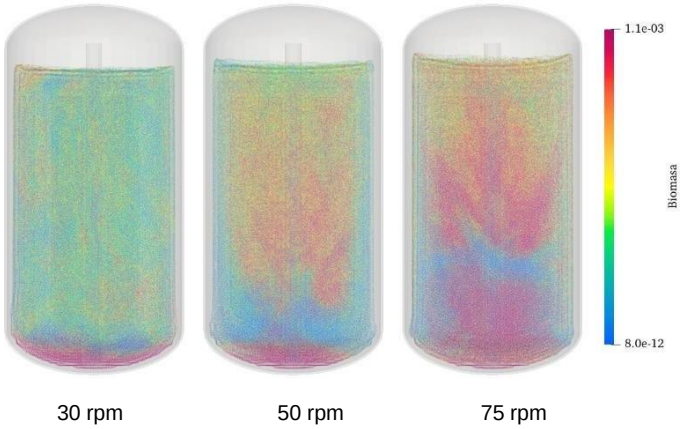


Figura 1. Distribución de biomasa en bioreactor agitado usando Ancla.

Conclusiones. El método SPH predice el aumento en la producción de biomasa del microorganismo *Azotobacter Vinelandii* hasta en 500% debido al uso del agitador Ancla a 75 rpm. Adicionalmente, el código implementado permite visualizar las zonas con altas y bajas concentraciones de biomasa de forma gráfica. Se ha logrado relacionar los fenómenos de transporte con la cinética microbiana.

Agradecimiento. G. M. H. agradece al CONACyT por el apoyo para la investigación.

Bibliografía.

1. Godoy A. & Díaz A. (2015) Influencia de la velocidad de agitación sobre la producción de alginato en cultivos por lotes de una mutante de Azotobacter vinelandii no productora de PHB (Tesis de Pregrado), Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Valparaíso, Chile.
2. Crespo, A. J., Domínguez, J. M., Rogers, B. D., Gómez-Gesteira, M., Longshaw, S., Canelas, R. J. F. B., ... & García-Feal, O. (2015). *Comp. Phy. Com.*, *187*, 204-216.

DEGRADACIÓN DE RESIDUOS DE LA FRUTA DE GRANADO PARA LA OBTENCIÓN DE COMPUESTOS FENÓLICOS.

Brenda Nayetxi Luna Jiménez[1], Armando Robledo Olivo[2]*, Susana González Morales[3], Adalberto Benavides Mendoza[4], José Antonio González Fuentes[4], Marcelino Cabrera De la Fuente[4]

[1]Maestria en Ciencias en Horticultura, UAAAN. [2]Depto. de C. y Tec. de Alimentos, UAAAN. [3]CONACYT-UAAAN, [4]Depto. de Horticultura, UAAAN. *armando.robledo@outlook.com

Palabras clave: ellagitannins, ellagic acid, Aspergillus niger.

Introducción. La fermentación en estado sólido (SSF) ha sido objeto de un interés creciente debido a su potencial para aplicaciones industriales, la SSF de residuos de granada por *Aspergillus niger* se ha desarrollado y optimizado ampliamente para la recuperación de ácido elágico (EA), un bioactivo de alto valor [1], el cual puede liberarse solo después de una hidrólisis extensa o por biodegradación [2, 3, 4], utilizando materiales vegetales ricos en elagitaninos gracias a la actividad tanin-acil hidrolasa de estos hongos [4].

El objetivo de esta investigación es la obtención de compuestos fenólicos simples a partir de la degradación fúngica de los residuos de granada.

Metodología. El experimento se realizó en el Laboratorio de Fermentaciones del Dpto. de C. y T. de Alimentos en la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), Unidad Saltillo. Se realizó un proceso de fermentación empleando los residuos del fruto de granado como soporte-sustrato y una cepa de *Aspergillus niger* M4, para la obtención de compuestos fenólicos. Se efectuaron 4 cinéticas, con dos dosis de glucosa (1 y 14 g) como fuente de carbono adicional. La fermentación se realizó en cajas Petri de 20 ml y 10 ml, estas contenían 4 g de muestra y 10 ml de medio Czapek Dox inoculados con 1×10^6 esporas por gramo de soporte, incubándose a 30°C. Las muestras se controlaron cinéticamente cada 0, 12, 24, 36, 48, 72, 96, 120 y 144 h. De los extractos obtenidos se evaluaron, azúcares totales y reductores, fenoles hidrolizables, flavonoides, taninos condensados y biomasa. Finalmente se seleccionó la cinética que contenía el punto de mayor producción de compuestos fenólicos.

Resultados.
El proceso de fermentación fúngica permitió la degradación de los residuos de granado y liberó compuestos fenólicos. La figura 1 muestra la cinética de producción de fenoles hidrolizables, presentando un incremento de fenoles en el tratamiento C.G. 1 g/L (glucosa) durante las primeras 72 h. El punto máximo de producción fue a las 96 h, lo que representa 1.7 veces más que los valores iniciales. Posterior a este tiempo, se presenta un decrecimiento significativo. Esto muestra que el microorganismo es capaz de degradar los polifenoles presentes en el extracto, generando ácidos fenólicos monoméricos. El decrecimiento se puede deber a la producción de otros compuestos o a la quelación de los ácidos fenólicos con metales o proteínas.

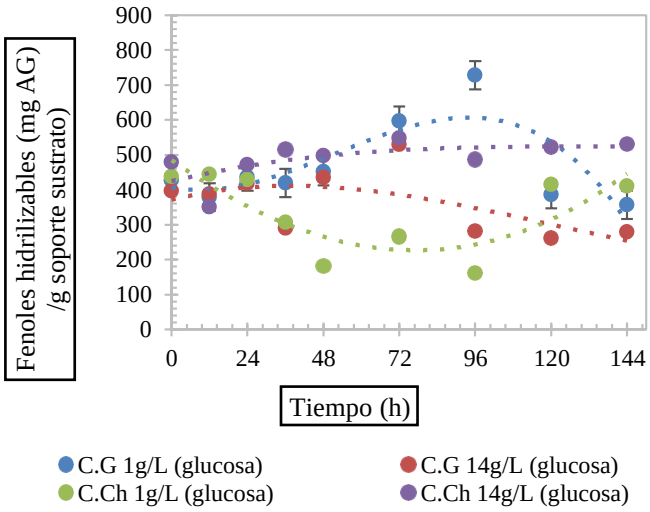


Fig. 1. Cinéticas de producción de ácido gálico

Conclusión. La cepa de *Aspergillus niger* M4 degrado los residuos de granada generando compuestos fenólicos.

Bibliografía.

[1] Moccia, F., *et al*. Ellagic Acid Recovery by Solid State Fermentation of Pomegranate Wastes by *Aspergillus niger* and Saccharomyces cerevisiae: A Comparison. Molecules. 2019, 24(20), 3689.
[2] García-Villalba, R., *et al*. Un método validado para la caracterización y cuantificación de elagitaninos extraíbles y no extraíbles después de la hidrólisis ácida en frutos, jugos y extractos de granada. J. Agric. Food Chem. 2015, 63, 6555–6566.
[3] Aguilar-Zarate, P., *et al*. Ellagitaninos: biodisponibilidad, purificación y degradación biotecnológica. Mini-Rev. Medicina. Chem. 2018, 18, 1244–1252.
[4] Ascacio-Valdés, JA., *et al*. La vía de biodegradación completa de elagitaninos por *Aspergillus niger* en fermentación en estado sólido. J. Basic Microbiol. 2016, 56, 329–336.

PRODUCCIÓN DE ÁCIDO KÓJICO BAJO TRES CONCENTRACIONES DIFERENTES DE EXTRACTO DE LEVADURA COMO FUENTE DE NITRÓGENO

Tomasa Quiterio Gutiérrez[1], Armando Robledo Olivo[2*], Susana González Morales[3], Adalberto Benavides Mendoza[4], José Antonio González Fuentes[4], Fabián Fernández Luqueño[5]
[1] *Doctorado en Ciencias en Agricultura Protegida, UAAAN.* [2]*Depto. de Ciencia y Tecnología de Alimentos, UAAAN.* [3]*CONACYT-UAAAN.* [4]*Depo de Horticultura, UAAAN.* [5]*Cinvestav-Unidad Saltillo.*[*armando.robledo@outlook.com](mailto:armando.robledo@outlook.com)
Palabras clave: *Liquid fermentation, fungus, antioxidant*

Introducción. El ácido kójico (AK) es una γ-pirona, similar a los flavonoides de los compuestos fenólicos, capaz de actuar como agente quelante de minerales como Fe^{+3}, Al^{+3}, Cu^{+2} y Zn^{+2} (1). El AK es producido por varias especies de hongos durante la fermentación aeróbica de varios sustratos (2). El ácido kójico es multifuncional y con propiedades ácidas débiles, además de sus diversos usos en varios campos, como la industria cosmética, la medicina, la industria alimentaria, la agricultura y la industria química (2:3). El ácido kójico puede utilizarse para preservar productos agrícolas, particularmente vegetales y frutas, durante el almacenamiento al inhibir la acción de la polifenol oxidasa (PPO) (4). El objetivo de la presente investigación fue: Evaluar la producción de ácido kójico mediante tres concentraciones diferentes de extracto de levadura como fuente de nitrógeno más la adición de sulfato de zinc por medio de una fermentación en medio líquido.

Metodología. Este trabajo se desarrolló en el Departamento de C. y Tec. de Alimentos, ubicado en la UAAAN-Saltillo. El trabajo consistió en la elaboración de cuatro cinéticas diferentes por medio de un proceso de fermentación en líquido, empleando la cepa *Aspergillus niger* M4. Se emplearon matraces Erlenmeyer de 200 mL y un volumen de 20 mL de medio, inoculados con $1x10^7$ esporas por mL a 125 rpm y 30°C. Se empleó glucosa como única fuente de carbono, y para inducir la síntesis de AK, se utilizó extracto de levadura a 3 diversas concentraciones como fuente de nitrógeno, así como la adición de sulfato de zinc. Se analizaron los fermentados de los días 0 al 23 tomando alícuotas cada 96 horas. De los extractos obtenidos se evaluó: biomasa, azucares reductores, y el contenido de ácido kójico.

Resultados

De acuerdo a los resultados obtenidos (Figura 1) el mayor rendimiento en la producción de AK para los tratamientos A y B fue a las 192h, aumentando un 75% y 87% comparado con el día cero. Mientras que los tratamientos C y D obtuvieron una mayor concentración de un 91% y 81% en 96h, comparados con el día cero.

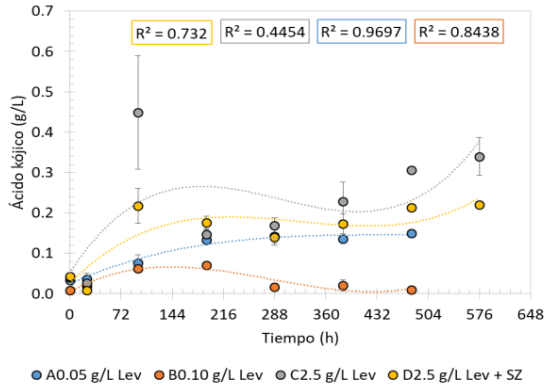


Figura 1 Efecto de la inducción de la síntesis de AK mediante tres concentraciones diferentes de levadura.

Conclusión. Las diferentes concentraciones de extracto de levadura afectan el rendimiento en la producción de AK. La adición de sulfato de zinc interfiere con la síntesis de AK en tiempos prolongados de fermentación.

Bibliografía

[1] Sajadi, Z., Shidfar, F. Hydrophilic Phytochelators in Iron Overload Condition. Journal of Nutrition and Food Securiti. 2018, 4(2): 142-151.
[2] Ammar-AM, H., et al. Improved production of kojic acid by mutagenesis of Aspergillus flavus HAk1 and Aspergillus oryzae HAk2 and their potential antioxidant activity. 3 Biotech. 2017, vol 7:276, p. 1-13.
[3] Rodrigues, AG (2016). Secondary Metabolism and Antimicrobial Metabolites of Aspergillus. New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering.
[4] Promsang-A., et al. Effect of culture conditions and medium compositions on kojic acid production by Aspergillus oryzae ATCC 10124. Earth and Environmental Science, 2019, 012047

AISLAMIENTO DE LEVADURAS INVOLUCRADAS CON LA PRODUCCIÓN DE MEZCAL EN DURANGO

Manuel Alejandro Moran Espituñan*, Itza Nallely Cordero Soto, Pablo Jaciel Adame Soto, Silvia Marina González Herrera, Luz Araceli Ochoa Martínez, Olga Miriam Rutiaga Quiñones, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Durango, Depto de Ing. Química y Bioquímica, Durango Dgo. 34200,
Manuelalejandromoe4@gmail.com, omrutiaga@itdurango.edu.mx

Palabras clave: Agave duranguensis, Saccharomyces, Bebida fermentada.

Introducción. En el estado de Durango, la producción de mezcal ha cobrado importancia en los últimos años, debido a su impacto económico y características organolépticas particulares. La especie de agave que se emplea en esta región para la obtención de mezcal es el *Agave duranguensis.* El proceso de producción se lleva a cabo en cuatro etapas principales: cocción, molienda, fermentación y destilación (Soto-García *et al*.,2009). De estas etapas, la fermentación es primordial, ya que en este paso los microorganismos transforman los azúcares en etanol y otros metabolitos secundarios que contribuyen a la composición química del mezcal (Martell Nevárez *et al.,* 2011). Se ha reportado que en esta etapa intervienen sucesivamente varias especies de levaduras *Saccharomyces* y no-*Saccharomyces,* las cuales deben ser estudiadas para mejorar el rendimiento de etanol y la calidad del mezcal (Paez-Lerma *et al.,* 2010). El objetivo de este trabajo fue el aislamiento de microbiota levaduriforme que interviene en el proceso de fermentación del *Agave duranguensis.* **Metodología**. Inicialmente se monitoreó una vinata tradicional de Nombre de Dios, Durango, en donde se obtiene Mezcal artesanal usando como materia prima el *Agave duranguensis,* evaluando dos tiempos de fermentación. El aislamiento se realizó utilizando 2 medios selectivos YDP-5% Etanol, y un medio YDP-antibiótico. Las levaduras fueron agrupadas de acuerdo con la morfología que presentaron y se estableció de esta manera, la dinámica de poblaciones presentes en las vinatas. Posteriormente, se evaluó el crecimiento de las levaduras aisladas, durante 4 a 5 días en medio selectivo Agar nutritivo WL (Pallmann *et al.,* 2001). **Resultados**. Los resultados obtenidos en el monitoreo de la vinata mostraron que las levaduras presentes fueron semejantes en los medios de cultivo evaluados, en la tabla 1 se detalla el número de levaduras aisladas. Estas levaduras, representan las morfologías predominantes en ambos tiempos de fermentación. El medio YDP-5% Etanol, es un medio que favorece el aislamiento de levaduras del género *Saccharomyces*; por otra parte, el medio YDP-antibiótico, permite aislar levaduras no-*Saccharomyces*. En este sentido, es importante destacar que es en este último, donde se encuentran más número de aislados. Se ha reportado que cepas distintas de *Saccharomyces* aisladas de la fermentación de agave son tolerantes a altas concentraciones de etanol (Páez-Lerma *et al.,* 2013). Las morfologías más representativas de todas las levaduras aisladas se muestran en la figura 3. Donde se agrupan en 25 grupos, con características de tamaño, forma y color con diferentes intensidades de verde y crema.

Tabla 1. Cepas aisladas del proceso de fermentación con *Agave durangensis*

	LEVADURAS AISLADAS		
Tiempo (h)	YDP- 5% Etanol	YDP-antibiótico	Total
16	48	60	108
48	39	51	90



Fig. 2. Morfología de levaduras obtenidas en medio Agar nutritivo WL) a 30°C durante 5 días de incubación.

Conclusiones. En la fermentación de *Agave duranguensis* para la producción de Mezcal, se encuentran presenten levaduras tipo *Saccharomyces y no-Saccharomyces*, estas últimas son las levaduras predominantes al final la fermentación. El uso del medio selectivo ayudo a establecer la dinámica de población.

Agradecimiento. Al posgrado MCyTAF y al proyecto Cocyted 2019-01. “Estudio y conservación de la biodiversidad de levaduras en procesos tradicionales para la elaboración de Mezcal en Durango”.

Bibliografía.

1. E. Soto-García, M. Rutiaga-Quiñones, J. López-Miranda, L. Montoya-Ayón, O. Soto-Cruz,2009. Effect of fermentation temperature and must processing on process productivity and product quality in mescal fermentation. Food Control,20,3,307-309,https://doi.org/10.1016/j.foodcont
2. Martell Nevárez. (2011). Effect of fermentation temperature on chemical composition of mescals made from *Agave duranguensis* juice with different native yeast genera. *African Journal of Microbiology Research*, *5*(22), 3669–3676. https://doi.org/10.5897/ajmr11.467
3. Páez-Lerma, J. B., Arias-García, A., Rutiaga-Quiñones, O. M., Barrio, E., & Soto-Cruz, N. O. (2013). Yeasts Isolated from the Alcoholic Fermentation of *Agave duranguensis* During Mezcal Production. *Food Biotechnology*, *27*(4), 342–356.
4. Paez-Lerma Jesús Bernardo, Rutiaga-Quiñones, O. M., & N., Aguilar-González Cristobal, Quiroz Arratia, José Apolinar, S. C. N. O. (2010). Predominant Microorganisms Along Alcoholic Fermentation of *Agave duranguensis*. *Agrofaz*, *10*(2), 167–173.
5. Pallmann, CL, Brown, JA, Olineka, TL, Cocolin, L., Mills, DA y Bisson, LF (2001). Uso de medio WL para perfilar fermentaciones de flora nativa. Revista estadounidense de enología y viticultura, 52 (3), 198-203.

CARACTERIZACIÓN DE LA TRANSFERENCIA DE MOMENTUM Y MASA EN UN BIORREACTOR DE FERMENTACIÓN EN MEDIO SÓLIDO EMPACADO CON SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES

Gerardo A. Gómez-Ramos[a], Moíses Couder-García[b], Brianda Rivera- Rivero[b], Carlos O. Castillo-Araiza[b*], Sergio Huerta-Ochoa[a], Lilia Arely Prado-Barragan[a*]

a Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, Av. San Rafael Atlixco 186 Col. Vicentina, 09340, CDMX, México

b Departamento de IPH, Grupo de Procesos de Transporte y Reacción en Sistemas Multifásicos, Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, 09340, CDMX, México

*lapb@xanum.uam.mx; *coca@xanum.uam.mx

Palabras clave: Momentum, transferencia de masa, fermentación en medio sólido.

Introducción. La fermentación en medio sólido (FMS) se define como el crecimiento de microorganismos sobre partículas sólidas húmedas en ausencia de agua libre [1]. En FMS existen pocos trabajos en los que se caracteriza la transferencia de masa (TM) durante el proceso, perdiendo información valiosa sobre el grado dispersión dentro del biorreactor. Una acercamiento viable para el diseño y caracterización de este tipo de sistemas es la evaluación hidrodinámica y su impacto en la TM; sin embargo, hasta la fecha la caracterización hidrodinámica no se ha considerado adecuadamente, en particular la influencia de las resistencias viscosas e inerciales en las velocidades locales y, por lo tanto, en la dispersión de O_2, afectando el coeficiente y el modulo de dispersión, dichos parámetros son esenciales en el diseño y escalamiento de los biorreactores. El objetivo de este trabajo fue la caracterización hidrodinámica y de TM en un sistema de FMS abiótico empacado con subproductos agroindustriales.

Metodología. Se empaco un biorreactor de charola con subproductos agroindustriales (cascaras de frutas y pasta de soya a una relación C/N=10), y se mantuvo a una temperatura de 318.15 K; la TM se evaluó por el método de estímulo-respuesta, el cual consiste en desplazar todo el O_2 del biorreactor utilizando un gas inerte (N_2) e inyectando pulsos de aire (desde 1.25 hasta 6.25 VKgM) para determinar en línea la concentración de O_2 en el sistema. El coeficiente de dispersión se estimó resolviendo el siguiente modelo (Ecuación 1):

$$\frac{\partial C_{O_2}}{\partial t} = D_{ax}\frac{\partial^2 C_{O_2}}{\partial z^2} - v_z\frac{\partial C_{O_2}}{\partial z} \qquad \text{Ecuación 1}$$

Donde C_{O_2} es la concentración de oxígeno; D_{ax} es el componente axial de dispersión y v_z es el componente axial de la velocidad pseudo-local.

Resultados. La Figura 1 muestra los datos y predicciones de la concentración de O_2 obtenidos mediante el modelo matemático (Ecuación 1), e incorporando los perfiles de velocidad obtenidos previamente [2], a partir de la información obtenida, se determinaron los descriptores que caracterizan el fenómeno, es decir, el coeficiente (D_{ax}) y el módulo de dispersión ($D_{ax}.v_z^{-1}.L^{-1}$), ver tabla 1. Se puede observar que el ajuste es satisfactorio ya que se obtiene una tendencia similar a los datos experimentales; la desviación en la parte final del proceso puede explicarse en función de posibles fenómenos de retro mezclado o canalización, esto podría sugerir que existen áreas con mínima presencia de O_2. Los resultados y la validación del modelo matemático proveen información que permite una primera aproximación a la mejora del diseño conceptual de los procesos de FMS.

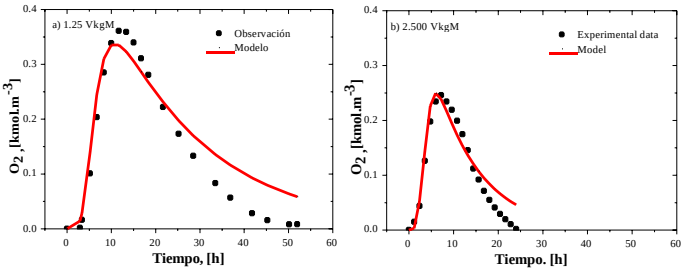


Figura 1. Perfiles de concentración de oxígeno a diferentes flujos de aireación, a) 1.875 y b) 2.500 todos en VkgM.

Tabla 1. Descriptores de TM: coeficiente y módulo de dispersión.

VkgM	$D_{ax}.v_z^{-1}.L^{-1}$	D_{ax} ($m^2.s^{-1}$)
1.250	177.76	$2.595 \times 10^{-3} \pm 2.204 \times 10^{-4}$
2.500	169.36	$4.234 \times 10^{-3} \pm 2.479 \times 10^{-4}$
6.250	158.50	$5.286 \times 10^{-3} \pm 4.628 \times 10^{-4}$

Conclusiones. Los resultados del coeficiente D_{ax} y el módulo de dispersión (> 0.01) indican que existe dispersión rápida en el sistema, lo que indica que no se cuenta con una velocidad tipo flujo pistón; es decir, existen variación de la velocidad en función de la posición, lo cual permite puntualizar la relevancia de la hidrodinámica en los procesos de FMS.

Agradecimiento. Los autores Gerardo A. Gómez-Ramos, Moíses Couder-García y Brianda Rivera estudiantes de posgrado agradecen al CONACyT el apoyo económico para la realización de la presente investigación.

Bibliografía.

1. D. Mitchell, M. Berovix, N. Krieger, A. Biochem. Eng. Biotechnol. (2000) 61–138.
2. G. A. Gómez-Ramos, C. Castillo-Araiza, S. Huerta-Ochoa, M. Couder-García, A. Prado-Barragan Chemical Engineering Journal 375 (2019).

ESCALAMIENTO DE LA RUPTURA DE *E. coli* PARA EL DISEÑO DE UN MOLINO CONTINUO PARA LA RECUPERACIÓN DE PLÁSMIDO

Rayza Herrera Imperial[a], Patricia Guerrero-Germán[a], Armando Lucero-Acuña[a], Jaime Ortega-López[b], Armando Tejeda Mansir[c] [a] Departamento de Ingeniería Química y Metalurgia, Universidad de Sonora, Hermosillo, 83000. rayza.herrera@hotmail.com
[b] Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, CINVESTAV, Ciudad de México. 0736, México.
[c] Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Universidad de Sonora, Hermosillo, 83000, México.
Palabras clave: Lisis mecánica, Plásmido, E. coli

Introducción. La demanda de ADN plasmídico ha aumentado en respuesta a los rápidos avances en las aplicaciones de vacunas. Sin embargo, el uso de operaciones unitarias eficientes en el diseño de un bioproceso para la recuperación y purificación de ADNp que sean sostenibles significa un gran desafío. El método utilizado para el rompimiento celular es considerado el paso crítico dentro del bioproceso ya que de él dependerá la cantidad y calidad del producto deseado (1). La molienda con perlas resulta ser una técnica eficiente para el rompimiento de la bacteria *E. coli* y obtener una alta recuperación de plásmido de buena calidad.

Metodología. Se obtuvo biomasa de *E. coli* hospedando el pVAX1-NH36, para efectuar la lisis y recuperar el ADNp. La lisis se realizó en un molino Marca RETSCH MM400 en recipientes 2, 10, 35 y 50 mL con perlas de zirconio de diámetro de 200-400 □m, para estudiar el grado de mezclado y grado de ruptura por medio del "Modelo de Tanques en serie perfectamente agitados" (2). En los lisados obtenidos en cada recipiente se analizó la calidad por medio de electroforesis en gel de agarosa y la concentración del ADNp por cromatografía de interacción hidrofóbica (HIC) (3).

Resultados. El escalamiento para el diseño de un molino continuo se desarrolló basándose de datos de diseño de equipo. Se tomaron los parámetros tiempo de residencia (t_R = 5 min) y volumen libre del molino (V_M = 0.05 L). Se calculó la constante de velocidad de rompimiento (k) y concentración máxima de plásmido liberado (Rm) de acuerdo con una cinética de rompimiento de primer orden. Se calculó la liberación de ADNp siguiendo el modelo cinético de primer orden Ec (1) y se comparó con la liberación de acuerdo con el Modelo de Tanques en serie perfectamente agitados Ec, (2), Tabla 1.

$$\frac{R_m}{R_m - R} = e^{kt} \qquad (1)$$

$$\frac{R}{R_m - R} = \left(1 + \frac{k}{N} t_R\right)^N \qquad (2)$$

Tabla 1. Cálculo de tanques en serie perfectamente agitados.

V_M	V_R	k	e^{kt}	$\left(1+\frac{k}{N}t_{Re}\right)^N$	Eficiencia etapa	Eficiencia global
(mL)	(L)	(min^{-1})				
2	0.0015	0.2531	1.039	1.039	0.001	3.73
10	0.006	0.212	1.136	1.135	0.015	11.95
35	0.016	0.4412	2.026	1.890	0.184	50.63
50	0.021	0.4635	2.647	2.262	0.290	62.22

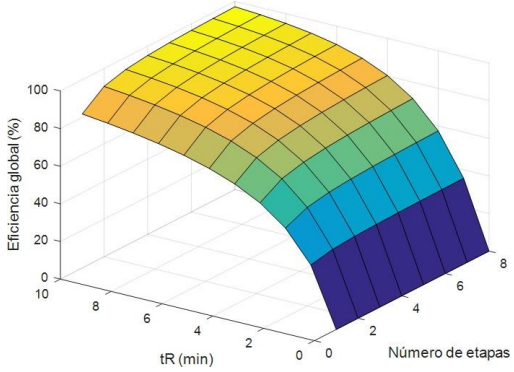


Fig. 1. Eficiencia global de la molienda continua en función del número de etapas y tiempo de residencia.

Conclusiones. El estudio de escalamiento basado en datos experimentales permite estimar el comportamiento de una operación para tiempos de residencia mayores y por lo tanto mayor volumen de trabajo dentro del molino. El estudio electroforético (no mostrado) indica que es posible obtener ADNp superenrollado de buena calidad por medio de una molienda con perlas de zirconio.

Agradecimiento. Proyecto CONACYT 257411CB 2016.

Bibliografía.

1. Prazeres D. M. F. (2011). *Plasmid biopharmaceuticals: basics, applications, and manufacturing*. John Wiley & Sons. Estados Unidos. 443-446.

2. Tejeda M. A., Montesinos C. R. M., Guzmán, R. (2011). *Bioseparaciones*. Editorial UniSon-PEARSON. Segunda Edición. México180-193.

3. Diogo, M. M., Queiroz, J.A., Prazeres, D.M.F. (2003) Chromatography. *J. Chromatogr A*, *998*(1-2), 109-117

LEVADURAS Y HONGOS FILAMENTOSOS AMILOLÍTICOS PRESENTES EN EL POZOL

Teresa E. Martínez-Oropeza, Romina Rodríguez Sanoja
Departamento de Biología molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, A.P. 70228, Ciudad Universitaria,Coyoacán C.P. 04510, Ciudad de México, México. Tel.: 5556229191 e-mail: romina@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: pozol, almidón, hongos.

Introducción. El pozol es una bebida de origen maya elaborada con masa de maíz fermentado que se consume en el sureste de México. Uno de los pasos que involucra su elaboración es la nixtamalización, proceso en el cual la sacarosa y los demás azúcares libres se reducen dejando al almidón como el principal sustrato disponible para el crecimiento de diversos microorganismos (1). La mayoría de los estudios realizados se enfocaron en la descripción y caracterización de las bacterias acido lácticas presentes, sin embargo, se ha comprobado que estas bacterias son pobremente amilolíticas (2). Siendo los hongos, especialmente los filamentosos, reconocidos por su capacidad de producir grandes cantidades de amilasas, el objetivo de este trabajo fue identificar a los hongos amilolíticos presentes en la masa de pozol a diferentes tiempos de fermentación.

Metodología. Se realizaron caracterizaciones macro y microscópicas de los aislados, se comprobó la actividad amilolítica de los mismos mediante revelado en caja con yodo (3), se llevó a cabo la extracción de DNA genómico (4), se amplificaron las regiones espaciadoras transcritas internas (ITS) para llevar a cabo la identificación de los microorganismos (5) y se realizó la búsqueda de hidrolasas en CAZy.

Resultados. Se identificaron 33 aislados de hongos amilolíticos a diferentes horas de fermentación presentes en el pozol, agrupados en los géneros *Candida, Pichia, Trichosporon y Cladosporium.* Se encontraron 16 aislados pertenecientes a *Candida*, el cual fue el género presente en todas las horas de fermentación. *Cladosporium* fue el único género de hongos filamentosos amilolítico encontrados en la masa. La búsqueda en CAZy no mostró hidrolasas en estos microorganismos.

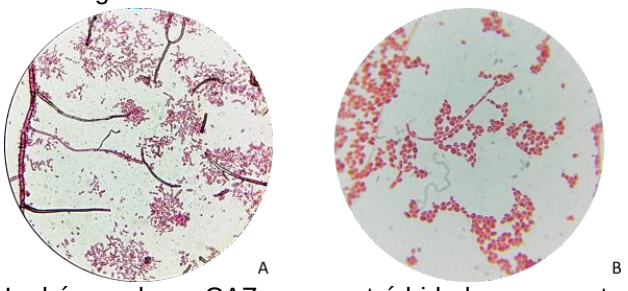


Fig. 1. Micrografías de aislados de hongos filamentosos (A) y levaduras (B). Tinción de eritrosina al 0.5%

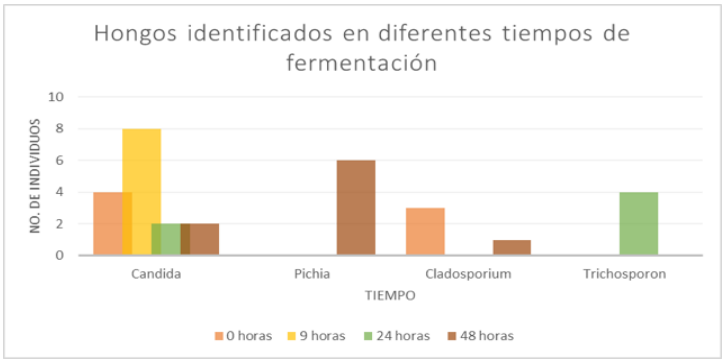


Fig 2. Gráfica de géneros de hongos amilolíticos presentes en el pozol.

Conclusiones. Se corroboró la actividad amilolítica de hongos filamentosos y levaduras en placa y se identificaron 33 aislados, pertenecientes a los genera Cladosporium, Candida, Pichia y Trichosporon. Todos estos microorganismos ya habían sido mencionados en diferentes alimentos fermentados en todo el mundo, pero es la primera vez que se reportan como amilolíticos presentes en la masa del pozol. El hecho de no encontrar en las bases de datos enzimas relacionadas con la capacidad de hidrolizar almidón de estos microorganismos, se explica por la poca investigación realizada en hongos comparada con toda la información disponible de bacterias, lo cual debe subsanarse ya que los hongos son microorganismos importantes que nos ayudarían a dilucidar interacciones ecológicas en este y otros alimentos fermentados.

Agradecimiento. Este trabajo fue financiado por la Universidad Nacional Autónoma de México, proyecto DGAPA IN 223917.

Bibliografía.

1. Wacher, C., Cañas, A., Barzana, E., Lappe, P., Ulloa, M., Owens, J. D. (2000). *Food microbiology, 17*, 251-256.
2. Díaz-Ruiz, G., Guyot, J. P., Ruiz-Terán, F., Morlon-Guyot, J., Wacher, C. (2003). *Applied and Environmental Microbiology*, 4367-4374. doi:10.1128/AEM.69.8.4367- 4374.2003
3. Fogarty, W. M. (1983). Microbial amylases. En W. M. Fogarty, *Microbial enzymes and biotechnology* 1-92. London: Applied Science Publishers.
4. Van Burik, J. A., Schreckhise, R. W., White, T. C., Bowden, R. A., Myerson, D. (1998). *Medical Mycology* , 299-303.
5. Raja, H. A., Miller, A. N., Pearce, C. J., Oberlies, N. H. (2017). *Journal of natural products*, 756-770

Producción de ramnolípidos con un microorganismo no patógeno

María Alejandra Pichardo Sánchez, José de Jesús Cázares Marinero[1], Sergio Andrés Alatorre Santamaria, Luis Víctor Rodríguez Durán[2], J. Gerardo Saucedo Castañeda
Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Ciudad de México CP 09310; [1] Polioles S.A. de C.V., Departamento de Investigación y Desarrollo, Lerma, Estado de México, C.P. 52000. [2] Universidad Autónoma de Tamaulipas, Unidad Académica Multidisciplinaria Mante, Cd. Mante, Tamaulipas, C.P. 89840
alebiot@xanum.uam.mx; saucedo@xanum.uam.mx

Palabras clave: Biosurfactante, Ramnolípidos, Burkholderia thailandensis .

Introducción. Los biosurfactantes (BS) son moléculas anfifílicas de origen microbiano y son una alternativa sustentable a los surfactantes de origen químico. *Burkholderia thailandensis* es una bacteria no patógena productora de ramnolípidos (RL) con potencial de uso comercial (1). Los RL están constituidos por mono y disacáridos de ramnosa (Rha) unidos por un enlace éster a una o dos moléculas de ácido graso hidroxilado. Dependiendo del número de unidades de ramnosa existen monoRL o diRL, el número de unidades de ácido graso crea sub-especies de mono y diRL (2).

El objetivo de este trabajo fue evaluar la cinética de producción de RL y obtener RL de *B. thailandensis* para utilizarlo como un estándar en futuros experimentos.

Metodología. *B. thailandensis* E264 fue cultivada en un medio líquido que contenía caldo nutritivo con glicerol (4 %). Como biorreactores se usaron matraces Erlenmeyer de vidrio con tres deflectores, se incubaron con agitación de 150 rpm a 30 °C durante 11 días. La recuperación del producto se realizó siguiendo la metodología propuesta por Funston *et al*. (3), el crecimiento, y la producción de BS se determinó gravimétricamente por triplicado. El producto recuperado se analizó por las técnicas espectroscopia infrarroja (FTIR-ATR), cromatografía en capa fina (CCF) y tensión superficial medida a 20 °C.

Resultados. El crecimiento microbiano se ajustó al modelo logístico mientras que la formación del producto se ajustó al modelo de Luedeking-Piret (Fig 1).

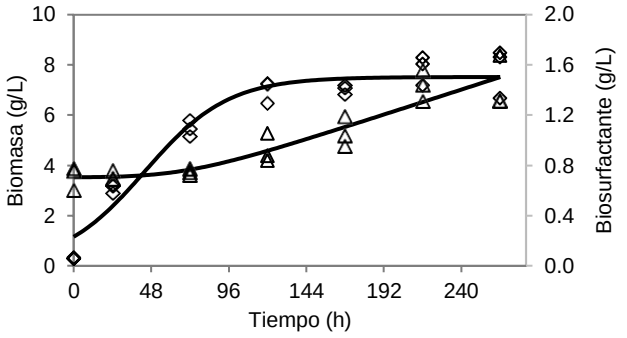


Fig. 1 Cinética de crecimiento y producción de biosurfactante en matraces con deflectores.

En los espectros de los BS producidos por *B. thailandensis* (Fig, 2) se observaron las vibraciones características de los grupos metino, metileno y metilo en 2924 y 2855 cm^{-1} que corresponden a cadenas hidrocarbonadas, en 1724 cm^{-1} donde absorbe el enlace éster (CO=O).

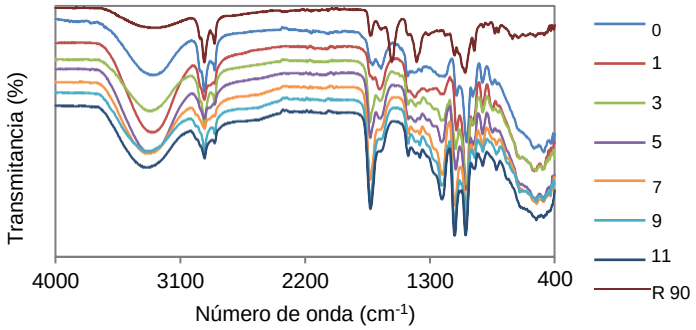


Fig. 2 Espectros FTIR-ATR del biosurfactante producido por *B. thailandensis* E264, cada espectro responde a los días monitoreados.

Los BS producidos redujeron la tensión superficial del agua hasta 37 mN/m mientras que el estándar de RL comercial con 90% de pureza la disminuye a 34 mN/m, el resultado obtenido es consistente con lo reportado por Díaz de Rienzo *et al*. (4). La separación cromatográfica (Fig. 3) evidenció compuestos que probablemente corresponden a Di-RL.

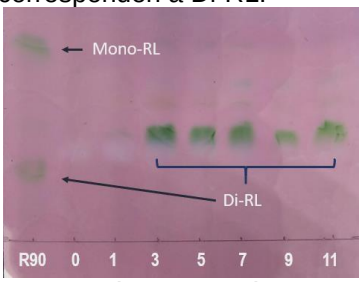


Fig. 3 Separación cromatográfica de los BS

Conclusiones El análisis por FTIR sugiere que el BS producido por *B. thailandensis* es similar a un RL comercial, sin embargo, el análisis por CCF revela que estructuralmente son distintos. El estándar comercial que se utilizó es producido por una cepa de *Pseudomonas* y se sabe que este género produce RL con una cadena lipídica de 10 carbonos mientras que *Burkholderia* sintetiza mayoritariamente Di RL con 14 carbonos.

Agradecimiento. Al Posgrado en Biotecnología de la UAM I, al CONACyT por la beca otorgada y a Polioles S.A. de C.V.

Bibliografía.

1. Martinez S, Humery A, Groleau MC, Déziel E. (2020) *Front Bioeng Biotechnol*. 4; 8:1033.
2. Irorere, V. U., Tripathi, L., Marchant, R., McClean, S., Banat, I. M. (2017). *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 101 (10): 3941-3951.
3. Funston, S. J., Tsaousi, K., Rudden, M., Smyth, T. J., Stevenson, P. S., Marchant, R., y Banat, I.M. (2016). *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 100 (18): 7945-7956.
4. De Rienzo, M. D., Kamalanathan, I. D., y Martin, P. J. (2016). *Process Biochem*, *51*(7), 820-827.

PRODUCCIÓN DE POLIHIDROXIALCANOATOS POR *Burkholderia thailandensis*

Uriel Hernández Alonso[1], Rodolfo Torres de los Santos[1], Daniel Trujillo Ramírez[1], María Alejandra Pichardo Sánchez[2], Lilia Arely Prado Barragán[2], Luis V. Rodríguez Durán[1]
[1]Universidad Autónoma de Tamaulipas, Unidad Académica Multidisciplinaria Mante, Cd. Mante, Tamaulipas, C.P. 89840. [2]Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Cd. de México, C.P. 09340.
luis.duran@docentes.uat.edu.mx

Palabras clave: Bioplásticos, PHA, Burkholderia thailandensis

Introducción. Los polihidroxialcanoatos (PHA) son una familia de polihidroxiésteres sintetizados por varios microorganismos como compuestos de almacenamiento de carbono y energía en condiciones limitadas de nutrientes (1). Los PHA poseen propiedades similares a los termoplásticos sintéticos como el polipropileno. Esto los hace útiles para múltiples aplicaciones (2). Sin embargo, una limitante para la producción y comercialización extensiva de PHA es su alto costo de producción en comparación con los plásticos convencionales. Por lo tanto, existe una búsqueda continua de nuevos microorganismos productores de PHA y sistemas de producción más eficientes.
El objetivo de este trabajo fue seleccionar cepas bacterianas productoras de PHA y evaluar el efecto de la fuente de carbono en el rendimiento.

Metodología. Las cepas de *Bacillus* sp BA, *Bacillus* sp BS, *Burkholderia thailandensis* y *Burkholderia plantari* se inocularon en placas Petri de agar nutritivo suplementado con glucosa al 1%, y se incubaron a 30 °C por 24 h. El crecimiento colonial se tiñó con solución etanólica de negro de Sudán B y se seleccionó la cepa positiva (vire de color de la colonia a azul obscuro) a producción de PHA (3). La cepa seleccionada se inoculó en un medio compuesto por una fuente de carbono variable (20 g/L), $(NH_4)_2SO_4$ (2.5 g/L), KH_2PO_4 (1.5 g/L), Na_2HPO_4 (3.5 g/L), $MgSO_4{\cdot}7H_2O$ (0.2 g/L) y 0.1% (v/v) de solución de oligoelementos ($FeSO_4$, $CaCl_2$, $MnSO_4$ y $ZnCl_2$, 1 mM). La producción de PHA se realizó en matraces Erlenmeyer de 250 mL con deflectores con 50 mL de medio inoculado al 5 % (v/v) con un cultivo bacteriano de 24 h; se incubó a 30 °C con agitación constante (150 rpm) durante 5 días. Se tomaron muestras cada 24 h y se determinaron las concentraciones de biomasa por peso seco y de PHA (por espectrofotometría (4). Se comparó el crecimiento y producción de PHA en glucosa, sacarosa, xilosa y glicerol.

Resultados. Se seleccionó la cepa de *Burkholderia thailandensis* para la producción de PHA debido a que sus colonias se tiñeron de color azul obscuro (Fig. 1), respuesta indicativa de la presencia de material hidrofóbico intracelular (3).

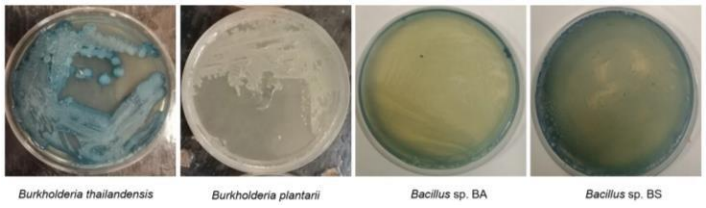


Fig. 1. Tinción con negro Sudan B

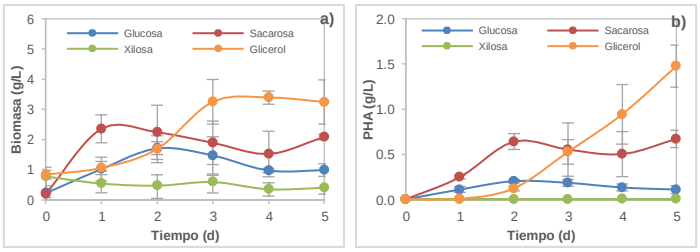


Fig. 2. Crecimiento (a) y producción de PHA (g/L) de *Burkholderia thailandensis* a partir de diferentes fuentes de carbono.

Burkholderia thailandensis produjo PHA a partir de glucosa, sacarosa y glicerol como única fuente de carbono, sin embargo, no se observó crecimiento en el medio preparado con xilosa (Fig. 2). La mayor concentración de biomasa (3.25±0.74 g/L) se obtuvo a los 3 días de cultivo en el medio con glicerol, mientras que la mayor concentración de PHA (1.48±0.23 g/L) se obtuvo al final del cultivo (5 días). El $Y_{P/X}$ obtenido con glicerol (0.62±0.08) fue 1.8 y 4.1 veces mayor a la alcanzada con sacarosa y glucosa, respectivamente.

Conclusiones. *Burkholderia thailandensis* es un microorganismo productor de PHA a partir de glucosa, sacarosa y glicerol. El mayor rendimiento se obtuvo utilizando glicerol como única fuente de carbono.

Bibliografía.

1. Philip, S., Keshavarz, T., Roy, I. (2007) J. *Chem. Technol. Biotechnol.* 82(3), 233-247.
2. Getachew, A., Woldesenbet, F. (2016) *BMC Research Notes.* 9(1): 1-9.
3. Panigrahi, S., Badveli, U. (2013). *Int. J. Eng. Sci. Invent* 2(9), 1-6.
4. Law, J. H., Slepecky, R. A. (1961). *J. Bacteriol.* 82(1): 33-36.

EFECTO DE LAS FUENTES DE CARBONO Y DE NITRÓGENO SOBRE LA PRODUCCIÓN DE BIOSURFACTANTES POR *Starmerella bombicola*.

Yulissa M. Gutiérrez-Olvera[1], María Alejandra Pichardo-Sánchez[2], Nadia A. Rodríguez-Durán[1], Guadalupe Bustos[1], José de Jesús Cázares-Marinero[3], Gerardo Saucedo-Castañeda[2], Luis V. Rodríguez-Durán[1]
[1]Universidad Autónoma de Tamaulipas, Unidad Académica Multidisciplinaria Mante, Cd. Mante, Tamaulipas, C.P. 89840. [2]Universidad Autónoma Metropolitana, Departamento de Biotecnología, Cd. de México, C.P. 09340.
[3]Polioles S.A. de C.V., Departamento de Investigación y Desarrollo, Lerma, Estado de México, C.P. 52000.
luis.duran@docentes.uat.edu.mx

Palabras clave: Biosurfactantes, Starmerella bombicola, Soforolípidos.

Introducción. Los biosurfactantes (BS) son metabolitos microbianos de naturaleza anfifílica. Estos compuestos pueden ser obtenidos a partir de fuentes renovables, son activos en condiciones extremas de pH y temperatura, tienen baja toxicidad y son altamente biodegradables (1). La levadura *Starmerella bombicola* produce grandes cantidades de biosurfactantes cuando crece en presencia de una fuente de carbono hidrofílica y una fuente de carbono hidrofóbica (2). El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de las fuentes de carbono y la fuente de nitrógeno sobre el crecimiento de *S. bombicola* y la producción de BS.

Metodología. Se utilizó la cepa ATCC 22214 de *S. bombicola.* El cultivo se llevó a cabo en matraces Erlenmeyer de 250 mL con 50 mL de medio de cultivo. Se evaluaron cuatro fuentes de carbono hidrofílicas (sacarosa, glucosa, xilosa y fructosa) a una concentración de 100 g/L, cinco fuentes de carbono hidrofóbicas (aceites de soya, oliva, maíz, cártamo y canola) a una concentración de 100 g/L y cinco fuentes de nitrógeno (sulfato de amonio, nitrato de sodio, urea, peptona y extracto de levadura) a una concentración de 2 g/L. Los matraces se inocularon con un cultivo de *S. bombicola* de 24 h y se incubaron a 30 °C con una agitación de 200 rpm durante 7 días. La biomasa se separó del medio de cultivo por centrifugación (4000 rpm, 20 min). El BS se recuperó mediante extracciones líquido-liquido con acetato de etilo. El solvente se evaporó a presión reducida y el aceite residual se eliminó mediante lavados con hexano. El BS obtenido se caracterizó por espectroscopía infrarroja (FTIR) y se midió la tensión superficial a diferentes concentraciones usando el método del anillo de Du Noüy.

Resultados. La fuente de carbono hidrofílica y la fuente de nitrógeno afectaron la producción de biosurfactantes por *S. bombicola,* los mejores resultados se obtuvieron con sacarosa y nitrato de sodio (Fig. 1). Por otra parte, la fuente de carbono hidrofóbica no tuvo un efecto significativo sobre la producción de BS (Fig. 2, α=0.05). En las condiciones estudiadas, las mejores fuentes de carbono y de nitrógeno para la producción de biosurfactante por *S. bombicola* fueron: sacarosa, aceite de canola y nitrato de sodio.

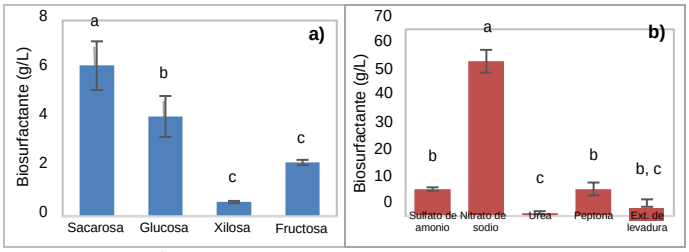


Fig. 1. Producción de BS por *S. bombicola* a los 7 d utilizando diferentes fuentes hidrofílicas de carbono (a) y diferentes fuentes de nitrógeno (b).

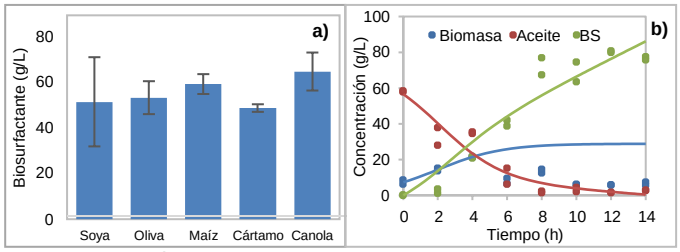


Fig. 2. Producción de BS por *S. bombicola* utilizando diferentes fuentes hidrofóbicas de carbono (a) y cinética de crecimiento y producción de BS utilizando las fuentes de carbono y nitrógeno seleccionadas (b).

El análisis cinético en las mejores condiciones (Fig. 2) indica que el BS es un producto parcialmente asociado al crecimiento. La máxima concentración de biomasa (21.5±0.4 g/L) se alcanzó a los 4 días, posteriormente disminuyó. El aceite se agotó casi totalmente a los 8 días (conversión = 0.97). La máxima concentración de BS (80.3±0.7 g/L) se obtuvo a los 12 días. El análisis de FTIR y de tensión superficial del BS sugieren que es una mezcla de soforolípidos acídicos y lactónicos.

Conclusiones. Las fuentes de carbono y nitrógeno utilizadas afectan el crecimiento y la producción de BS por *S. bombicola.* Cambiando la glucosa y por sacarosa y el sulfato de amonio por nitrato de sodio se incrementó la producción de BS 19.6 veces (de 4.1 a 80.3 g/L), probablemente debido a las diferentes tasas de consumo de los nutrientes.

Agradecimientos. Programa de Apoyo a la Incorporación de NPTC UAT-PTC-237

Bibliografía.

1. Becerra Gutiérrez, L. K., Horna Acevedo, M. V. (2016). *Scientia Agropecuaria*, 7(1), 23-31.
2. Van Bogaert, I. N., Zhang, J., Soetaert, W. (2011). *Process Biochem.,* 46(4), 821-833.

EVALUACIÓN PRELIMINAR Y CARACTERIZACIÓN DE DIFERENTES CEPAS DE *BACILLUS VELEZENSIS* PARA LA PRODUCCIÓN DE L-ASPARAGINASA.

Karina Maldonado [1], Lorena Pedraza [1], Ruth Pedroza[1], Manuel Kirchmayr [2]
1 Universidad Iberoamericana Ciudad de México, Departamento de Ingeniería Química, Industrial y de Alimentos. Prolongación Paseo de Reforma 880, Lomas de Santa Fe, México, C.P. 01219, Ciudad de México. P4000.
2Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Unidad de Biotecnología Industrial. Camino Arenero #1227. El Bajío del Arenal. Zapopan, Jalisco. México, C.P. 45019
Ib.karinamaldonado@gmail.com

Palabras clave: Asparaginasa, acrilamida, Bacillus velezensis.

Introducción. Desde el descubrimiento de la acrilamida en los alimentos en 2002(1), se crearon nuevas regulaciones y se establecieron límites sobre su contenido, ya que está clasificada como probable carcinógeno para los humanos" (Grupo 2A) por la Agencia Internacional de Investigación sobre el Cáncer (IARC) y se han comprobado sus efectos neurotóxicos (2). Esta situación impulsó la búsqueda de alternativas para disminuir su contenido en los alimentos, sin afectar las características sensoriales. Tal es el caso del uso de L-asparaginasa. Esta enzima puede obtenerse de *Bacillus velezensis,* el cual es una bacteria gram positiva formadora de endosporas y que es promotora del crecimiento de plantas al ayudar en la eliminación de bacterias, hongos y nemátodos que pueden ser patógenos. Por otra parte, *Mostafa et a*l. mostraron la producción de L-asparaginasa en *Bacillus velezensis* obteniendo buenos resultados y evaluando su actividad citotóxica contra células cancerígenas (3). Dada su relevancia en alimentos y en medicina, se necesita investigar nuevas fuentes de producción. El objetivo de este trabajo fue comparar las características de diferentes cepas de *Bacillus velezensis* aisladas de sargazo marino, de un fruto del árbol del pino y la cepa NRRL B-41580 obtenida del río Vélez *y* la producción preliminar de L-asparaginasa.

Metodología. Se probó el crecimiento de las cepas en caja con diferentes medios: medio ASW, adicionado con CMC, L-asparagina y alginato y un medio para crecimiento en lignina; las cajas fueron reveladas con yodo, rojo Congo y rojo fenol excepto para lignina donde la prueba es positiva si se observa crecimiento del microorganismo en caja Petri. En medio líquido se realizaron cinéticas de crecimiento con la finalidad de observar diferencias en distintos medios, temperaturas y en diferentes concentraciones de azúcares, las condiciones de cultivo fueron 250 rpm, 30, 37 y 42°C.

Resultados

En medio sólido las cepas mostraron comportamientos diferentes en cuanto a la morfología colonial y halos de actividad enzimática. Para el caso de ligninasas, la cepa (NRRL B-4158) presenta poco crecimiento.

En medio líquido el comportamiento fue diferente en las cepas. ya que en algunos medios formaron una biopelícula, principalmente la cepa de la piña del pino, mostrando también una diferencia en la temperatura de crecimiento, pues tuvo mejor crecimiento a 37°C

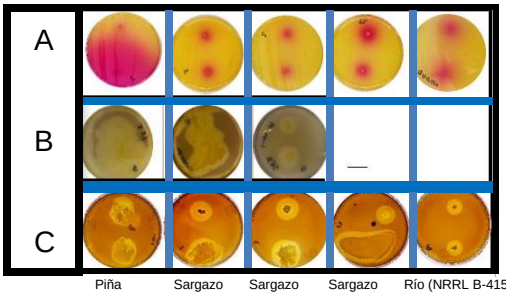


Fig. 1. Actividad enzimática de las cepas para alginato liasas (A), glutaminasa (B) y L-Asparaginasa (C).

Cepa	Crecimiento en lignina
Bacillus velezensis piña de pino	Positivo, crece en menos de 24 horas
Bacillus velezensis NRRL B-4158	Muestra crecimiento, pero es mínimo
Bacillus velezensis sargazo	Positivo, crece en menos de 24 horas

Tabla 1. Resultados de crecimiento en medio de lignina.

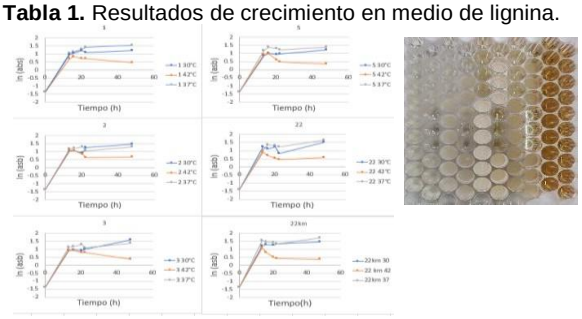


Fig. 2. Crecimiento en medio líquido a diferentes temperaturas.

Conclusiones. Las distintas cepas mostraron algunas similitudes en la actividad metabólica. Fueron diferentes en la degradación de lignina, temperaturas y medio de crecimiento, a pesar de ser el mismo género y especie. El origen bacteriano influye en las características metabólicas de los microorganismos, ya que la cepa de la piña de pino es capaz de degradar lignina y tiene una mayor actividad metabólica, mientras que su contraparte proveniente de un río no es capaz de degradar lignina y su actividad L-asparaginasa es menor, lo mismo que en las cepas aisladas del sargazo.

Bibliografía. 1.Friedman, M. (2003). *Journal of agricultural and food chemistry*, 51(16), 4504-4526. 2.Bråthen, E., & Knutsen, S. H. (2005). *Food Chemistry*, 92(4), 693-700 3. Mostafa, Y., Alrumman, S., Alamri, S. *et al* (2019). *Electronic Journal of Biotechnology*, 42, 6-15.

Evaluación del crecimiento celular en interacciones entre levaduras aisladas de jugo de agave mediante la técnica de doble placa

Edwin Barbosa, Melchor Arrellano, Jorge Verdín, Alejandro Pereira, Manuel Kirchmayr.
Centro de investigación en tecnología y diseño del estado de Jalisco (CIATEJ), Biotecnología industrial. Zapopan, Jalisco. C.P. 45019. edbarbosa_al@ciatej.edu.mx
Palabras clave: interacción, levaduras, jugo de agave

Introducción. Los microorganismos interactúan en muchos entornos con condiciones muy diversas, el estudio de estas interacciones resulta de relevancia práctica en varios campos de la ciencia (1). La mayoría de los procesos fermentativos tradicionales presentan ecosistemas microbianos complejos que contienen diversos microorganismos, cuya interacción puede afectar la dinámica de población, así como la producción de metabolitos de interés (2). El estudio de las interacciones entre los microorganismos involucrados en la fermentación de jugo de agave presenta un reto debido a la complejidad y diversidad de dichas interacciones, pero con potencial enorme tanto para la obtención de conocimiento como para su aplicación industrial.
El objetivo del presente trabajo es determinar las duplas de levaduras aisladas de jugo de agave que presenten un grado de interacción con respecto a la formación de halos de crecimiento o inhibición celular.

Metodología. Se utilizó la metodología de doble placa empleada por Mendoza et al. (3), para evaluar la interacción en el crecimiento entre duplas de especies de levaduras en una combinación de 6 x 15 especies, donde el "tapete" y los *spots* fueron inoculados a 10^3 y 10^4 células/mL, respectivamente. Se empleó el medio de cultivo propuesto por López et al. (4), modificado de la siguiente manera: glucosa (2 g/L), fructosa (18 g/L) y agar bacteriológico (20 g/L), pH 5.5. Las placas Petri fueron incubadas en condiciones microaerofílicas a 30 °C durante 72 horas.

Resultados. En la tabla 1 se resumen los resultados de las interacciones en doble placa. Como variable de respuesta se consideraron 3 tipos de interacciones en 3 grados: positiva (halo de crecimiento: +,++,+++), interacción negativa (halo de inhibición: -,--,---) o interacción nula (sin evidente efecto en el crecimiento celular: N). N.D.: interacción no determinada. La flecha hacia arriba (↑) indica que la afectación es sobre la especie del *spot*. Los resultados indican que hay un impacto sobre el crecimiento de algunas levaduras debido a la presencia de una segunda especie de levadura, especialmente entre *H. lachancei* y *Z. bailii* (fuerte interacción positiva); así como una inhibición por parte de la especie de *S.cerevisiae* hacia la mayoría de las especies de levadura con las que tuvieron contacto (fuerte interacción negativa), lo que concuerda con la reportado por otros autores (5)(6).

La evidencia de interacciones indica la presencia de mecanismos de interacción que actualmente son poco o nulamente conocidos.

	SPOT					
Tapete	**HVL6** *H. lachancei*	**M1L1** *S. cerevisiae*	**T14L3** *Z. bailii*	**T14L2** *T. delbrueckii*	**T2L9** *L. fermentati*	**M1L3** *K. marxianus*
T2L2 *H. lachancei*	---↑	-	+++	N	N	N
HVL6 *H. lachancei*	N	N	+++	N	N	N
T14L1 *H. lachancei*	-↑	-↑	++	N	N	N
HDL7 *S. cerevisiae*	-↑	-↑	N	N	N	N
HVL1 *S. cerevisiae*	-↑	-↑	N	N	N	N
IL4 *S. cerevisiae*	--↑	--↑	--↑	N	--↑	N
M1L1 *S. cerevisiae*	N	N	N	N	N	N
T2L7 *S. cerevisiae*	-↑	--↑	-↑	-↑	-↑	N
HTL7 *S. cerevisiae*	N	N	N	N	N	N
HTL3 *P. kluyveri*	-↑	N	N	N	N	N
T14L3 *Z. bailii*	++↑	N	N	N	N	N.D.
T14L2 *T. delbrueckii*	N	N	N	N	N	N
T2L9 *L. fermentati*	N	N	N	N	N	N
T2L8 *K. marxianus*	-↑	N	N	N	N	N
M1L3 *K. marxianus*	N	N	N	N	N	N

Tabla 1. Respuesta a la interacción entre las duplas de especies de levaduras retados en las pruebas en doble placa.

Conclusiones. Se verificó la presencia de duplas de levaduras aisladas de jugo de agave con una interacción fuerte, tanto positivas como negativas, en el crecimiento. Las interacciones entre las especies de *H. lachancei*, *Z. bailii* y *S.cerevisiae* son las que exhiben un mayor grado de interacción, por lo que resulta de interés una mayor investigación dirigida al estudio de sus mecanismos de interacción; así como su impacto sobre la producción de metabolitos de interés.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la financiación del proyecto SEP-CONACyT 256281 y por la beca de doctorado.

Bibliografía. 1. Frey-Klett P., Burlinson P., Deveau A., Barret M., Tarkka M., Sarniguet A. (2011). *Microbiol Mol Biol Rev*, *75*(4), 583–609.
2. Varela C. (2016). *Appl. Microbiol. Biotechnol., 100*(23), 9861–9874.
3. Mendoza L., de Nadra M., Farías M. (2010). *Food Res. Int., 43*(8), 1990–1998.
4. Lopez C., Beaufort S., Brandam C., Taillandier P. (2014). *World J. Microbiol. Biotechnol.*, *30*(8), 2223–2229.
5. Comitini F., Gobbi M., Domizio P., Romani C., Lencioni L., Mannazzu I., Ciani M. (2011). *Food Microbiol*, *28*(5), 873–882.
6. Nissen P., Nielsen D., Arneborg N. (2003). *Yeast*, *20*(4), 331–341.

DETERMINACIÓN Y PURIFICACIÓN DE METANOL Y ETANOL EN DESECHOS DESTILADOS DE LA INDUSTRIA MEZCALERA

Catherine Ashley González[1], Luis Fernando Carbajal Romero[1], Donaciano Flores Robles[1], Alejandro Millán Vega[1], Jorge Noel Gracida Rodríguez[2], Yolanda Reyes Vidal[3] y Pavel Sierra Martínez[1]. [1]DES de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero, Chilpancingo, Gro. C. P. 39086. [2]Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro. Querétaro, Qro. C.P. 76010. [3]Centro de Investigación y Desarrollo en Electroquímica. Pedro Escobedo, Qro. C.P. 76703. pavelsierra6@hotmail.com.

Palabras clave: metanol, mezcal, etanol.

Introducción. En el proceso de producción del mezcal artesanal en Mazatlán, Guerrero, se generan diversos desechos, caso concreto, después de la segunda destilación, las fracciones denominadas puntas y colas llegan a representar volúmenes importantes del destilado, conteniendo compuestos volátiles desaprovechados, habiendo alcoholes mayoritarios como metanol, etanol y alcoholes superiores. De acuerdo a la norma vigente, estas fracciones son desechadas por no ser aptas para consumo humano (1), representando una merma para el productor. Se exploró la posibilidad de purificar el compuesto volátil mayoritario encontrado en estas dos fracciones con el interés de otorgar valor agregado al proceso y con ello mayor remuneración por kg de planta utilizada compensando la ardua actividad laboral de obtención de mezcal, redituándola desde otros subproductos bajo el mismo quehacer del núcleo productor.

Metodología. Tres lotes de muestras de distintas destilaciones de mezcal (NM1, NM2 y NM3) fueron analizados mediante la técnica de cuantificación de metanol por la vía húmeda (2). A las muestras colectadas cada hora desde el inicio de la destilación refina, primero se les determinó el contenido alcohólico (3). Las fracciones denominadas puntas y colas fueron sometidas a separación de volátiles en una columna de destilación BT-BE-050/EL con la finalidad de confirmar la presencia de metanol o etanol. Los destilados obtenidos desde esta columna fueron analizados contra estándares mediante HPLC con una columna BioRad Amirex HPX-87H. Los cromatogramas fueron analizados con el sofwere Empower 2(Waters).

Resultados. Se muestra la cuantificación puntual y comportamiento del metanol en tres procesos diferentes durante la destilación para obtener el mezcal refino (2ª destilación), las muestras se ordenaron de acuerdo a la evolución del contenido alcohólico. La Figura 1 describe la cinética de los tres lotes de destilación, el metanol va en aumento a medida que transcurre el tiempo, indicando que la mayor cantidad de metanol se encuentra en las colas del mezcal. Bajo esa premisa, se buscó separar los alcoholes mayoritarios de la mezcla, solo se encontraron trazas de metanol, se observó que el etanol se encuentra en mayor concentración en colas y puntas, con una proporción del 56% y 74.7% respectivamente como se muestra en la Tabla1.

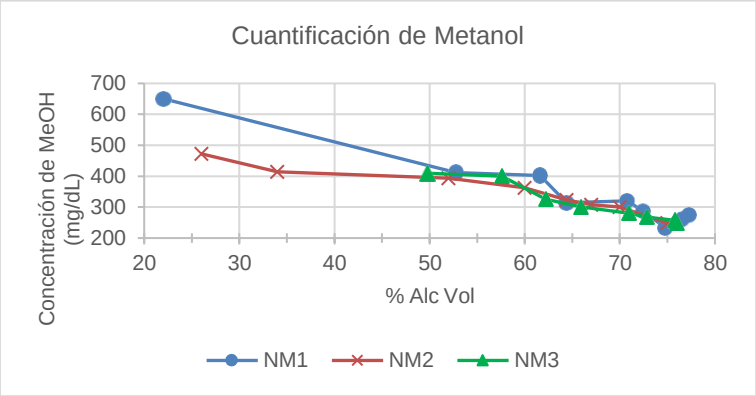


Fig. 1. Tres lotes de destilación refina de mezcal. Nótese la tendencia de las tres graficas de cuantificación de metanol, refieren que la concentración de metanol es inversamente proporcional al contenido alcohólico de la muestra.

Tabla 1. Análisis mediante HPLC de los alcoholes mayoritarios encontrados por destilación fraccionada.

MUESTRA	% EtOH	% MeOH
Control de metanol	0.14	92.38
Control de etanol	87.32	0.03
Cola (destilado)	56.07	0.03
Puntas (destilado)	74.74	0.03

Conclusiones. De las dos fracciones de desecho de la destilación del mezcal es posible recuperar etanol de muy aceptable pureza, y que llega a representar un 10-25% v/v de la mezcla de las colas y un 32-45 % v/v en las puntas en función del contenido alcohólico inicial del residuo industrial, lo cual propone una posible línea de aprovechamiento integral del agave.

Agradecimiento. Al M.C. Manuel Joaquín Romero López y al Biol. Iván Ibáñez Couoh Gerente operativo en Guerrero de mezcal Amores por su asesoría y apoyo con la investigación.

Bibliografía.

1. NOM-070-SCFI-2016
2. NMX-V-021-1986
3. NMX-V-013-NORMEX-2013



Área XI

Ciencias ómicas y edición de genomas

Contenido

DISEÑO DE UN PROTOCOLO PARA IMPLEMENTAR CRISPR-CAS9 EN LEVADURAS NO CONVENCIONALES *Kluyveromyces marxianus* AUTÓCTONAS DE MÉXICO
Jenny Elizabeth Espinosa Ortega, Sylvie Le Borgne, Andrea Sabido-Ramos 380

VALIDACIÓN *in vivo* DE ENHANCERS TEJIDO-ESPECÍFICOS PUTATIVOS DURANTE EL DESARROLLO DE *Drosophila melanogaster*
Juan Pablo Cruz Santos, Carlos Daniel Luna Gómez, Katarzyna Oktaba Sosin 381

ANÁLISIS DE GENÓMICA COMPARATIVA DE UN CONSORCIO CON BACTERIAS DEL GOLFO DE MÉXICO PARA LA DEGRADACIÓN DE PETRÓLEO EN AGUA DE MAR
Jorge Alexander Rojas-Vargas, Libertad Adaya, Alexei Licea-Navarro, Hortencia Silva-Jiménez, Alejandro Sánchez-Flores, y Liliana Pardo-López. 382

COMPARACIÓN DE TRANSCRIPTOMAS DE DOS POBLACIONES DE GALPHIMIA SPP. PARA IDENTIFICAR GENES QUE CODIFICAN ENZIMAS DE LA RUTA DE SÍNTESIS DE LAS GALFIMINAS
Dianella Iglesias, María Luisa Villarreal, Ashutosh Sharma 383

EVALUACIÓN DEL PROTEOMA DE PARED CELULAR DE NEUROSPORA CRASSA PARA EL DESARROLLO DE SISTEMAS DE DESPLIGUE DE PROTEÍNAS: CARACTERIZACIÓN DE LA GPI-PROTEÍNA, ACW-1
Ana Sofía Ramírez-Pelayo y Jorge Verdín 384

CARACTERIZACIÓN DEL METABOLISMO DE ESPECIES TERRESTRES Y MARINAS DE MÉXICO
Jorge Xool Tamayo, Alan Hernández Melgar, Erick Huerta Romero, Nadia Caram Salas, Luz Garduño Villaseñor, María Arteaga Uribe, Mario Salazar Ceseña, Rodrigo Méndez Alonzo, Sara Fadia Ceccarelli, Lorena Riveroll Durán, Edelweiss Rangel Montoya, Jimena Carrillo Tripp, Nahum Valente Hernández, Olga Callejas Negrete, Rosa Mouriño Pérez, Rufina Hernández Martínez, Laura Gómez Consarnau, Miguel Cuevas Cruz, Erick Gutiérrez Grijalva, Esperanza Martínez Romero, José Aguirre Noyola, Patricia Valdespino Castillo, Robert Winkler, Diana Franco Vázquez, Laura Pérez Flores, Laila Partida Martínez, Rafael Bello Bedoy, Esteban López Sampedro, Hilda León Tejera, Magali Honey Escandon, Luis Donis Maturano, Cuauhtémoc Licona Cassani, Mario Figueroa Saldivar, Ernesto Beltrán Partida, Víctor Reinoso Rosales, María Venegas Reza, Martha Manzano Mora, Roberto Arreguín Espinosa, Daniela Trujillo Silva, Francisco Barona Gómez, Hilda Ramos Aboites, Ingrid Rodríguez Buenfil, Juan Ramírez Suárez, Laura Contreras Angulo, Lilian Palomino Álvarez, Nancy Suarez Mozo, Nuno Simões, Pedro Homá Canche, Felipe Vázquez Flota, Marcela Gamboa Angulo, Jaime Martínez Castillo, Aldo Moreno Ulloa 385

ESTUDIO DEL METABOLISMO DE HIDROCARBUROS EN LA PIEL DE SUJETOS EXPUESTOS A DERIVADOS DE PETRÓLEO
Alan Gerardo Hernández-Melgar, Abraham Guerrero Ruíz, Aldo Moreno-Ulloa 386

COMPARACIÓN CUANTITATIVA ENTRE ESTRATEGIAS DE REDUCCIÓN DE GENOMA Y PROTEOMA PARA LA REDIRECCIÓN DE RECURSOS CELULARES A FUNCIONES SINTÉTICAS
Elisa Márquez Zavala, José Utrilla Carreri 387

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO EN RESPUESTA AL ESTRÉS COMBINADO POR RADIACIÓN UV-B Y FRÍO EN PIMIENTO MORRÓN (*CAPSICUM ANNUUM*)
Brandon Morales, Claudia Villicaña, Rubén León, Luis Lighbourn, José Basilio, Josefina León 388

MODELO METABÓLICO A ESCALA GENÓMICA DE *Acinetobacter schindleri* ACE
Mitsuo Nakakawa, Adrián Jiménez, Juan Carlos Sigala , Roberto Olivares Hernández 389

EVALUACION DEL METABOLISMO DE PRODUCCION DE GLUCÓGENO EN *Leucoagaricus gongylophorus* LEU18496
Gabriela Cejas Añón, Sergio Hernández Jiménez, Roberto Olivares-Hernández, Gabriel Vigueras Ramírez 390

ENSAMBLE, ANOTACIÓN, Y CONSTRUCCIÓN DEL MODELO METABÓLICO A ESCALA GENÓMICA DEL HONGO *Leucoagaricus gongylophorus* LEU18496 SIMBIONTE DE LA HORMIGA *Atta mexicana*
Freddy Castillo-Alonso, Mitsuo José Enrique Nakakawa Montes de Oca, Juan Carlos Sigala Alanís, Gabriel Vigueras Ramírez, Roberto Olivares-Hernández 391

DISEÑO DE UN PROTOCOLO PARA IMPLEMENTAR CRISPR-CAS9 EN LEVADURAS NO CONVENCIONALES *Kluyveromyces marxianus* AUTÓCTONAS DE MÉXICO

Jenny Elizabeth Espinosa Ortega[1], Sylvie Le Borgne[2], Andrea Sabido-Ramos[2]. [1]Licenciatura en Ingeniería Biológica. Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa, [2]Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana-Cuajimalpa, Ciudad de México 05348
asabido@cua.uam.mx

Palabras clave: K. marxianus, CRISPR-Cas9, gRNA

Introducción. Entre las levaduras no convencionales más importantes se encuentra *Kluyveromyces marxianus*, pues posee la tasa de crecimiento más rápida de cualquier microbio eucarionte, es termotolerante, tiene la capacidad de asimilar un amplio espectro de sustratos y una baja tendencia a fermentar en presencia de altas concentraciones de azúcar (1). Debido a la poca disponibilidad de herramientas moleculares en estas levaduras, su empleo como fábricas celulares se ha visto obstaculizado, aunado a ciertos rasgos en la biología de *K. marxianus* que limitan su manipulación genética, como el sistema de reparación mediado por la unión de extremos no homólogos (NHEJ), lo que dificulta la integración de genes cromosomales de manera dirigida y precisa (2). Se ha demostrado que al inactivar cualquiera de los genes del sistema NHEJ, se mejora la capacidad para integrar ADN exógeno, favoreciendo el sistema de recombinación homólogo en *K. marxianus* (3).

El objetivo de este trabajo es proponer por primera vez en levaduras mexicanas de *Kluyveromyces marxianus*, un protocolo de Ingeniería genética basado en el uso de CRISPR-Cas9 para la edición fina de genes cromosomales, en particular de YKU80, uno de los genes centrales de la ruta NHEJ.

Metodología. Se utilizará el plásmido de edición pUCC001, el cual posee el gen *Cas9* bajo control del promotor de *A. adeninivorans* y los elementos necesarios para expresar la molécula de ARN guía (gRNA) en *K. marxianus* (2).

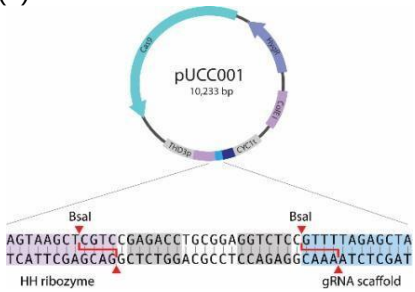


Fig. 1. Mapa del plásmido pUCC001. Se muestra en gris la región delimitada por los sitios BsaI que permite el ensamblaje de nuevos gRNA's (2).

Resultados. Se proponen una serie de 7 pasos:

1.Diseño in silico de gRNA's a través de la página CRISPOR (http://crispor.tefor.net/) utilizando como gen blanco a YKU80 (Tabla 1).

Tabla 1. gRNA's utilizados en este trabajo. El nombre corresponde a la posición nucleotídica dentro del gen YKU80. Se omite la secuencia PAM, overhangs en negritas.

Nombre	Secuencia
146	**CGTC** AAGAAAGACAGACTACGTCC
997	**CGTC** GGTATCGATATCAGAGGGTT
1670	**CGTC** TTTTGTCCCATAGGACCCCT

2.Validación de gRNA's mediante la amplificación de la región a inactivar del gen YKU80 (Fig. 2).

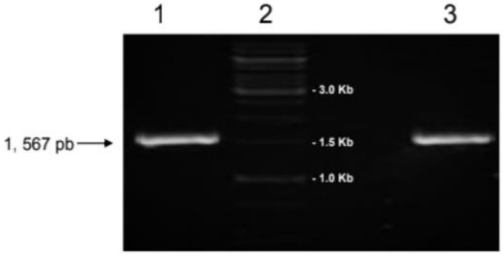


Fig. 2. PCR con los gRNAs 146 y 1670. Carril 1: Genómico de *K. marxianus* CBS 6556 (control), 2. Marcador de peso, 3. Genómico de *K. marxianus* 24 (aislada de la planta de agave).

3.Alineamiento de gRNA's complementarios.

4.Ensamblaje del plásmido de edición y gRNA's. Los oligos alineados con overhangs específicos serán clonados en el sitio BsaI del pUCC001 mediante ensamblaje Golden Gate.

5.Transformación de células de E. coli con el plásmido generado y selección de candidatas.

6.Generación de mutantes K.marxianus. Transformación de las levaduras con los plásmidos purificados de 5 a través del protocolo LiAc/ssDNA/PEG (4).

7.Eliminación del pUCC001 y comprobación de la edición de YKU80.

Conclusiones. Se espera que el desarrollo de este protocolo permita implementar de manera rápida y eficiente el uso de la técnica CRISPR por primera vez en levaduras de *K. marxianus* autóctonas mexicanas y con ello favorecer la integración sitio dirigida de ADN exógeno.

Agradecimiento. Apoyo PRODEP 47410680.

Bibliografía.

1. Lane MM, Burke N, Karreman R, Wolfe KH, O'Byrne CP, Morrissey JP. (2011). *Antonie Van Leeuwenhoek* 100: 507–519.
2. Rajkumar AS Varela JA, Juergens H, Daran JG, Morrissey JP. (2019). *Front. Bioeng. Biotechno.* 7: 97.
3. Nambu-Nishida Y, Nishida K, Hasunuma T, Kondo A. (2017). *Sci. Rep.* 7: 8993.
4. Cernak R, Estrela R, Poddar S, Skerker JM, Cheng YF, Carlson AK, et al. (2018). *MBio*. 9: 1–16.

VALIDACIÓN *in vivo* DE ENHANCERS TEJIDO-ESPECÍFICOS PUTATIVOS DURANTE EL DESARROLLO DE *Drosophila melanogaster*

Juan Pablo Cruz Santos, Carlos Daniel Luna Gómez, Katarzyna Oktaba Sosin. CINVESTAV Unidad Irapuato, Departamento de Ingeniería Genética. Irapuato, Guanajuato, México; CP. 36821
k.oktaba@cinvestav.mx

Palabras clave: Enhancers, genómica, desarrollo.

Introducción. Los enhancers son regiones genómicas no codificantes entre 150 a 1500 pb que interactúan con otras secuencias de DNA como los promotores, regulando la expresión espacio-temporal de un gen blanco en respuesta a diferentes señales como la unión de factores de transcripción (TF) en sus sitios de unión (TFBS), independientemente de la orientación a la que se encuentren respecto a su región de interacción (Haberle & Stark, 2018). El estudio de su función se ha visto limitado por la dificultad de su identificación. Utilizando herramientas genómicas, identificamos enhancers tejido-específicos putativos durante el desarrollo embrionario de *Drosophila melanogaster* en el establecimiento del eje dorso-ventral que a pesar de ser un proceso ampliamente descrito, poco se conoce sobre la regulación de los genes expresados en las líneas germinales de ectodermo dorsal, neuroectodermo y mesodermo que darán origen al resto de los tejidos. El objetivo de este trabajo es validar experimentalmente los enhancers tejido-específicos putativos que regulan el desarrollo embrionario de Drosophila melanogaster.

Metodología. Utilizamos embriones mutantes de *Drosophila melanogaster* que se mantienen en una sola línea germinal: gd^{7} ectodermo dorsal, $Toll^{rm9/rm10}$ neuroectodermo y $Toll^{10B}$ mesodermo, para cada tipo realizamos experimentos de RNA-Seq y ChIP-seq dirigido a las marcas epigenéticas de enhancers activos: H3K4me1, H3K27ac y H3K18ac, considerando dos escalas temporales de 2-4 h y 6-8 h después de la fertilización. Con estos datos y empleando datos públicos de ATAC-Seq (Cusanovich et al., 2018) realizamos análisis bioinformáticos para identificar los enhancers tejido- específicos putativos. Para validar los resultados, seleccionamos 9 enhancers-candidatos y los clonamos en un vector con un gen reportero (Perry et al., 2011) para generar moscas transgénicas. Empleando la técnica FISH, pretendemos realizar el análisis del patrón de la expresión espacio-temporal del gen reportero en los embriones.

Resultados. Seleccionamos 3 enhancers por tejido para validar, considerando el enriquecimiento de las señales de ChIP-Seq de las marcas epigenéticas y cuyo gen blanco está involucrado en el desarrollo de *Drosophila*. Para delimitar las regiones a evaluar, realizamos la búsqueda de TFBS usando MEME y RSAT, y considerando datos públicos de ChIP-seq de Factores de Transcripción (FlyBase).

Tabla 1. Enhancer seleccionados para validar por cada tejido

Gene	Función	Tiempo	tamaño
cv-2	Ligando de BMP	Temprano y tardío (2)	621 pb
vn	Ligando de EGFR	Tardío	852 pb
mirr	Factor de transcripción	Tardío (2)	810 pb
ths	Factor de crecimiento de Fibroblastos	Temprano (2)	762 pb
tap	Factor de transcripción	Tardío	731 pb
NetA	Morfógeno	Tardío (2)	843 pb
sna	Factor de transcripción	Temprano	791 pb
kon	Proteína transmembranal	Tardío	572 pb
bru-3	Proteína de unión a RNA	Tardío	747 pb

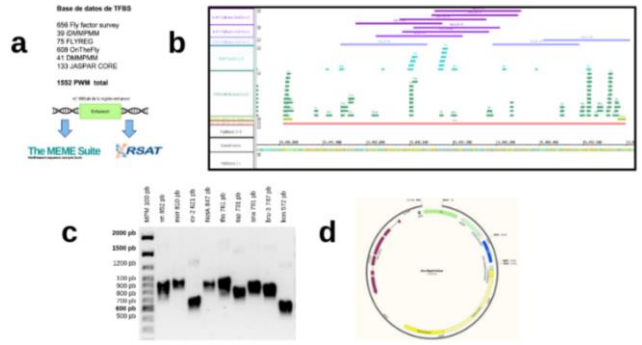


Fig. 1. a) Búsqueda de TFBS en los enhancers seleccionados b) TFBS identificados *in silico* y con datos de ChIP-seq dentro del enhancer candidato de sna c) Productos de PCR para clonar dentro del vector PBphiYellow d) construcciones inserto-vector (ths) para generar moscas transgénicas y observar el patrón de expresión del gen reportero.

Conclusiones. El proyecto se encuentra en fase experimental para observar los patrones de expresión del gen reportero y el funcionamiento de los enhancers a evaluar.

Agradecimiento. Al CONACYT por la beca nacional de maestría. Al posgrado de Biología Integrativa.

Bibliografía.

(1)Haberle, V., Stark, A. (2018). *Nat Rev Mol Cell Biol.* 19 (10): 621–637.
(2)Cusanovich, D. A., Reddington, J. P., Garfield, D. A., Daza, R. M., Aghamirzaie, D., Marco-Ferreres, R., Pliner, H. A., Christiansen, L., Qiu, X., Steemers, F. J., Trapnell, C., Shendure, J., & Furlong, E. E. M. (2018). *Nature*, 555 (7697): 538–542.
(3)Perry, M. W., Boettiger, A. N., Bothma, J. P., & Levine, M. (2010). *Current Biology*. 20 (17): 1562–1567.

ANÁLISIS DE GENÓMICA COMPARATIVA DE UN CONSORCIO CON BACTERIAS DEL GOLFO DE MÉXICO PARA LA DEGRADACIÓN DE PETRÓLEO EN AGUA DE MAR

Jorge Alexander Rojas-Vargas, Libertad Adaya, Alexei Licea-Navarro, Hortencia Silva-Jiménez, Alejandro Sánchez-Flores, y Liliana Pardo-López. Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, C.P. 62210
jorge.rojas@ibt.unam.mx

Palabras clave: degradación, consorcio, genómica comparativa.

Introducción. La exposición de petróleo en el océano representa un enorme riesgo para el ambiente. Una propuesta para remediarlo consiste en aprovechar el potencial de ciertos microorganismos para degradar hidrocarburos. Y, a diferencia de una sola bacteria, las comunidades bacterianas ofrecen una mayor variedad de genes degradadores (1). Mediante un proceso de tamizaje estadístico, se seleccionaron 4 cepas del Golfo de México para la remoción de crudo ligero, de un conjunto de 111 aislados. El estudiar la maquinaria genética de esta comunidad, y la distancia filogenética de algunos genes claves para la degradación, daría más claridad sobre cómo podría estar funcionando este consorcio. El objetivo: identificar los aislados de un consorcio y su potencial para degradar hidrocarburos.

Metodología. El ADN extraído de cada aislado se secuenció por Illumina y se ensambló usando el pipeline A5. La asignación taxonómica se hizo por medio de MiGA y del servidor TYGS (2). La anotación de los genomas se hizo utilizando RAST. El análisis filogenético de las cepas se realizó extrayendo las proteínas ribosomales de las subunidades grande y pequeña de las cepas con mayor % ANI y %AAI. Se hizo una búsqueda por homología de secuencias de aminoácidos de enzimas claves para la degradación de hidrocarburos, y luego su análisis filogenético. Finalmente, se estudió la remoción de petróleo ligero API 35, por gravimetría a tiempo final de 75 días, en un medio de agua de mar enriquecido con nitrógeno y fósforo. Se probaron las cepas por separado y en consorcio.

Resultados. Luego del ensamblado, la asignación taxonómica de los aislados se resume en la Tabla 1.

Tabla 1. Parámetros obtenidos para determinación de la taxonomía de los aislados del consorcio

Género	Posible especie[a]	Mash D	%ANI	dDDH	Diferencia contenido G+C
Alcanivorax	*xenomutans*	0.013	98.43	85	0.11
Paenarthrobacter	*sp.*	0.135	85.59	25.2	0.04
Pseudomonas	*aestusnigri*	0.028	97.01	73.1	0.26
Pseudomonas	*aeruginosa*	0.009	99.43	95	0.43

[a] Las cepas contra las que se hicieron los cálculos fueron *A. xenomutans* JC109, *Paenarthrobacter nicotinovorans* JCM3874, *P. aestusnigri* CECT8317 y *P. aeruginosa* DSM50071

El análisis filogenético de las cepas, utilizando las subunidades SSU y LSU ribosomales, reveló la formación de 2 clados principales: en uno se agruparon las 3 cepas pertenecientes al Phylum Proteobacteria (Alcanivorax y las 2 Pseudomonas), y en otro la del Phylum Actinobacteria (*Paenarthrobacter*). La búsqueda de genes que codifican para enzimas involucradas en la degradación de hidrocarburos alifáticos y aromáticos reveló un grupo variado de éstos. Entre los genes comunes para las Proteobacteria, se encontraron las monooxigenasas *alkB1* y *alkB2* para alcanos de cadenas cortas y medianas, *almA* para alcanos de cadenas largas (3), rubredoxinas reductasa, alcohol deshidrogenasa, aldehído deshidrogenasa, y reguladores transcripcionales como *alkN* y *alkS*. Entre los genes menos comunes en las cepas, y presentes en su mayoría en la Paenarthrobacter, están la catecol 1,2 dioxigenasa, benzoato 1,2 dioxigenasa, gentisato 1,2 dioxigenasa, protocatecuato 3,4 dioxigenasa, ciclohexanona monooxigenasa y antranilato dioxigenasa, todas involucradas en la degradación de algunos compuestos monoaromáticos (1). Un análisis filogenético de las secuencias de aminoácidos reveló divergencias superiores al 80% entre homólogos en algunos casos, sugiriendo una posible preferencia entre sustratos, como es el caso de las dos monooxigenasas *alkM* en *Acinetobacter sp.* M1 (4). Con la prueba de remoción de petróleo API 35, se alcanzaron remociones cercanas al 40% con las cepas por separado, y alrededor del 60% en consorcio, luego de 75 días de incubación, en concordancia con lo observado *in silico*.

Conclusiones. La complementariedad en la maquinaria metabólica del consorcio encontrado mediante el análisis genómico, y los resultados de la prueba de remoción de petróleo API 35, hacen inferir que los 4 aislados trabajan de forma sinérgica para favorecer la remoción de una mezcla de hidrocarburos.

Agradecimiento. Se agradece al Fondo Sectorial CONACYT-SENER- Hidrocarburos, proyecto 201441.

Bibliografía.

1. Xu, X; Liu, W.; Tian, S.; Wang, W.; Qi, Q. et al. (2018) *Front. Microbiol*. 9 (2885).
2. Meier-Kolthoff, J.P. & Göker, M. (2019). *Nat Commun*, vol. 10 (2182).
3. Wang, W. & Shao, Z. (2012). *FEMS Microbiol Ecol* 80: 523–533
4. Tani A, Ishige T & Sakai Y (2001). *J Bacteriol* 183: 1819–1823

COMPARACIÓN DE TRANSCRIPTOMAS DE DOS POBLACIONES DE *GALPHIMIA* SPP. PARA IDENTIFICAR GENES QUE CODIFICAN ENZIMAS DE LA RUTA DE SÍNTESIS DE LAS GALFIMINAS

Dianella Iglesias, María Luisa Villarreal, Ashutosh Sharma. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Centro de Investigación en Biotecnología. Cuernavaca, CP:62209
iglesiasdia@gmail.com

Palabras clave: anotación funcional, expresión diferencial, triterpenoides.

Introducción. *Galphimia* spp. es una planta con efectos ansiolítico y sedantes (1) debido a la presencia de compuestos triterpenoides modificados denominados galfiminas (2). La ruta de síntesis de las galfiminas no se encuentra elucidada aún. Si se tienen en cuenta las propiedades biológicas de estos metabolitos, sería de utilidad el uso de herramientas biotecnológicas como la Transcriptómica para identificar los genes que codifican enzimas claves en la producción de estos triterpenoides.
El objetivo de este trabajo fue comparar transcriptomas de dos poblaciones de *Galphimia* spp., una productora y otra no productora de galfiminas para identificar genes que codifican enzimas de la ruta de síntesis de estos triterpenoides.

Metodología. Se secuenciaron librerías de cDNA de muestras de hojas y raíces de *Galphimia* spp de una población de Guanajuato, productora de galfiminas, así como de hojas de Tepoztlán, población no productora de galfiminas, en la plataforma Illumina Next Seq 550. Se ensamblaron los transcriptomas mediante Trinity. El análisis de expresión diferencial se realizó con edgeR y la anotación funcional en Blast2GO en tres niveles de ontología génica.

Resultados. Se observaron transcriptos con expresión diferencial, regulados positiva y negativamente con un elevado nivel de significación estadística.

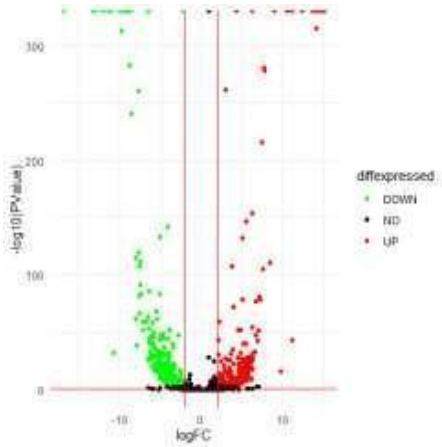


Fig. 1. Expresión diferencial de transcriptos de las poblaciones de Guanajuato y Tepoztlán de *Galphimia* spp.

Se obtuvieron porcentajes significativos de mapeo y anotación en el nivel de ontología génica Función Molecular (FM) y Componente Celular (CC). En el nivel FM, la mayor parte de los transcriptos anotados estuvieron relacionados con la actividad de oxidorreductasas, hidrolasas y de unión a iones metálicos. En el nivel Componente Celular, estos se encuentran localizados en su mayoría en el cloroplasto, formando parte de complejos proteínicos y de componentes integrales.

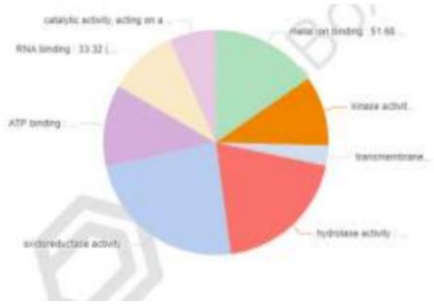


Fig. 2. Distribución de transcriptos en el nivel de ontología génica Función Molecular

Conclusiones. Se hallaron transcriptos con expresión diferencial regulados positivamente, con una elevada significación estadística. Estos se encontraron asociados a cloroplastos o proteínas con actividad quinasa, hidrolasa y de transporte.

Agradecimiento. CONACYT, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, CEIB.

Bibliografía.

1. Romero-Cerecero O, Islas-Garduño AL, Zamilpa A, Pérez- García M, Tortoriello J. (2018). *Evid Based Complementary Altern Med.* 2018: 1-8.
2. Toscano RA, Ortega A, Maldonado E, Gaviño R, Lozoya X, Tortoriello J. (1993). *Acta Crystallogr. Sect. C*. 49 (4): 774- 776.

EVALUACIÓN DEL PROTEOMA DE PARED CELULAR DE *NEUROSPORA CRASSA* PARA EL DESARROLLO DE SISTEMAS DE DESPLIEGUE DE PROTEÍNAS: CARACTERIZACIÓN DE LA GPI-PROTEÍNA, ACW-1

Ana Sofía Ramírez-Pelayo y Jorge Verdín
Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco (CIATEJ), Unidad de Biotecnología Industrial, Zapopan, Jalisco, 45019,
anramirez_al@ciatej.edu.mx

Palabras clave: despliegue de proteínas, Neurospora crassa, proteoma

Introducción. El despliegue de proteínas permite funcionalizar la superficie celular, la membrana plasmática o la pared celular, de un microorganismo mediante la expresión de una fusión compuesta de una proteína con propiedades interesantes o útiles (pasajero) unida covalentemente a una proteína que reside nativamente en la superficie celular (ancla). Esta tecnología se usa para generar biocatalizadores de célula completa, bioprocesos consolidados, seleccionar ligandos de alta afinidad, entre otros. Su diseño racional implica conocer el papel que desempeña el ancla en la superficie celular para saber si es factible usarla o no, en caso de que el despliegue resultara deletéreo para su función normal. La pobre caracterización de los proteomas de superficie celular dificulta la implementación de sistemas de despliegue en ciertos microorganismos, sobre todo aquéllos con aplicación biotecnológica como hongos filamentosos. En el presente trabajo se caracterizó funcionalmente una proteína de pared celular, la GPI-proteína ACW-1 (NCU08936), del hongo filamentoso *Neurospora crassa* para usarla como ancla en un sistema de despliegue de proteínas en este microorganismo.

Metodología. Se identificaron los ortólogos de ACW-1 en otros hongos mediante un análisis *in silico* de secuencias proteicas y reconstrucción filogenética por método de Neighbor-Joining (1 y 2). Se observó la morfología de cepas *N. crassa ⊿acw-1* (*Nc ⊿acw-1*) en comparación con *N. crassa* WT (*Nc* WT) de las colonias bajo microscopio óptico y se evaluó su crecimiento en condiciones normales y de inhibición con CFW ("*Calcofluor White*") (0.25-1 mg/mL) (3). Se construyó una fusión de despliegue usando ACW-1 como ancla y GFP como pasajero por ensamblado Gibson (**Fig 1A**) (4), y se transformó en *N. crassa* (FGSC-9717) por electroporación. Se evaluó la localización celular del despliegue mediante microscopía confocal de fluorescencia (5).

Resultados. El homólogo de ACW-1 en *S. cerevisiae*, Ecm33p, está involucrado en el mantenimiento de la integridad de la pared celular. *Nc ⊿acw-1* presentó una morfología aberrante en las hifas que se caracterizó por una ramificación errática. *Nc ⊿acw-1* creció a la misma velocidad que *Nc* WT en condiciones normales.
En presencia de CFW, ambas cepas se inhibieron al aumentar la concentración, pero *Nc ⊿acw-1* fue más resistente que *Nc* WT (0.75 mg/mL) (**Fig 1B**). La señal fluorescente de la fusión de ACW-1 y GFP (GFP-V5-ACW-1) se observó mayoritariamente en la periferia (**Fig 1D**, flechas amarillas) y los septos de las hifas (**Fig 1D**, flechas blancas).

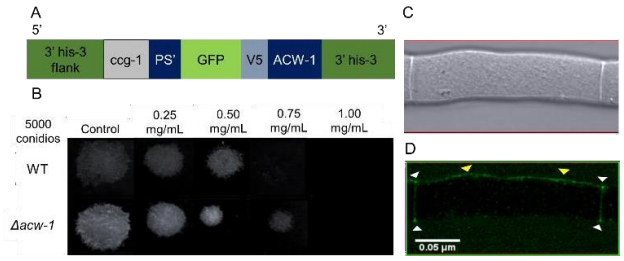


Fig. 1.A. Fusión de despliegue GFP-V5-ACW-1. B. Crecimiento de cepas WT y *Δacw-1* en presencia de CFW. C) Contraste de fases y D) canal de fluorescencia de la porción distal de una hifa que expresa la fusión de despliegue GFP-V5-ACW-1. Contraste ajustado en Image J.

Conclusiones. ACW-1 probablemente está involucrada en el mantenimiento de la pared celular de *N. crassa,* pero no parece que sea necesaria para su supervivencia, por lo que sería una buena opción como ancla. La señal fluorescente de GFP-V5-ACW-1 en la periferia de hifas vegetativas y mayoritariamente alrededor de septos indican la probable localización del despliegue de proteínas en esta región.

Agradecimiento. Este trabajo fue apoyado por SENER- CONACYT "Sustentabilidad Energética", proyecto 245750.

Bibliografía.

1. Caro, L.; Tettelin, H.; Vossen, J.; Ram, A.; van den Ende, H.; Klis, F. (1997). *Yeast.* 13 (15): 1477-1489.
2 Altschul, S.; Gish, W.; Miller, W.; Myers, E.; Lipman, D. (1990). *J Mol Bio*. 215 (3): 403-410.
3.Ram, A.; Klis, F. (2006). *Nat Protoc*. 1 (5): 2253-2256.
4.Gibson, D.; Young, L.; Chuang, R.; Venter, J.; Hutchison, C.; Smith, H. (2009). *Nat Methods*. 6 (5): 343-345.
5.Hickey, P.; Jacobson, D.; Read, N.; Glass, L. (2002). *Fungal Genet Biol*. 37 (1): 109-119.

CARACTERIZACIÓN DEL METABOLISMO DE ESPECIES TERRESTRES Y MARINAS DE MÉXICO

Jorge Xool Tamayo[1], Alan Hernández Melgar[1], Erick Huerta Romero[1], Nadia Caram Salas[1], Luz Garduño Villaseñor[2], María Arteaga Uribe[2], Mario Salazar Ceseña[2], Rodrigo Méndez Alonzo[2], Sara Fadia Ceccarelli[2], Lorena Riveroll Durán[3], Edelweiss Rangel Montoya[4], Jimena Carrillo Tripp[4], Nahum Valente Hernández[4], Olga Callejas Negrete[4], Rosa Mouriño Pérez[4], Rufina Hernández Martínez[4], Laura Gómez Consarnau[5], Miguel Cuevas Cruz[5], Erick Gutiérrez Grijalva[6], Esperanza Martínez Romero[7], José Aguirre Noyola[7], Patricia Valdespino Castillo[8], Robert Winkler[9], Diana Franco Vázquez[10], Laura Pérez Flores[10], Laila Partida Martínez[11], Rafael Bello Bedoy[12], Esteban López Sampedro[13], Hilda León Tejera[13], Magali Honey Escandon[13], Luis Donis Maturano[14], Cuauhtémoc Licona Cassani[15], Mario Figueroa Saldivar[16], Ernesto Beltrán Partida[17], Víctor Reinoso Rosales[18], María Venegas Reza[19], Martha Manzano Mora[19], Roberto Arreguín Espinosa[19], Daniela Trujillo Silva[20], Francisco Barona Gómez[21], Hilda Ramos Aboites[21], Ingrid Rodríguez Buenfil[22], Juan Ramírez Suárez[23], Laura Contreras Angulo[24], Lilian Palomino Álvarez[25], Nancy Suarez Mozo[25], Nuno Simões[25], Pedro Homá Canche[25], Felipe Vázquez Flota[26], Marcela Gamboa Angulo[27], Jaime Martínez Castillo[28], Aldo Moreno Ulloa[1,29*].

[1]Departamento de Innovación Biomédica, CICESE, Ensenada, C.P.22860; [2]Departamento de Biología de la Conservación, CICESE, Ensenada, C.P.22860; [3]Departamento de Biotecnología Marina, CICESE, Ensenada, C.P.22860; [4]Departamento de Microbiología Experimental, CICESE, Ensenada, C.P.22860; [5]Departamento de Oceanografía Biológica, CICESE, Ensenada, C.P.22860; [6]CIAD, Culiacán, México C.P.80110; [7]CCG, UNAM, Cuernavaca, C.P.62210; [8]Departamento Académico de Ingeniería en Pesquerías, UABC, La Paz, C.P.23080; [9]Departamento de Biotecnología y Bioquímica, CINVESTAV, Irapuato, C.P.36824; [10]Departamento de Ciencias de la Salud, UAM, Ciudad de México, C.P.9340; [11]Departamento de Ingeniería Genética, CINVESTAV, Irapuato, C.P.36824; [12]Facultad de Ciencias, UABC, Ensenada, C.P.22860; [13]Facultad de Ciencias, UNAM, Ciudad de México, C.P.4510; [14]Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Tlalnepantla de Baz, C.P.54090; [15]Facultad de Ingeniería y Ciencias, ITESM, Monterrey, C.P.64849; [16]Facultad de Química, UNAM, Ciudad de México, C.P.4510; [17]Instituto de Ingeniería, UABC, Mexicali, C.P.21280; [18]Instituto de Biología, UNAM, Ciudad de México, C.P.4510; [19]Instituto de Química, UNAM, Ciudad de México, C.P.4510; [20]IPICYT, San Luis Potosí, C.P.78216; [21]LANGEBIO, CINVESTAV, Irapuato, C.P. 36821; [22]Subsede sureste, CIATEJ. Mérida, C.P.97302; [23]Tecnología de Alimentos de Origen Animal, CIAD, Hermosillo, México C.P.83304; [24]Tecnología de Alimentos y Biotecnología, CIAD, Culiacán, C.P.80110; [25]UMDI-Sisal, UNAM, Sisal, C.P.54090; [26]Unidad Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, CICY, Mérida, C.P.97205; [27]Unidad de Biotecnología, CICY, Mérida, C.P.97205; [28]Unidad de Recursos Naturales, CICY, Mérida, C.P.97205; [29]Laboratorio MetPro, CICESE, Ensenada, C.P.22860
. jxool@cicese.mx; amoreno@cicese.mx*

Palabras clave: Espectrometría de masas; Quimioinformática; Metabolómica.

Introducción. México posee un gran repertorio de especies terrestres y marinas con el potencial de sintetizar metabolitos secundarios de interés biotecnológico y biomédico. Algunos estudios han identificado ciertos metabolitos de especies colectadas en el territorio del país, incluyendo principalmente plantas. No obstante, dichos estudios han sido limitados con respecto a la capacidad de analizar sistemáticamente varias especies, comparar los perfiles metabolómicos entre especies e identificar metabolitos. En este trabajo presentamos datos preliminares del Proyecto **MET**abolómica del territorio Mé**xico** (denominado MÉTxico), el cual trata de caracterizar los metabolomas de especies terrestres y marinas que habitan en el país. Esta información generada a nivel metabolómico incidirá en la bioprospección y quimiotaxonomía de especies, así como en la identificación de metabolitos con potencial biotecnológico y biomédico.
Metodología. Se emplearon 3 aproximaciones principales: 1) Recolección de especies terrestres y marinas a través de una colaboración multiinstitucional; 2) Extracción de los metabolomas (metanol:acetato de etilo:acetonitrilo) y adquisición de datos por LC-MS^2 (Agilent 1260 Infinity-Accurate Mass QTOF 6530). 3) Análisis e identificación de los metabolitos empleando software (Proteowizard, Cytoscape) y plataformas en línea de libre acceso (https://gnps.ucsd.edu) (Fig. 1A) (1,2).
Resultados. Hasta ahora se han analizado 29 especies (plantas, bacterias, hongos, insectos) (Fig. 1B), cuyos metabolomas comprenden compuestos entre 100-1970 Da (Fig. 1C) pertenecientes a diversas clases químicas (Fig. 1D). Se identificaron compuestos con predominancia en ciertas especies, incluyendo flavonoides en plantas, fenil propanoides en animales (Fig. 1E), lipopéptidos en bacterias (Fig. 1F) y fitotoxinas en hongos (Fig. 1G). **Conclusiones**. Este estudio demuestra la relevancia del empleo de la LC-MS^2 y quimioinfórmatica para entender el metabolismo y la diversidad química de especies.

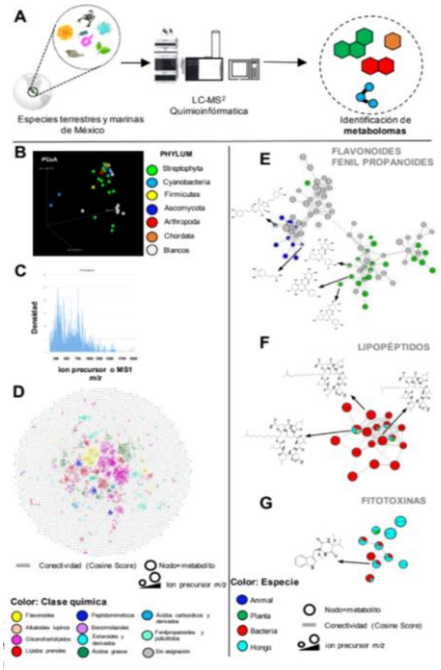


Fig. 1. Esquema general de la metodología y resultados de los avances del Proyecto MÉTxico. A) Pasos generales de la metodología. B) PCoA de la distribución espacial de las especies analizadas. C) Histograma de la masa-carga (*m/z*) de los metabolitos detectados. D) Clasificación química de los metabolitos detectados. E-G) Distribución de metabolitos por especie.

Agradecimiento. Estancias Posdoctorales por México (ID: 133718) CONACyT. Apoyos para Adquisición y Mantenimiento de Infraestructura en Instituciones y Laboratorios de Investigación Especializada (ID: 300437) CONACyT. Laboratorio MetPro.

Bibliografía.

1.-Aron, A.T., Gentry, E.C., McPhail, K.L. *et al. Nat Protoc* **15,** 1954–1991 (2020). 2.-Shannon, P., Markiel, A., Ozier, O., Baliga, N. S., Wang, J. T., Ramage, D., Ideker, T. (2003). *Genome Research*, *13*(11), 2498–2504.

ESTUDIO DEL METABOLISMO DE HIDROCARBUROS EN LA PIEL DE SUJETOS EXPUESTOS A DERIVADOS DE PETRÓLEO

Alan Gerardo Hernández-Melgar[1], Abraham Guerrero Ruíz[2] y Aldo Moreno-Ulloa[1,3],
[1]Laboratorio MS2, Departamento de Innovación Biomédica, CICESE, Ensenada, C.P: 22860; [2]Unidad Regional Mazatlán en Acuicultura y Manejo Ambiental, CIAD, Mazatlán, C.P: 82112; Laboratorio MetPro, CICESE, Ensenada, C.P: 22860.
alangerardo@cicese.edu.mx

Palabras Clave: Metabolómica; piel; espectrometría de masas

Introducción. Los hidrocarburos (HC) derivados del petróleo están presentes en el ambiente y la piel está constantemente expuesta a ellos.Reportes epidemiológicos sugieren una correlación positiva entre la exposición a HC y la aparición de lesiones en la piel (1). Estudios *in vitro* han demostrado la generación de metabolitos tóxicos y carcinogénicos derivados de la degradación de ciertos HC por bacterias y células mamíferas (2,3). No obstante, aquella evidencia es indirecta y, por lo tanto, se desconoce que ocurre directamente en la piel de sujetos expuestos a HC. Los objetivos de este trabajo consisten en entender el metabolismo *in situ* de HC y el efecto de la exposición crónica a HC sobre el microbioma de la piel.

Metodología. Se seleccionaron 2 cohortes; sujetos con exposición crónica a HC (trabajadores de talleres mecánicos) y sin exposición (Fig. 1). A cada sujeto de las cohortes se le tomaron 2 muestras superficiales (mano y hombro) con un hisopo de algodón para su posterior análisis por secuenciación del amplicón ARNr 16S y metabolómica (4). Una vez colectadas las muestras, los metabolitos se analizaron mediante HPLC-MS^2. Para la secuenciación del gen ARNr 16S se siguió la metodología indicada por Illumina. Los datos de ambas técnicas, se analizaron según lo reportado por Moreno-Ulloa *et al.* 2020 (5).

Resultados. Los sujetos expuestos a HC presentan una mayor diversidad microbiana (Fig. 2a). El análisis de varianzas, utilizando las distancias de UniFrac (Fig. 2b), sugiere que la exposición a HC y el sitio corporal de muestreo están asociados con la composición de las comunidades bacterianas. El análisis cuantitativo de la abundancia microbiana sugiere una mayor abundancia de bacterias pertenecientes a la familia de *Micrococcaceae, Pseudomonadaceae, Rhodobacteraeae* en sujetos expuestos vs. No expuestos (Fig. 2c y 2d).

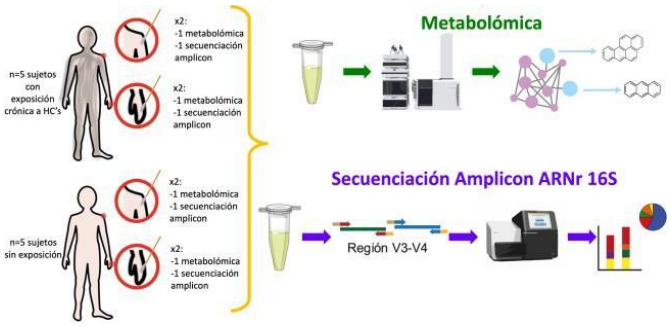


Fig. 1. Metodología general seguida en este estudio.

La predicción del estado funcional de las comunidades microbianas por PICRUST, sugiere un incremento en la degradación de HC en las manos de sujetos expuestos vs. No expuestos (Fig. 2f). El análisis metabolómico de los datos muestra una diversidad química del metaboloma detectado en la piel de las cohortes (Fig. 2g). Mediante análisis multivariantes y no supervisados de agrupación se sugiere un patrón de diferenciación entre los sujetos expuestos vs. No expuestos, particularmente a nivel de la mano (exposición directa a HC) (Fig. 2h y 2i). Mediante la cuantificación diferencial de la abundancia de metabolitos entre grupos; se observa una diferencia de varios metabolitos en la mano de sujetos expuestos (Fig. 2j y 2k)

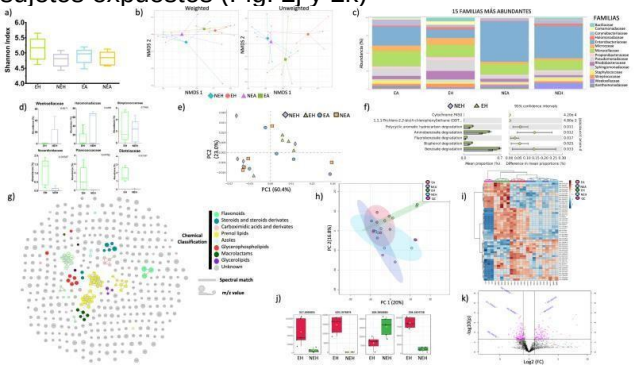


Figura 2. Resultados de los análisis metabolómicos y de secuenciación. Dónde EH: mano expuesta, NEH: mano no expuesta, EA: brazo expuesto y NEA: brazo no expuesto.

Conclusiones. Nuestros datos sugieren que sujetos crónicamente expuestos a HC (aceites, lubricantes industriales) presentan cambios en la microbiota de la piel y un mayor metabolismo de HC en zonas de su cuerpo (mano) con mayor exposición a HC comparado con sujetos sin exposición crónica a derivados de petróleo.

Agradecimiento. Al CONACYT por la beca recibida con número 799364. Apoyos para Adquisición y Mantenimiento de Infraestructura en Instituciones y Laboratorios de Investigación Especializada CONACyT (ID: 300437).

Bibliografía.

1. Leung, Y., *et al.* (2020), Microbiomes, 8.
2. Sowada, J., *et al.* (2017), Arch Toxicol, 91(6) 2331-2341
3. Gao, P., *et al.* (2018), EI 119 466-477.
4. Bouslimani, A., *et al.* (2015), PNAS, 112(17) E2120-E2129.
5. Moreno-Ulloa, A., *et al. (2020) mSystems 5(6)*.

COMPARACIÓN CUANTITATIVA ENTRE ESTRATEGIAS DE REDUCCIÓN DE GENOMA Y PROTEOMA PARA LA REDIRECCIÓN DE RECURSOS CELULARES A FUNCIONES SINTÉTICAS

Elisa Márquez Zavala, José Utrilla Carreri. Centro de Ciencias Genómicas UNAM Departamento de Biología de Sistemas y Biología Sintética. Cuernavaca, 62210.
emarquez@lcg.unam.mx

Palabras clave: minimización recursos proteoma

Introducción. La creación de cepas de producción es complicada, ya que una célula es un sistema complejo, por lo que una célula simple facilitaría su comprensión e ingeniería. En un enfoque biotecnológico en el cual la célula está en un ambiente controlado, se pueden eliminar características que no le son útiles en esa condición, reduciendo la complejidad del sistema y el desvío de recursos celulares (1). En su mayoría, las minimizaciones que se han realizado se han enfocado en la reducción del genoma (1) sin considerar de manera precisa el cambio en la asignación de recursos. Utilizando el modelo de metabolismo y expresión iLE1678-ME (2), y datos experimentales, Lastiri-Pancardo et al. (3) fueron capaces de identificar 3 intervenciones que maximizaron el ahorro de recursos celulares que serían usados para expresar funciones no esenciales. La cepa resultante incrementó su producción de proteína recombinante en un 18% y liberó un 0.5% de su proteoma. Demostrando que la minimización de proteoma no esencial puede llevar a la redirección de recursos a proteínas recombinantes. Pero no hay una formalización sobre los costos de producción de proteínas y genes que nos permita hacer una comparación cuantitativa entre la reducción de genoma y proteoma para elegir la estrategia más efectiva. Este trabajo busca identificar una estrategia de minimización de la expresión de funciones de cobertura para generar diseños de intervenciones genéticas.

Metodología. Se utilizaron datos proteómicos de la literatura (4), así como datos de los genes eliminados en 9 cepas minimizadas por enfoque genómico (5) y 1 de enfoque proteómico (3) y se compararon los porcentajes liberados. También se utilizó el modelo iLE1678-ME para calcular costos de replicación, transcripción y producción de proteína. Por último, se utilizaron datos de aportación al fitness (6) para buscar los genes con mayor al proteoma sin provocar fenotipos negativos.

Resultados. Una mayor eliminación de genoma no garantiza una eliminación equivalente de proteoma (Figura 1). En general es más costosa en términos de ATP la producción de proteína que la replicación o la transcripción. El unir el enfoque de minimización de proteoma con datos de adecuación pueden permitirnos liberar una cantidad de proteoma comparable a otras cepas minimizadas que tienen mucho más genoma eliminado, y esto con pocas mutaciones (Figura 2).

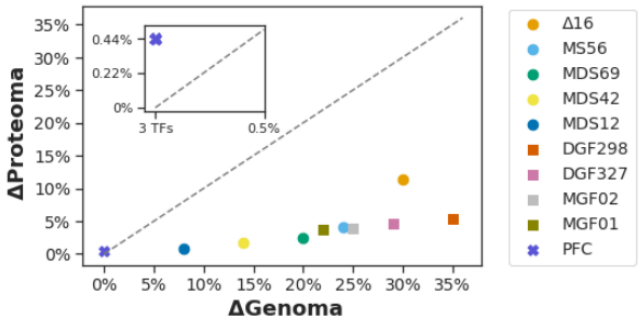


Fig. 1. Relación entre eliminación de genoma y proteoma

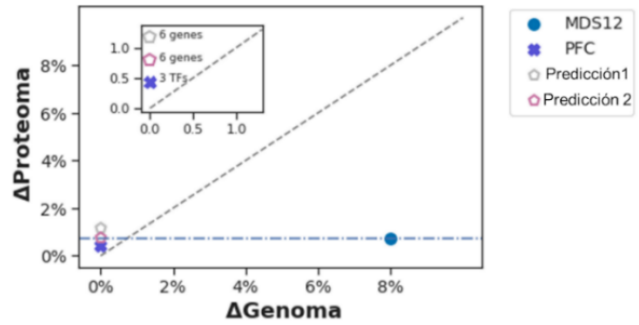


Fig. 2. Comparación de la predicción de liberación de proteoma entre cepas minimizadas y genes blanco obtenidos en este estudio.

Conclusiones. Eliminar más genoma no indica una eliminación equivalente de proteoma y puede comprometer la aptitud de la célula. Una reducción de proteoma es la más adecuada para liberar recursos ya que es la más costosa. El combinar la reducción de proteoma con datos de fitness nos puede permitir crear cepas de producción eficientes con pocas mutaciones.

Agradecimiento. Proyecto Newton advanced fellowship NA160328

Bibliografía.

1. Colijn, C., Brandes, A., Zucker, J., Lun, D. S., Weiner, B., Farhat, M. R., ... & Galagan, J. E. (2009). PLoS Comput Biol. 5 (8): e1000489.
2. Bordbar, A., Monk, J. M., King, Z. A., & Palsson, B. O. (2014). Nature Reviews Genetics. 15(2): 107-120.
3. Lastiri-Pancardo, G., Mercado-Hernández, J. S., Kim, J., Jiménez, J. I., & Utrilla, J. (2020). Nature Chemical Biology. 16(9): 1026-1033.
4. Schmidt, A., Kochanowski, K., Vedelaar, S., Ahrné, E., Volkmer, B., Callipo, L., ... & Heinemann, M. (2016). Nature biotechnology. 34 (1): 104-110.
5. Kurokawa, M., & Ying, B. W. (2020). Microorganisms. 8 (1): 3.
6. Price, M. N., Wetmore, K. M., Waters, R. J., Callaghan, M., Ray, J., Liu, H., ... & Deutschbauer, A. M. (2018). Nature. 557(7706): 503-509.

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO EN RESPUESTA AL ESTRÉS COMBINADO POR RADIACIÓN UV-B Y FRÍO EN PIMIENTO MORRÓN (*CAPSICUM ANNUUM*).

Brandon Morales[1], Claudia Villicaña[2], Rubén León[3], Luis Lighbourn[3], José Basilio[1], Josefina León[1]. [1]Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo. Carretera a Eldorado Km 5.5, Campo el Diez. C.P. 80110. Culiacán, Sinaloa, México. Tel. +52 (667)4806950. [2]CONACYT-Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo. Carretera a Eldorado Km 5.5, Campo el Diez, C.P. 80110. Culiacán, Sinaloa, México. [3]Laboratorio de Genética, Instituto de Investigación Lightbourn, A. C., Cd. Jiménez, Chihuahua, 33981, México. Correo: bmorales220@estudiantes.ciad.mx

Palabras clave: Capsicum; estrés abiótico; transcriptómica.

Introducción. El pimiento morrón (*Capsicum annuum* L.) está clasificado como una solanácea de importancia económica con alto valor nutricional. Sin embargo, su producción está limitada por factores abióticos como la baja temperatura y la radiación UV-B, que pueden causar grandes daños a los cultivos. Las plantas pueden responder a los factores ambientales estresantes induciendo varios cambios morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares. La técnica RNA-Seq se aplica ampliamente para estudiar la expresión génica global en numerosos procesos relacionados con la biología vegetal, incluidas las respuestas inducidas por el estrés abiótico, proporcionando información relevante sobre los genes y las vías que participan en las respuestas inducidas por el estrés.
En este estudio, se analizó la expresión génica diferencial de tallos de plantas de *C. annuum* expuestos al estrés combinado por radiación UV-B y frío, por 1, 3 y 25 h, para obtener conocimientos sobre la dinámica temporal de los genes y vías moduladas por estos factores.

Metodología. Semillas de pimiento morrón comercial cv. Canon (Zeraim Gedera Syngenta; Israel) se germinaron y se mantuvieron como fue descrito previamente (1). Se recolectaron los tallos, y se aisló el ARN total de 50-100 mg de tejido usando el reactivo Trizol (Ambion, Life Technologies, EE. UU.), de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Se prepararon bibliotecas de ADNc de 150 lecturas de extremos emparejados en el sistema de bibliotecas Illumina TruSeq. Posteriormente, las bibliotecas se secuenciaron en la plataforma Illumina NextSeq-500 de acuerdo con el proveedor de servicios de secuenciación (Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, (LANGEBIO) Unidad CINVESTAV- IPN, Irapuato, Guanajuato, México. Para el análisis bioinformático se utilizaron los programas FastQC, Hisat2, Htseq-count y Deseq2 (2). El enriquecimiento de la ontología genética (OG) se realizó en UNIPROTKB y AgriGO. También realizamos el enriquecimiento de las vías en la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kyoto (KEGG).

Resultados. En el tratamiento combinado de UV-B y frío a 1, 3 y 25 h, se identificaron 281, 280 y 326 genes expresados diferencialmente (GED), de los cuales 154, 167 y 138 estaban regulados positivamente y 127, 113 y 188, regulados negativamente; respectivamente. Para el tratamiento combinado de UV-B y frío después de 1 h de exposición, el análisis de enriquecimiento de OG mostró que la actividad hidrolasa y la respuesta al estrés fueron estadísticamente significativas. Para el tratamiento de 3 h, cuatro categorías fueron estadísticamente significativas: respuesta al estímulo abiótico, respuesta al estrés, proceso metabólico de carbohidratos y proceso biosintético. Para el tratamiento a las 25 h, tres categorías fueron estadísticamente significativas: actividad hidrolasa. respuesta al estrés y proceso metabólico de carbohidratos. Con respecto al papel relevante de UV-B y frío en la modulación del metabolismo revelado por el enriquecimiento de la OG, se analizó los GED utilizando el mapa de enriquecimiento de KEGG. El análisis mostró que los GED pertenecientes al ritmo circadiano-planta y la biosíntesis de flavonoides fueron los más enriquecidos para genes regulados positivamente en 1, 3 y 25 h. Mientras que para los genes regulados negativamente ninguna vía fue significativa a 1 h, para 3 h se observó que solo la vía de señalización MAPK fue estadísticamente significativa. Y en 25h, sólo la biosíntesis de sesquiterpenoides y triterpenoides fueron estadísticamente significativas.

Conclusiones. Se observó que en respuesta al estrés combinado por frío y radiación UV-B en *C. annuum*, genes asociados a flavonoides y al ritmo circadiano se mantienen sobre expresados durante todos los tiempos de exposición. Por lo que se considera que tienen un papel importante en la respuesta al estrés.

Agradecimiento. Este trabajo fue apoyado por FOSEC SEP- INVESTIGACIÓN BÁSICA, Proyecto No. A1-S-8466. Cátedras CONACYT: Proyecto No. 784. Lightbourn Research. Convenio: 589683, Proyecto: Análisis Transcripcional de Pimiento Morrón (*Capsicum annuum* L.) bajo estrés abiótico. Los autores agradecen a Q.F.B. Jesús Héctor Carrillo Yáñez por asistencia técnica crítica.

Bibliografía.

1.León-Chan R.G., López-Meyer M., Osuna-Enciso T., Sañudo-Barajas J., Heredia J. & León-Félix J. (2017). *Environ Exp Bot*., 139(1): 143-151
2. Li J. & Liu X. (2019). *PeerJ*. 7:e6832.

MODELO METABÓLICO A ESCALA GENÓMICA DE *Acinetobacter schindleri* ACE

Mitsuo Nakakawa[b], Adrián Jiménez[c], Juan Carlos Sigala[a], Roberto Olivares Hernández[a]
[a] Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, Cuajimalpa de Morelos, Ciudad de Mexico,05348, México
[b] Posgrado en Ciencias Naturales e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa
[c] Licenciatura en Ingeniería Biológica, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa

Palabras clave: Acinetobacter schindleri ACE, modelo metabólico, catabolismo de acetato.

Introducción. Las especies de *Acinetobacter* tienen la capacidad de degradar compuestos aromáticos y de crecer eficientemente con fuentes de carbono gluconeogénicas como el acetato. Estas características en especies no patógenas las hacen atractivas para el desarrollo de aplicaciones biotecnológicas, como la detoxificación de hidrolizados de biomasa vegetal. En particular, la cepa *Acinetobacter schindleri* ACE ha sido aislada y cultivada en laboratorio reportando tasas muy altas de crecimiento, 0.93 h^{-1} (1, 2). Con la finalidad de poder evaluar el metabolismo gluconeogénico de esta bacteria, en este trabajo se presenta un modelo metabólico a escala genómica (MMEG) y las predicciones de la distribución de flujo bajo ciertas condiciones de interés.

Metodología. Se empleó la secuencia genómica de *Acinetobacter schindleri* ACE depositada en NCBI (GenBank: CP015615.1) para llevar a cabo la reconstrucción de la red metabólica (1). Por medio de la herramienta Carveme (3) se obtuvo un borrador del modelo de manera automática, utilizando como plantilla un modelo universal. Posteriormente, el borrador fue refinado de manera manual calculando las distribuciones de flujos por medio de FBA (flux balance analysis) (4) llenando los vacíos de la red metabólica hasta lograr predicciones consistentes de las tasas de crecimiento experimentales.

Resultados. El modelo metabólico a escala de genómica de *A. schindleri* ACE (iMN845) se compone de 1870 reacciones, 1267 metabolitos y 845 GPR (gen-proteína-reacción).

Organismo	Modelo	Año
A.schindleri ACE	iMN845	2021
A. baumannii ATCC 19606	iYZ897	2019
A. baumannii AYE	iCN718	2018
A. baylyi ADP1	iMD787	2008

Tabla 1. Modelos metabólicos a escala genómica reportados para las especies de *Acinetobacter*.

De las reacciones que se incluyen en el modelo se puede observar la presencia de las reacciones del catabolismo de acetato. Para evaluar la distribución de flujos por medio de FBA se ocuparon datos de consumo de acetato reportados (2). Utilizando como función objetivo la tasa de crecimiento se evaluaron las predicciones de crecimiento, los balances de materia de los flujos extracelulares y la distribución de flujo principalmente en las reacciones del metabolismo central de carbono.
Inicialmente las predicciones de flujo estaban por encima de 1 h^{-1} y el modelo predecía la producción de glicolato. Al revisar en detalle el catabolismo del glicolato, el modelo tiene anotada dos glicolato deshidrogenasas, una que depende de NAD (GLYCLTDx) y otra de NADP (GLYCLTDy). Ambas reacciones involucran al glioxilato como metabolito, el cual puede ser transformado a (S)-Malato por la malato sintasa (1). Se determinó que los flujos del glicolato repercuten en el ciclo TCA y del glioxalato, lo que puede explicar por qué la tasa de crecimiento es sensible al metabolismo de glicolato en el modelo (Fig. 1).

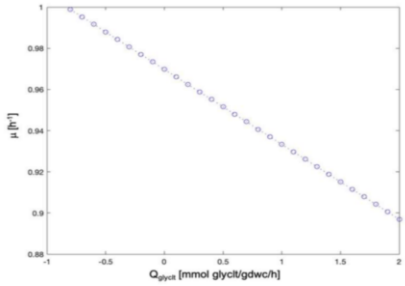


Fig. 1. Flujo de glicolato contra tasa de crecimiento del MMEG de *Acinetobacter schindleri* ACE.

Conclusiones. En este trabajo se presenta el primer modelo metabólico a escala genómica de *Acinetobacter schindleri* ACE el cual tiene la capacidad de predecir la alta tasa de crecimiento que se reporta experimentalmente. Esta capacidad predictiva está relacionada a un flujo de glicolato, lo cual es novedoso para el metabolismo gluconeogénico bacteriano, y apunta al diseño experimental para evaluar esta relación.

Agradecimiento. Se agradece a CONACYT por el financiamiento a través del proyecto A1-S-30750, y a la UAM por el apoyo de infraestructura.

Bibliografía.

Sigala, J. C., Suárez, B. P., Lara, A. R., Le Borgne, S., Bustos, P., Santamaría, R. I., & Martínez, A. (2017). *Microbiology*, 163(7), 1052- 1064.
1. Sigala, J. C., Quiroz, L., Arteaga, E., Olivares, R., Lara, A. R., & Martínez, A. (2019). *FEMS microbiology letters,* 366(12)
2. Machado, D., Andrejev, S., Tramontano, M., & Patil, K. R. (2018). *Nucleic acids research*, 46(15), 7542-7553.
3. Orth, J. D., Thiele, I., & Palsson, B. Ø. (2010). *Nature biotechnology*, 28(3), 245-248.

EVALUACIÓN DEL METABOLISMO DE PRODUCCIÓN DE GLUCÓGENO EN *Leucoagaricus gongylophorus* LEU18496

Gabriela Cejas Añón[1], Sergio Hernández Jiménez[2], Roberto Olivares-Hernández[2], Gabriel Vigueras Ramírez[2],
[1] Posgrado en Ciencias Naturales e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, CDMX
[2] Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa. Av. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe Cuajimalpa, Delegación Cuajimalpa, CDMX, 05348, México.
jvigueras@cua.uam.mx

Palabras clave: Leucoagaricus gongylophorus, rendimientos, análisis de modo elemental.

Introducción. El hongo *Leucoagaricus gongylophorus* vive en una asociación mutualista con la hormiga *Atta mexicana* (1), donde la hormiga transporta materia vegetal al nido para cultivar el hongo. El hongo utiliza estos polímeros vegetales para liberar azúcares, de los cuales, una fracción es aprovechada por el mismo hongo para satisfacer sus requerimientos energéticos, y otra fracción es almacenada en forma de glucógeno dentro de estructuras globulares conocidas como gonglidias, las cuales constituyen alimento para las hormigas (2). Para estudiar las capacidades de producción de glucógeno se puede utilizar herramientas computacionales como el análisis de modos de flujo elemental (3). Este trabajo se enfocó en la construcción de una red metabólica del metabolismo central del carbono de *L. gongylophorus* LEU18496 y en calcular los estados de la red en donde el rendimiento de producción de glucógeno es el mayor a partir de distintas fuentes de carbono.

Metodología. Para realizar la construcción de la red metabólica del metabolismo central del carbono de *L. gongylophorus* se realizó una búsqueda en diferentes bases de datos de las enzimas que catalizan las reacciones que eran de nuestro interés. A las secuencias de aminoácidos de estas enzimas se le realizó un alineamiento de secuencias proteína-proteína utilizando la herramienta BLAStp con las tres anotaciones que existen en NCBI para el género *Leucoagaricus sp.* El análisis de modos elementales fue implementado utilizando la herramienta METATOOL (4).

Resultados. A partir de los resultados obtenidos en el alineamiento de secuencias fue posible la construcción de una red metabólica del metabolismo central del carbono de *L. gongylophorus*. La red consiste en 58 reacciones con las cuales se pudo llevar a cabo el análisis de modos elementales. Estas reacciones involucran la degradación de los sustratos pectina, xilano y celulosa y la vía de síntesis de glucógeno, tal cual se muestra en la Fig.1. Se apreció que este hongo es capaz de sintetizar glucógeno utilizando la vía de síntesis propuesta en esta red metabólica y replicando lo que se ha observado para otros *Leucoagaricus sp.* Como resultado del análisis computacional se obtuvieron 273 modos elementales, de los cuales 107 estuvieron involucrados en la síntesis de glucógeno a partir de los sustratos modelos utilizados. La xilosa fue el sustrato más utilizado para la síntesis de glucógeno en este análisis.

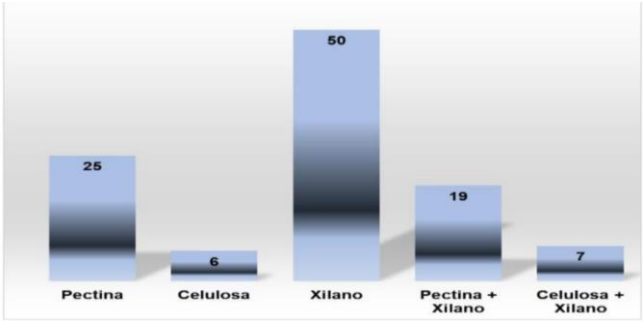


Fig. 1. Distribución de modos de los sustratos utilizados obtenidos a partir del análisis de modo elemental

Tabla 1. Modos elementales obtenidos con mayor rendimiento para cada sustrato.

Modo elemental número	Sustratos	Y (mol glucógeno/mol sustrato)
93	Pectina	0.5
165	Celulosa	0.5
14	Xilano	2.0
210	Xilano + Pectina	0.4
54	Xilano + Celulosa	0.3

Conclusiones. Se logró anotar una red metabólica del metabolismo central del carbono de *L. gongylophorus* para el análisis de la síntesis de glucógeno, por medio del análisis de modos elementales. El resultado muestra 273 modos elementales, de los cuales 107 estuvieron involucrados en la síntesis de glucógeno y el rendimiento teórico Glucógeno Sustrato fue mayor utilizando Xilosa como fuente de carbono. A partir de estos resultados se desea hacer la evaluación experimental.

Agradecimiento. Se agradece a CONACYT por la beca de posgrado otorgada a Gabriela Cejas; a SEP-CONACYT por el financiamiento otorgado al proyecto No. 287615; y a la UAM.

Bibliografía.

(1) Maya-Yescas M, *et al.* (2021). *Biotechnology Letters*, 43(4), 845- 854.
(2) Vigueras G, *et al.* (2017). *Letters in Applied Microbiology*. 65(2),173- 181.
(3)Trinh, C. T., & Thompson, R. A. (2012). *Reprogramming microbial metabolic pathways*, 21-42.
(4) Kamp, A. V., & Schuster, S. (2006). *Bioinformatics*, 22(15), 1930-1931.

ENSAMBLE, ANOTACIÓN, Y CONSTRUCCIÓN DEL MODELO METABÓLICO A ESCALA GENÓMICA DEL HONGO *Leucoagaricus gongylophorus* LEU18496 SIMBIONTE DE LA HORMIGA *Atta mexicana*

Freddy Castillo-Alonso[1], Mitsuo José Enrique Nakakawa Montes de Oca[1], Juan Carlos Sigala Alanís[2], Gabriel Vigueras Ramírez[2], Roberto Olivares-Hernández[2]

[1] Posgrado en Ciencias Naturales e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, CDMX, México.
[2] Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa. Av. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe Cuajimalpa, Delegación Cuajimalpa, CDMX, 05348, México.
rolivares@correo.cua.uam.mx

Palabras clave: ensamble genómico, modelo metabólico a escala genómica, Leucoagaricus gongylophorus, LEU18496

Introducción. En la UAM-Cuajimalpa se identificó y aisló el hongo endémico *L. gongylophorus* LEU18496, simbionte de *Atta mexicana*. Este hongo es capaz de crecer sobre sustratos ligoncelulósicos, produciendo enzimas con actividad lignocelulolítica y almacenando glucógeno (1). Por este motivo, se tiene interés en su aplicación como medio biológico para la hidrólisis de residuos de biomasa vegetal y poder utilizarla como materia prima en bioprocesos. Para conocer mejor las capacidades de este hongo para producir enzimas con actividad lacasa, celulasa y endoglucanasa, y almacenar glucógeno, se propone el desarrollo de un modelo metabólico a escala genómica (MMEG). El primer paso en la construcción del MMEG es la secuenciación y anotación del genoma; una vez identificadas las secuencias de proteínas codificadas se lleva a cabo la construcción de un primer borrador del modelo utilizando, en este caso, las herramientas Carveme y Aureme para su posterior validación (3).

Metodología. El ensamble genómico se realizó a partir de datos de secuenciación obtenidos mediante las plataformas Illumina HiSeq y Roche 454 utilizando SPAdes version 3.9.0. La predicción de genes se realizó utilizando la herramienta Augustus, utilizando conjuntos de genes reportados para *L. gongylophorus*, simbionte de la hormiga *A. cephalotes* (4). La anotación funcional de los genes se realizó utilizando la plataforma Blast2Go. A partir de las secuencias de proteínas obtenidas se realizaron alineamientos mediante BLASTp con secuencias proteicas reportadas para: *Aspergillus niger*, *Trametes sp*., *Penicillium chrysogenum*, *Leucoagaricus sp.*, *Neurospora crassa*, *Ustylago maydis*, *Fusarium sp*. y *Trichoderma reesei*. Los dominios funcionales se obtuvieron de la base de datos INTERPRO y la asignación de funciones metabólicas mediante la base de datos KEEG.

Resultados. En este trabajo se presenta la anotación funcional del genoma de *L. gongylophorus* LEU18496 a partir de la secuenciación del genoma como primer paso para la construcción el MMEG. Al ensamblar los datos obtenidos por las dos plataformas de secuenciación fue posible incrementar el número de genes comparado con los reportados para *L. gongylophorus* Ac12 (2).
En la Tabla 1 se presentan los resultados correspondientes a los ensambles genómicos:

Tabla 1. Características de los ensambles genómicos de *L. gongylophorus LEU18496*.

	Ensamble Illumina	Ensamble Hibrido (Illumina+ Roche 454)	Ensamble (Aylward et al., 2013)
Contigs	66552	93115	83777
18	7995	4632	1828
Contenido GC	40%	36%	31.5%
Bases totales	156,508,786	156,651,217	100,245,223
Genes	7534	8088	----------

A partir de los dominios encontrados en INTERPRO y KEEG fue posible asignar función a 6408 secuencias y asignar 1653 números EC (Enzyme Commission number).

Conclusiones. En este trabajo se secuenció y anotó el genoma de *L. gongylophorus* LEU18496. Se logró identificar 6408 secuencias de genes, de los cuales se pudieron asignar 1653 números EC. Esta información sirve para obtener el borrador del MMEG utilizando las herramientas Aureme y Carveme. Una vez obtenido el borrador se puede comenzar a validar la capacidad de simulación de la producción de glucógeno y de las enzimas, así como identificar condiciones de máxima productividad.

Agradecimientos. Se agradece a CONACYT por la beca de posgrado para Freddy Castillo y el financiamiento a través del proyecto A1-S-30750. A la UAM-Cuajimalpa por el apoyo para presentar este trabajo.

Bibliografía.

1. Vigueras, G., Paredes-Hernández, D., Revah, S., Valenzuela, J., Olivares- Hernández, R., & Le Borgne, S. (2017). *Letters in applied microbiology*, *65*(2), 173-181.
2. Aylward, F. O., Burnum-Johnson, K. E., Tringe, S. G., Teiling, C., Tremmel, D. M., Moeller, J. A. & Currie, C. R. (2013. *Applied and Environmental Microbiology*, *79*(12), 3770-3778.
3. Aite, M., Chevallier, M., Frioux, C., Trottier, C., Got, J., Cortés, M. P. & Siegel, A. (2018). *PLoS computational biology*, *14*(5), e1006146.
4. Stanke, M., & Morgenstern, B. (2005).*Nucleic acids research*, *33*(suppl_2), W465-W467.



Área XII

Bioinformática

Contenido

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE Aspergillus flavus DE UNA INFECCIÓN MICÓTICA EN HUEVOS DE *Rhipicephalus microplus*
Ángela Martínez Monterroza, Paula Cecilia Guadarrama Mendoza, Ludmila Elisa Guzmán Pantoja, Thalía Isadora Ramírez Reyes, Rogelio Valadez Blanco 397

CONTAMINACIÓN POR HIDROCARBUROS EN CENOTES DE QUINTANA ROO: APLICACIÓN DE ANÁLISIS POR CONGLOMERADOS Y ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES
José Antonio León-Borges, Abraham Efraím Rodríguez-Mata, Manuel Alejandro Lizardi-Jiménez 398

INTERACCIONES DE LA PROTEINA OPPA Y LIGANDOS DE MAL-12
Miriam Becerril Ramírez, Lucía Soto Urzúa y Luis Javier Martínez Morales 399

GENÉTICA POBLACIONAL DE LOS NIDOS SELECCIONADOS DE HORMIGAS (FORMICIDAE): *Atta, Camponotus y Pogonomyrmex* EN MÉXICO
Mireles-Zavala Elizabeth, López-Pardo Genaro, Romero-Hernández Karina, Aguilar-Méndez Mario, Milan Janda 400

EVALUACIÓN DEL pH EN LA INTERACCIÓN DE LA AFLATOXINA M1 CON LA β-LACTOGLOBULINA BOVINA POR ACOPLAMIENTO MOLECULAR
C. Jiménez-Pérez, S. Alatorre-Santamaría, S. R. Tello-Solís, L. Gómez-Ruiz, G. Rodríguez-Serrano, M. García-Garibaya, A. Cruz-Guerrero 401

PREDICCIÓN DE INTERACCIONES PROTEÍNA-PROTEÍNA DE LA METALOPROTEASA ERMP1 DE *Schizosaccharomyces pombe* MEDIANTE HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS
González Esparragoza Dalia, Rosas Murrieta Nora, Millán Pérez Peña Lourdes, Luna Morales Félix, Herrera Camacho Irma 402

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS INVOLUCRADOS EN EL DESARROLLO DE CÁNCER DE COLON
Frida Cano F., Gala Flores G., Hortencia A. Ramírez V., Gabriela Cortés O., Harumi C. Manzano Y., Diana P. López E., Leonardo Mauricio Cañete Sifuentes, Aurora Antonio Pérez 403

ESTUDIO BIOINFORMÁTICO DE LOS ELEMENTOS POTENCIALMENTE IMPLICADOS EN LA RESPUESTA A LUZ EN *METARHIZIUM*
Lourdes Lavinia Lavín López, Gloria Angélica González Hernández, Juan Carlos Torres Guzmán. 404

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN *IN SILICO* DE LAS FAMILIAS DE GENES DE TRANSPORTADORES DE FOSFATO EN PIMIENTO (CAPSICUM ANNUUM L.)
Andrea Ross Orozco, Josefina León Félix, María Claudia Villicaña Torres 405

GENOME-WIDE IDENTIFICATION AND *IN SILICO* CHARACTERIZATION OF PEBP GENE FAMILY IN AVOCADO
Sandra Elena Rivas-Morales, Alejandro Pereira-Santana, Jorge Alberto Salazar-González,Rocío Isabel Díaz-de la Garza, Rafael Urrea-López 406

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DEL METABOLISMO DE NITROALCANOS EN *METARHIZIUM*
Ibarra Guzmán Marcos, González Hernández Gloria Angélica, Torres Guzmán Juan Carlos 407

ESTUDIO *IN SILICO* DE LA INTERACCIÓN ENTRE α-L-FUCOSIDASAS BACTERIANAS CON EL DONADOR DE FUCOSILO PNP-FUCOSA
Mauricio Eduardo Pavón-Chimal, Carlos Jiménez-Pérez, Francisco Guzmán-Rodríguez, Lorena Gómez-Ruiz, Gabriela Rodríguez-Serrano, Mariano García-Garibay, Sergio Alatorre-Santamaría, Luis González-Olivares, Alma Cruz-Guerrero 408

HIDRATACIÓN DE LA CAVIDAD DE MUP-1 Y SU RELACIÓN CON EL EFECTO HIDROFÓBICO NO CLÁSICO
Jesús Antonio Rauda Ceja, Luis Fernando Cofas Vargas, Enrique García Hernández 409

DETERMINACIÓN DEL MODO DE UNIÓN DE OLAPARIB Y PEREZONA EN EL SITIO ACTIVO DE PARP1, UN ENFOQUE COMPUTACIONAL
Maricarmen Hernández Rodríguez, Rene Miranda Ruvalcaba, María Inés Nicolás Vázquez 410

ESTUDIO *IN SILIC*O DE LA ASIMILACIÓN DE ACETATO Y EL NODO DEL ISOCITRATO ENTRE *A. schindleri ACE* y *E. coli* A NIVEL DE ESTRUCTURA Y DE FLUJOS DE CARBONO
Lorena Quiroz, Álvaro Lara, Gerardo Pérez, Roberto Olivares, Juan Carlos Sigala 411

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO A NIVEL TRANSCRIPCIONAL DE LA INHIBICIÓN DE LA ORNITINA DESCARBOXILASA
Sergio Natanael Carrillo-Gómez, Verónica Alcántara-Farfán, Lorena Rodríguez-Páez, Ernesto Alarcón-Hernández 412

IDENTIFICACIÓN Y EXPRESIÓN DE GENES INVOLUCRADOS EN LA BIOSÍNTESIS DE POLIAMINAS Y SU REGULACIÓN EN *Phycomyces blakesleeanus*
González-Villegas Virginia Itzel, Medina R. Humberto 413

ANÁLISIS DE REDES DE COEXPRESIÓN RNA-SEQ PARA IDENTIFICAR PATRONES GENÉTICOS CONSENSO EN *Arabidopsis thaliana* EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN POR HONGOS *ASCOMYCETES*
Cynthia-S Cardinault, Adriana Quiroz, Kevin Childs, Elsa Góngora 414

MODELADO MATEMÁTICO DE LA PRODUCCIÓN DE INDIGOIDINA POR *Rhodosporidium toruloides*
Brenda J. Vargas García, Danae Osnaya Vega, Rigel V. Gómez Acata 415

¿ES O NO ES *Bacillus thuringiensis*? LA RESPUESTA SE ENCUENTRA EN SU GENOMA
Carlos J. Moreno-Peña, César I. Hernández-Vásquez, Jorge H. García-García, Myriam Elías-Santos, Saúl A. Martínez-Morales Luis J. Galán-Wong, Benito Pereyra-Alférez 416

DILUCIDANDO LA ESTRATEGIA LIGNINOLÍTICA DE *Neurospora crassa* EN LA DESCOMPOSICIÓN DE BIOMASA VEGETAL
Paul Montaño-Silva, Ana Sofía Ramírez-Pelayo, Marina Franco-Herrera, Valentín Navarro-Enguilo, Jesús UrbarUlloa, Francisco Anguiano-Melendrez, Jorge Verdín 417

ANÁLISIS DE FRECUENCIA DE LOS TAXA BACTERIANOS EN HORMIGAS (*FORMICIDAE*): UN METAANÁLISIS DE META GENOMAS
Karina Romero, Mario Aguilar, Milan Janda, Genaro López, Elizabeth Mireles 418

EFECTO DE microARN DE TRIGO SOBRE LA EXPRESIÓN GENÉTICA DE HUMANO; UN ALCANCE BIOINFORMÁTICO SOBRE EL CRUCE ENTRE ESPECIES
Daniel Sánchez-Romo, César I. Vázquez-Hernández, Hamlet Avilés-Arnaut, Benito Pereyra-Alférez, Jorge H. García-García 419

ANALISIS MOLECULAR DE LA XILOSA REDUCTASA DE *Clavispora lusitaniae* PARA EL MEJORAMIENTO DE LA FERMENTACIÓN DE XILOSA A ETANOL
Alejandro Lara-Meléndez, Erika Alfayuset Ochoa-Chacón, Teresa Ponce-Noyola, Ana Carmela Ramos-Valdivia, María Lourdes Villa-Tanaca 420

ESTUDIO BIOINFORMÁTICO DE PLÁSMIDOS EN *ACINETOBACTER* SPP
Valencia Santos Rodrigo Gabriel, Juárez Vázquez Ana Lilia, Sigala Alanís Juan Carlos 421

INFERENCIA Y COMPARCIÓN DE PERFILES METABÓLICOS ENTRE MUESTRAS PERTURBADAS Y NO PERTURBADAS DE METAGENOMAS DE TIPO SHOTGUN
María del Carmen Sánchez Olmos, Rosa María Gutiérrez Ríos, Antonio Loza 422

ESTUDIO BIOINFORMÁTICO DE LAS ENZIMAS Icd y AceA EN EL CATABOLISMO DE ACETATO DE *Acinetobacter*
Jessica Elizabeth Villafuerte Urbina, Juan Carlos Sigala Alanis 423

DETERMINACIÓN DE LA RED DE REGULACIÓN DE MICRORNAS EN FIBROSIS PULMONAR IDIOPÁTICA
José Antonio Ovando Ricárdez, Yalbi Itzel Balderas Martínez 424

SIMULACIÓN DE CROMATOGRAFÍA DE INTERCAMBIO IÓNICO USANDO PROTEINA GFP COMO MODEL EN COMSOL MULTIPHYSICS ®
Alan Cardoso, Mirna Sánchez, Celeste C. Ibarra-Herrera, Carlos E. Gómez-Sánchez, Marco A. Mata-Gómez 425

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE *Aspergillus flavus* DE UNA INFECCIÓN MICÓTICA EN HUEVOS DE *Rhipicephalus microplus*

Arreguin-Perez C.A[1], Cossío-Bayúgar R[2]., Miranda-Miranda E[2]., Folch Mallol J[1]. Universidad Autónoma del estado de Morelos[1], Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Salud Animale Inocuidad[2], Jiutepec, Morelos, 62574.
cesaraarreguinp@gmail.com

Palabras clave: Rhipicephalus, Aspergillus, marcadores moleculares

Introducción. *Aspergillus flavus* es un hongofilamentoso ubicuo y saprofítico que produce toxinas que contaminan los alimentos y es capaz de infectar plantas y animales (1). Se ha identificado con anterioridad a *Aspergillus flavus* infectando a la garrapata Rhipicephalus *microplus* (2), este es el ectoparásito de mayorimportancia mundial en el ámbito de la ganadería ya que ademas del daño que ocasiona como ectoparásito, también transmite graves enfermedades del ganado bovino como babesiosis y anaplasmosis (3) por lo cual su adecuado control es un reto necesario e indispensable para esta industria.

Metodología. Se identificaron huevos de *R. microplus* con presencia de infección micótica,se aisló el posible agente causal y este fue identificado mediante técnicas morfológicas yfilogenia. Durante este trabajo se amplificó parcialmente el gen de la versicolorin B sintetasa con los primers AFVBSF 5´ AGGCGCATACGATATGTGS 3´ y AFVBSR 5´ AACAGACCCTTACGCTGCT 3´. Los amplicones fueron secuenciados mediante procedimiento Sanger capilar en el IBT- UNAM. Las secuencias obtenidas se les comparó mediante construcciones filogenéticas con secuencias ortólogas obtenidas de la base de datos del GENBANK con miembros la sección *Flavi*, por el método de máxima verosimilitud, según el modelo general tiempo reversible (GTR) y con una prueba de bootstrap de 1000 repeticiones.

Resultados.

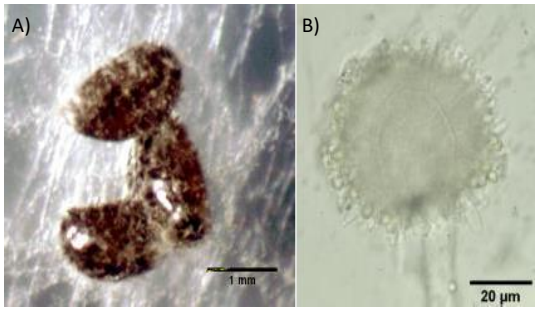


Fig. 1. – A) Micelio de *A. flavus* en huevos de *R. microplus*, B) Conidio de *A. flavus*

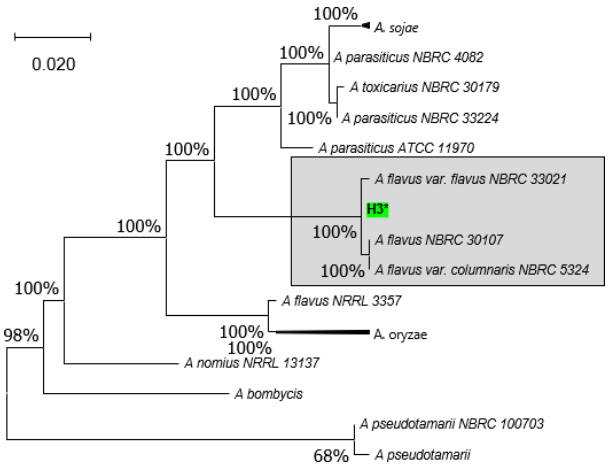


Fig. 2.- Construcción filogenética del marcador VBS

Conclusiones. El hongo aislado en este trabajo a partir de garrapatas infectadas (H3), fue ubicado en el clado de *A. flavus*, por lo quese infiere que pertenece a esta especie, no obstante, nuestro equipo de trabajo realiza más experimentos que soporten esta aseveración. El aislamiento e identificacion de hongos acaropatógenos capaces de infectar ala garrapata es de gran importancia pues podrían ayudar en el biocontrol de la garrapatadel ganado.

Agradecimientos.

Se agradece al Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Salud Animal e Inocuidad por permitir llevar a cabo este trabajo en sus instalaciones y al CONACYT por la beca otorgada.

Bibliografía.

Scheidegger, K.A. and Payne, G.A., 2003. Unlocking the secrets behind secondary metabolism: A review of Aspergillus flavus from pathogenicity to functional genomics. *Journal of Toxicology* 22: 423-459.

Miranda-Miranda, E., Cossio-Bayugar, R., Martínez- Ibañes, F., Casasanero-Orduña, R., y Folch-Mallol, J. (2012). Natural occurrence of lethal aspergillosis in the cattle tick Rhipicephalus (Boophilus) microplus (Acari:Ixodidae). *Parasitology*, 259-263.

Foil LD, Coleman P, Eisler M, Fragoso-Sanchez H, Garcia-Vazquez Z, Guerrero FD, Jonsson NN, Langstaff IG, Li AY, Machila N, Miller RJ, Morton J, Pruett JH, Torr

S. Factors that influence the prevalence of acaricide resistance and tick-borne diseases. *Vet Parasitol*. 2004 Oct 28;125(1-2):163-81.

CONTAMINACIÓN POR HIDROCARBUROS EN CENOTES DE QUINTANA ROO: APLICACIÓN DE ANÁLISIS POR CONGLOMERADOS Y ANÁLISIS DE COMPONENTESPRINCIPALES

José Antonio León-Borges[1], Abraham Efraím Rodríguez-Mata[2], Manuel Alejandro Lizardi-Jiménez[3]. [1]Universidad de Quintana Roo, División de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Cancún, Quintana Roo, 77519, [2]TecnológicoNacional de México-IT Chihuahua, Av. Tecnológico 2909, Tecnológico, C.P. 31200 Chihuahua, Chihuahua, [3]CONACYT- Universidad Autónoma de San Luis Potosí, MDH, Sierra Leona 550, 2da. Sección, San Luis Potosí, SLP, C.P. 78210.
jleon@uqroo.edu.mx

Palabras clave: Hidrocarburos, análisis de componentes principales, análisis por conglomerados

Introducción. La contaminación por hidrocarburos en cenotes de Quintana Roo ha sido recientemente documentado por nuestro grupo**.** Sin embargo, el uso de técnicas computacionales (Abdi y Williams, 2010; Edwards y Cavalli, 1965) con la idea de agrupar e identificar es escasa. El objetivo del trabajo evaluar la incidencia turística de análisis por conglomerados se ha evidenciado en (León-Borges y Lizardi-Jiménez, 2017) y de la explicación de presencia de asfalto con análisis de componentes principales en (León-Borges et. al, 2020).

Metodología. Se recolectaron muestras de 11 cenotes, entre 2012-2017, en temporada turística alta y baja. Cancún (21°11'25.5"N, 86°50'14.9"W; 21°9'41.3"N, 86°51'0.81"W; 21°8'19"N, 86°51'39.35"W), Puerto Morelos (20°50'15.965"N, 87º1'24.781"W; 20°52'32.42"N, 87°2'36.146"W), Riviera Maya, (20°39'43.59"N, 87°4'7.25"W; 20°12'31.26"N, 87°28'21.81"W), Cozumel (20°26'35"N, 86°59'40"W), Chetumal (18° 46'2.37"N, 88°18'24.92"W; 18°30'50.98"N, 88°25'27.29"W), Holbox (21°32'16.0"N,

87°13'12.0"W). Se analizó por cromatografía de gases la presencia de hidrocarburos. Se realizó un *Análisis por conglomerados* para agrupar relaciones de puntos en un espacio multidimensional (Edwards y Cavalli-Sforza, 1965), y se ocupó la técnica de agrupamiento basado en centroide llamado *k-means*. Se ejecutó un *Análisis de componentes principales* (ACP), técnica estadística multivariante, que analizó arreglos de datos donde las observaciones describieron correlaciones mediante varias variables dependientes (Abdi y Williams, 2010).

Resultados. HAP primarios detectados en las muestras incluyeron fluóratenos, antraceno, fenantreno y naftaleno, con concentraciones HAP totales que se multiplican casi por cinco para los cenotes muestreados de 2016 a 2017. Esto se compara con un aumento de solo el 7% tráfico turístico durante estos años. Además, se han encontrado antraceno, benzo[a]pireno, y pireno en las series de datos históricos donde se registraron dentro de grupos de 2, 3, y 4 clasificando muestras de cuerpos de agua de cenotes por grado de contaminación (bajo, medio, y alto) con respecto a la concentración de hidrocarburo (mg L-1).

Tabla 1. Punto "Cancún", concentración de hidrocarburos histórico.

Año	HAP	Concentración Alta/Baja
2012	Naftaleno	5.94 ± 3.62/ND
	Fenantreno	0.09 ± 0.00/ND
2013		N/A/N/A
2014	Fenantreno	10.09 ± 0.09/ND
2015	Antraceno	8.00 ± 0.13/ND
2016	Fenantreno	3.10 ± 0.03/1.10 ± 0.14
2017	Nonano	5.20 ± 0.36/ND
	Hexadecano	ND/1.98 ± 0.13

Tabla 2. Analisis por conglomerados por tres grupos (5 cenotes).

Grupo 1 (Holbox)	Grupo 2 (Bacalar)	Grupo 3 (Cancún)	Cenote asignado a grupo
3	5	0	Bacalar (Bacalar)
4	0	4	Rancho viejo (Cancún)
5	2	1	Ojo de agua (Holbox)
5	4	1	Xcaha (Riviera Maya)
4	0	2	Talleres (Cancún)

Conclusiones. El análisis por conglomerados fue agrupado en muestras por grado de contaminación, además del ACP para confirmar que existe una diferencia importante entre las concentraciones de hidrocarburos que se encuentran en las temporadas alta y baja. El análisis estadístico multivariado de los datos de concentración de HAP sugiere que el diésel, la gasolina y el asfalto son las fuentes de contaminación más probables y están asociadas con períodos de mayor tráfico turístico. La matriz de valores de las principales variables, que relaciona las varianzas, nos permitió encontrar las variables HAP más significativas, como ejemplo la correlación hexadecano/fenantreno con concentración 3.18/2.54 (mg L-1).

Agradecimiento. Al CONACYT, UASLP, CIACYT-UASLP y la Universidad de Quintana Roo.

Bibliografía

Abdi y Williams (2010) Wiley interdis rev: comput stat, 2(4), 433-459.

Edwards AW & Cavalli-Sforza LL (1965) Biometrics, 362-375.

Leon-Borges y Lizardi-Jiménez (2017) Touris Manage. 63: 179-186.

León-Borges, Viveros-Jiménez, Rodríguez-Mata y Lizardi-Jiménez (2020) Bulletin of Envirom Contamination and Toxicology 105: 758-763.

INTERACCIONES DE LA PROTEINA OPPA Y LIGANDOS DE MAL-12

Miriam Becerril Ramírez, Lucía Soto Urzúa y Luis Javier Martínez Morales, Centro de Investigaciones en CienciasMicrobiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, Pue. CP. 72570.
luis.martinez@correo.buap.mx

Palabras clave: OppA, Chaperon, Union a ligando

Introducción. La proteína A periplásmica de unión a oligopéptidos (OppA) es la porción de transporte con motivo de unión a sustrato (SBP) del pentámero, junto con B/C, segmento transmembrana; y D/F, fracción citoplásmica con motivo de unión a nucleótido y cassette para la hidrólisis de ATP[1]. Es un transportador tipo ABC en bacterias Gram (-), para el transporte de moléculas, absorción de nutrientes y procesos de señalización. OppA tiene varios sustratos. Se le encontró actividad tipo chaperona en *Yersinia pseudotuberculosis*[3]. Se propuso que los residuos aminoacídicos R41 y D42, están involucrados en dicha actividad de chaperona[3]. El objetivo es realizar ensayos *in silico* para dilucidar las interacciones entre las proteínas receptora (OppA) y ligando, entender la actividad chaperona de *Y. pseudotuberculosis*.

Metodología. Se realizó un estudio *in silico*, utilizando las estructuras cristalinas de la proteína OppA de *Yersinia pestis* (código PDB: 2Z23), de la α-glucosidasa de *Saccharomyces cerevisiae*[4] (código PDB: 3aj7), se realizaron acoplamientos proteína-proteína usando HDOCK[5] y GRAMM-X[6], para determinar los sitios de unión, después utilizando UCSF-Chimera[7], se seleccionaron y extrajeron 5 ligandos de MAL-12. Para evaluar su interacción con la OppA se hicieron acoplamientos moleculares mediante AutoDock Vina[8]. Se realizó una comparación de acoplamientos con ligandos ya conocidos de la SBP, de Pubchem. El análisis de interacciones del complejo ligando-receptor y generación de esquemas 2D fueron realizados en LigPLot[9].

Resultados. El presente es un estudio computacional de la interacción de diferentes ligandos con la OppA. Se obtuvieron las coordenadas de posición de las enzimas, del banco de datos de proteínas. Por el programa Chimera 1.7, se eliminaron los residuos que no pertenecían a las proteínas sin afectar los cálculos de docking. Los ligandos fueron extraídos de las zonas más hidrofóbicas de la hidrolasa de *S. cerevisiae* MAL-12, dos de las estructuras

β-plegadas del barril central con 6 residuos aminoacídicos cada uno y tres del dominio *β*-sandwich de la proteína, con 6, 8 y 9 residuos de aminoácidos. Usando Avogadro se auto-optimizarón los ángulos de enlace de los ligandos. En Autodock se eligió la enzima y los ligandos, moléculas de solvente y otros residuos fueron removidos del sitio activo de la enzima. Los átomos de hidrógeno se agregaron con la opción Hydrogen Polar only. Se eligió el "grid" de la OppA. No se introdujo semilla, y los parámetros de la posición y ángulos dihedros se dejaron aleatorios. Se creó la entrada para Autodock VINA y se realizó el cálculo.

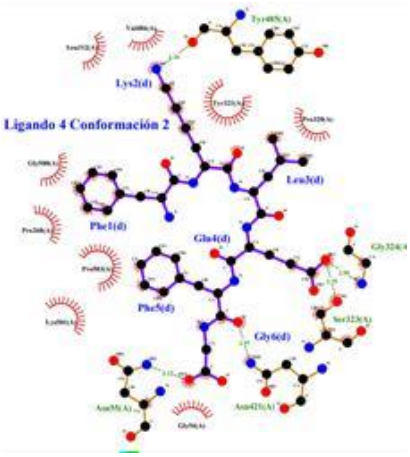


Fig. 1. Esquema bidimensional del ligando 4 conformación 2, hecho en LigPlus, que muestra las interacciones entre la molécula y los residuos aminoacídicos de la Proteína OppA.

Tabla 1. Características de las secuencias de los ligandos.

ligando	secuencia	Kcal/mol// puentes H
β-sandwich (9 aa)	Leu,Phe,Ser,Phe,Thr,Lys,Lys,Tyr	-7.1//5
β-barril central (6 aa)	Lys,Phe,Ile, Thr,Asp,Leu	-6.7//3
β-sandwich (8 aa)	Lys,Thr,Leu,Phe,Ala,Ala,Leu,Asn	-7.2//5
β-sandwich (6 aa)	Phe,Lys,Leu,Glu,Phe,Gly	-5.3//5
β-barril central (6 aa)	Thr,Val,Gly,Glu,Met,Gln	44//2

Conclusiones. El ligando que posee mayor afinidad con la enzima OppA es la conformación 2 del cuarto ligando; con una energía de enlace de 5.3. Tres de las cuatro conformaciones (una de cada ligando) tienen 5 interacciones por puentes de hidrógeno. Los enlaces de hidrógeno tienden a formarse con Leu, Lys y Thr.

Agradecimiento. A la VIEP-BUAP por el apoyo al proyecto.

Bibliografía.

Escobar Garduño, E., Scior, T., Soto Urzúa, L. et al. (2020) *AMB Expr 10,* 153. SpringerOpen.

Tovchigrechko A. y Vakser I. A. (2006). *Nucleic Acids Research*, 34; 310 – 314. Oxford Academics

Pettersen E. F., Goddard T. D., Huang C. C., Couch G. S., Greenblatt D. M., Meng E. C. y Ferrin T. E. J. (2004). *Comput Chem*; 25; 1605-12.

O. Trott, AJ Olson. (2010). *Journal of Computational Chemistry* 31;455-461.

Wallace A. C., Laskowski R. A., Thornton J. M. (1996*). Protein Eng*. 8;127-134. PubMed.

GENÉTICA POBLACIONAL DE LOS NIDOS SELECCIONADOS DE HORMIGAS(*FORMICIDAE): Atta, Camponotus y Pogonomyrmex* EN MÉXICO

Mireles-Zavala Elizabeth, López-Pardo Genaro, Romero-Hernández Karina, Aguilar-Méndez Mario, Milan Janda Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Guanajuato, Silao de laVictoria, Guanajuato 36275, México.
emiíelesz1500@alumno.ipn.mx

Palabras clave: Génetica Poblacional, Filogramas, Formicidae

Introducción. Las hormigas (*Hymenoptera: Formicidae*) son insectos con una amplia distribución geográfica y una alta riqueza especifica (13, 908 especies) (1) además, presentan un amplio espectro de relaciones interespecíficas e intraespecíficas (2), por lo cual se consideran un modelo idóneo para realizar estudios filogenéticos, de genética poblacional y ecológicos.

El objetivo de esta investigación es delimitar genética y geográficamente las poblaciones de los nidos seleccionados de *A. mexicana, A. cephalotes, C. atriceps, C. planatus, C. rubrithorax, C. sericeiventris, C. striatus, P. barbatus* y *P. comanche* en México.

Metodología. Con base en el genotipo del Citocromo C Oxidasa I (COI) de cada muestra estudiada (3), se realizaron filogramas utilizando el algoritmo *RAxML-BlackBox* y redes de haplotipos (*Median-Joining Haplotype*) (4). Las matrices de distancia geográfica y el radio limitante de cada población se obtuvieron en el programa Qgis 3.12 V, así mismo, se realizaron dendogramas de distancia UPGMA en PAST 4.04V y se obtuvo la diversidad nucleotídica y haplotípica en DnaSP 6V. La correlación entre la distancia genética y geográfica se evaluó mediante la prueba de Mantel.

Resultados. La especie *P. barbatus* presentó tres poblaciones, con una distancia limitante de 85.3 km, mientas que todas las muestras de *P. comanche* pertenecieron a la misma población en un radio de 3.45 km. Por su parte, las especies de *C. atriceps, C. planatus, C. rubrithorax, C. sericeiventris, C. striatus* presentaron un radio limitante de 99 km, 150.4 km, 138.8 km, 529 km, y 144.8 km, respectivamente. La baja variabilidad genética de la especie *A. cephalotes* propició la determinación de una única población delimitada por un radio de 460.3 km, a su vez, la especie *A. mexicana* presentó dos poblaciones con un radio mínimo de 85.3 km. Por otra parte, las especies de *P.barbatus* (S=74), *C. atriceps* (S=159), *C. rubrithorax* (S=124) y *C. striatus* (S=124) mostraron altos números de polimorfismos, contrario observado en *A. cephalotes* (S=19), *C. planatus* (S=2) y *P. comanche* (S=2). La menor diversidad nucleotídica se obtuvo en las especies *A. cephalotes* (π= 0.00485) y *P.* comanche (π= 0.00107).

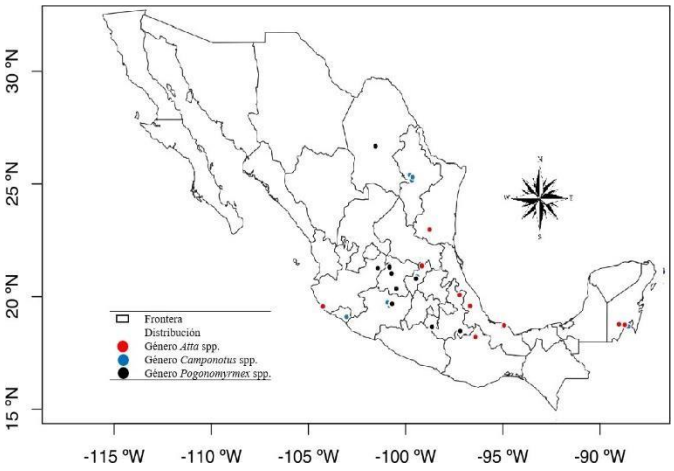


Fig. 1. Distribución de las muestras colectadas de los géneros *Atta* spp., *Camponotus* spp. y *Pogonomyrmex* spp.

Conclusiones. Las especies del género *Atta spp*. mostraron bajo número de poblaciones y una baja correlación entre la distancia genética y geográfica. En contraste, *P. barbatus* y *C. atriceps* presentaron un mayor número de poblaciones, las cuales pueden presentar patrones de aislamiento genético por distancia. Los valores más altos de diversidad haplotípica y número de mutaciones se observaron en el género *Camponotus* spp. La variación genética en las poblaciones no sólo depende de la distancia geográfica sino también de factores ecológicos y/o reproductivos.

Agradecimiento. Este trabajo fue apoyado por UNAM-PAPITT IN206818 CONABIO GEF No. 083999 y

CONACyT DICB-2016 No.282471. Agradecemos al Dr. Aguilar-Méndez, Dr. Milan y al Biology Center Cas (https://www.bc.cas.cz/en/)

Bibliografía.

Bolton, B. (2021). An online catalog of the ants of the world. Disponible en: https://antcat.org. (consultado [10/06/2021]).

Fisher, B. (2010). Biogeography. En: *Ant Ecology*. Lanch, L. Oxford University Press, Oxford, UK, pp. 18-31.

Aguilar-Mendez M. (2020). Ecological and evolutional implications of ant-microbiome associations. *Tesis de Doctorado*. Universidad de Guanajuato. México.

Griffiths, A., Wessler, S., Carroll, S. & Doebley, J. (2015) Population Genetic. En: *Genetic Analysis*. Schultz, L. W.H Freeman & Company. EUA. pp 665-707.

EVALUACIÓN DEL pH EN LA INTERACCIÓN DE LA AFLATOXINA M1 CON LA β-LACTOGLOBULINA BOVINA POR ACOPLAMIENTO MOLECULAR

C. Jiménez-Pérez[1], S. Alatorre-Santamaría[1], S. R. Tello-Solís[2], L. Gómez-Ruiz[1], G. Rodríguez-Serrano[1], M. García-Garibay[1,3], A. Cruz-Guerrero[1]*. [1]Departamento de Biotecnología, [2]Departamento de Química, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, Ciudad deMéxico, 09340. [3]Departamento de Ciencias de la Alimentación, Universidad Autónoma Metropolitana-Lerma, Edo. de México, 52006.

Palabras clave: Aflatoxina M1, β-lactoglobulina, acoplamiento molecular

Introducción. La β-lactoglobulina (β-LG) es la principal proteína globular presente en el suero de leche. Esta proteína presenta dos sitios de unión para ácidos grasos y polifenoles: el Cáliz y el Sitio C (1). Además, a un pH de 7.0 presenta la transición de Tanford, la cual implica un cambio de conformación del *loop* flexible formado entre las hojas β E-F (*loop* EF), donde este adquiere una conformación abierta debido a que el Glu89 es desprotonado lo que permite la accesibilidad de los compuestos a la cavidad del Cáliz (2). Se han realizado estudios sobre la distribución de la aflatoxina M1 (AFM1) durante la elaboración de quesos donde reportan que la interacción de la micotoxina es con las proteínas (3). Por otro lado, con la herramienta computacional del acoplamiento molecular se puede modelar la forma de unión de las proteínas de la leche con la AFM1 (4).

El objetivo de este trabajo fue evaluar la interacción de la AFM1 con modelos estructurales de la β-LG obtenidos a diferentes pH (2.0, 6.5, 7.4 y 8.2) por medio de acoplamiento molecular en los dos sitios de unión de la proteína.

Metodología. Los modelos estructurales de la β-LG a los pH 2.0, 6.5, 7.4 y 8.2 fueron obtenidos de la base de datos *Protein Data Bank* (PDB). Se realizó la comparación de los modelos a los diferentes pH con la herramienta *MatchMaker* del programa *UCFS Chimera.* El acoplamiento molecular se realizó con el programa *Autodock 4.2,* se calcularon los parámetros de unión: constante de unión (K_u) y energía libre de unión (ΔG_u) de cada complejo mediante 100 corridas del *Algoritmo Genético de Lamarckian*.

Resultados. En la Figura 1 se presentan las comparaciones de los modelos estructurales a los diferentes pH de la β-LG, encontrando que en el Cáliz a los pH 2.0 y 6.5 el *loop* EF se encuentra en conformación cerrada en comparación a los pH 7.4 y 8.2 donde está abierto. Asimismo, en la región del Sitio C a un pH de 2.0 se observó una cavidad hidrofóbica la cual se pierde conforme se aumenta el pH, además en esta región se ha reportado que hay una mayor afinidad por compuestos hidrofílicos como la lactosa (1).

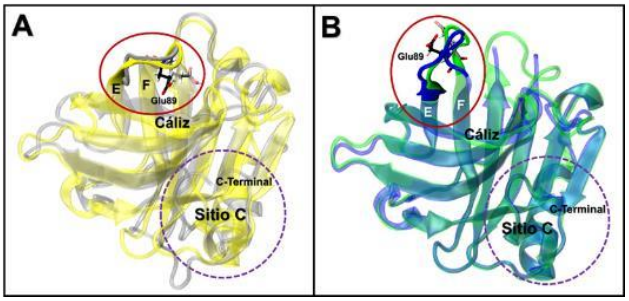


Figura 1. Efecto del pH en la conformación del *loop* EF (ovalo línea roja) de la región del Cáliz de la β-LG. **(A)** Conformación cerrada pH 2.0 (gris) y 6.5 (amarillo). **(B)** Conformación abierta pH 7.4 (azul) y 8.2 (verde).

La AFM1 se une a la β-LG a pesar de los cambios conformacionales que sufre por la variación del pH. Los parámetros de unión obtenidos del acoplamiento molecular con las estructuras de la β-LG a los diferentes pH se presentan en la tabla 1, observando que la AFM1 formó complejo tanto en el Cáliz como en el Sitio C.

pH	Cáliz		Sitio C	
	K_u (M^{-1})	ΔG_u (kJ mol^{-1})	K_u (M^{-1})	ΔG_u (kJ mol^{-1})
2.0	$3.47x10^4$	-26.11	$6.65x10^4$	-27.53
6.5	$1.60x10^5$	-29.71	$1.07x10^5$	-28.70
7.4	$1.46x10^4$	-23.77	$9.03x10^4$	-28.28
8.2	$2.04x10^4$	-24.60	$1.11x10^4$	-17.36

Tabla 1. Parámetros de unión obtenidos de la interacción de la AFM1 con los modelos de la β-LG a los diferentes pH en la región del Cáliz y el Sitio C.

Conclusiones. La mayor afinidad de la AFM1 hacia la β-LG se presenta a un pH de 6.5 para los dos sitios de unión, siendo este cercano al pH fisiológico de la leche. Además, se puede explicar la variabilidad del destino de la AFM1 durante la producción de quesos, debido a la capacidad de la β-LG de formar complejos a pesar de los cambios de pH.

Agradecimiento. Este trabajo fue realizado con apoyo del CONACyT (Becario: 592514). Al Laboratorio de Supercómputo y Visualización en Paralelo (LSVP) de la UAM–Unidad Iztapalapa.

Bibliografía.

Domínguez-Ramírez, L. y col. (2013). *PLoS ONE* 8: 1–1 2.

Sakurai, K. y Goto, Y. (2007). *PNAS* 104: 15346–51

Chavarría G. y col. (2017). *Food Control*. 73: 581-586

Jiménez-Pérez, C. y col. (2020). *J. Photochem. Photobiol. B* 209: 111957.

PREDICCIÓN DE INTERACCIONES PROTEÍNA-PROTEÍNA DE LA METALOPROTEASA ERMP1 DE *Schizosaccharomyces pombe* MEDIANTE HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS

González Esparragoza Dalia[1, 2], Rosas Murrieta Nora[2], Millán Pérez Peña Lourdes[2], Luna Morales Félix[3], Herrera Camacho Irma[2]. Doctorado en Ciencias Químicas[1], Lab. de Bioquímica y Biología Molecular, Centro de Química del Instituto de Ciencias BUAP[2], Departamento de Farmacia de la Facultad de Ciencias Químicas BUAP[3]. Edificio IC7, Ciudad Universitaria-BUAP. 72570, Puebla, Pue.
daly.qfb04@gmail.com

Palabras clave: Interacciones proteína-proteína, Ermp1, Schizosaccharomyces pombe

Introducción. Ermp1 es una metaloproteasa putativa dependiente de zinc de 91.8 kDa de la levadura de fisión *Schizosaccharomyces pombe* que se localiza en la membrana del retículo endoplasmático (RE). Ermp1 se caracteriza por tener la siguiente topología: una región N-terminal citosólica con actividad de aminopeptidasa, una región de 8 dominios transmembranales y una región C-terminal citosólica. Su función celular se desconoce y es una proteína ortóloga de ERMP1 de ratay humano. En ovario de rata su expresión es necesaria para la maduración de los folículos ováricos (1) mientrasque, en las células humanas, su expresión se ha relacionado con la modulación de la respuesta al estrés en RE a través de la vía UPR (2). Sin embargo, no hay evidencia de que la proteína interactúe con los componentes de la vía. Una alternativa que se tiene parala predicción de funciones celulares es la comparación de redes de interacción proteína-proteína (PPI´s) entre proteínas ortólogas de humanos y organismos modelo como *S. pombe* ya que permite el enriquecimiento de lasanotaciones funcionales de proteínas poco caracterizadas (3).

Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue predecir una red de PPI de Ermp1 de *S. pombe* para realizar acoplamiento molecular con el fin de identificar los posibles contactos entre las proteínas que interactúan, así como su relación funcional con el estrés en RE.

Metodología. La búsqueda de anotaciones de PPI´s de ERMP1 en humanos y en *S. pombe* se realizó en BioGRID. La identificación de los pares ortólogos se realizó en DIOPT y la construcción de la red de PPI de Ermp1 de *S. pombe* en Cytoscape. Las regiones más conservadas de Ermp1 y proteínas con las que interactúa se modelaron en Swiss-model y se validaron en PROCHECK y PDBeFold. Se utilizó el modelo de redes neuronales de DMPfold para generar estructuras 3D de proteínas que no se pudieron modelar por homología. El acoplamiento molecular se realizó en ClusPro y se utilizó UCSF Chimera 1.15 para la visualización de los modelos.

Resultados. En BioGRID se encontraron reportadas 84 proteínas humanas que interactúan con ERMP1, y 2 genes ortólogos humanos (*amk2* y *gsk3*) que interactúan con el gen de Ermp1 en *S. pombe*, con una alta probabilidad de que a nivel de proteínas también interactúen. En DIOPT se identificaron 11 proteínas ortólogas en *S. pombe* con una alta conservación de la función celular entre los pares ortólogos (DIOPT score >8). Una vez generados los modelos 3D de las proteínas de la levadura, se realizó el acoplamiento molecular en ClusPro. Para esto se utilizó el modelo de la región aminopeptidasa de Ermp1 para la interacción con Amk2, Gsk3, Ypt5, Oca8, Fis1, Pex12, Pmc1 y Emp70 ya que poseen regiones funcionales expuestas al citosol independientemente de su localización subcelular. Por otro lado, se utilizó el modelo de los 8 dominios transmembranales de Ermp1 para la interacción con 3 proteínas de membrana de RE: Yos1, Sei1 y SPAC603.12. Los modelos del acoplamiento que coincidieron con una misma conformación rotacional receptor-ligando, tuvieron los mayores valores de ΔG para las interacciones electrostáticas, hidrofóbicas y de Van der Waals. Las proteínas que interactuaron con la región aminopeptidasa de Ermp1 mantuvieron contactos próximos a sus sitios activos, mientras que el modelo de los 8 dominios transmembranales de Ermp1 interactuó con las hélices transmembranales de las proteínas de RE. De acuerdo con la anotación funcional de los pares ortólogos, Amk2 y Gsk3 son proteínas de regulación metabólica que pueden inhibir componentes canónicos de la vía UPR (como Ire1) mientras que Sei1 podría activarla. Por otro lado, es posible que Fis1 active la apoptosis en condiciones deestrés en RE.

Conclusiones. Ermp1 de *S. pombe* podría modular la respuesta al estrés en RE al interactuar con proteínas que se relacionan con componentes canónicos de la vía UPR, por lo que sería interesante identificar los aminoácidos que son cruciales para las interacciones, y si se relacionan con la actividad proteolítica de Ermp1 o con la generación de cambios conformacionales entre las proteínas para su función moduladora.

Agradecimiento. A CONACYT por la beca otorgada.No. de CVU: 820490.

Bibliografía.

Garcia-Rudaz, C., Luna, F., Tapia, V., Kerr, et al. (2007). *Dev*.134(5), 945–957.

Grandi, A., Santi, A., Campagnoli, S., Parri, et al. (2016). *Oncotarget,* 7(39), 63596–63610.

Vo, T. V., Das, J., Meyer, M. J., Cordero, et al. (2016). *Cell*, 164(1–2),310–323.

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS INVOLUCRADOS EN EL DESARROLLO DE CÁNCER DE COLON

Frida Cano F., Gala Flores G., Hortencia A. Ramírez V., Gabriela Cortés O., Harumi C. Manzano Y., Diana P. López E., Leonardo Mauricio Cañete Sifuentes, Aurora Antonio Pérez. Tecnológico de Monterrey, Escuela deIngeniería y Ciencias, Campus Estado de México. Carretera Lago de Guadalupe Km.3.5 Atizapán de ZaragozaCol. Margarita Maza de Juárez. CP 52926, Atizapán de Zaragoza, Estado de México.
a.antonio@tec.mx

Palabras clave: Colon cáncer, RStudio, DEG´s

Introducción. En México, de acuerdo con los datos del Instituto Nacional del Cáncer 700,000 pacientes mueren cada año debido a al cáncer de colon (CC). [1] Actualmente existen diversas formas de tratamiento, sin embargo, no han disminuido significativamente la mortandad del CC [2]. Por esa razón se han buscado diversos medios tecnológicos para encontrar nuevas soluciones para el tratamiento y la detección temprana del CC. Este trabajo se centra en la aplicación del lenguaje de programación o R para analizar un microarreglo de las bases de datos (GEO Omnibus) con el fin de obtener una visualización más clara y concisa delo que está ocurriendo con los genes diferencialmente expresados (DEG's) en estadios diferenciados del CC y posteriormente se correlacionaron a sus funciones moleculares y procesos biológicos.

Metodología. El análisis se realizó a través de una base de datos de muestras obtenida de GEO dataset con ID "GSE161097". A partir de las características de los datos del microarreglo, se hizo la construcción de cuatro grupos a analizar: CC en etapa inicial con presencia de mucina (PM), CC en etapa inicial en ausencia de mucina(PNM), metástasis peritoneal con presencia de mucina (MM) y metástasis peritoneal en ausencia de mucina (MNM). Los datos obtenidos se procesaron y filtraron mediante la aplicación de las librerías 'GEOquery' y 'limma', de la plataforma RStudio. Posteriormente se agruparon y normalizaron los valores ('cbind' y 'sweep').La ausencia o presencia de mucina en cada tejido se asignó a dos arreglos diferentes uno para etapa inicial deCC y otro de metástasis peritoneal. A partir del microarreglo normalizado se obtuvieron los p-values, seleccionando genes aquellos con P<0.05. Se obtuvo una lista de DEG´s se analizaron en Genbank, STRING, GO, COSMIC y genomAD. Recursos que permitieron un análisis sistemático y biológico molecular de los DEG´s.

Resultados. El filtrado de DEG´s por medio de R, redujo significativamente el número de genes; para el grupo CC en etapa inicial de 780 genes se redujo a 13 con presencia de mucina y 3 genes sin mucina, mientras queen el tejido de metástasis peritoneales se redujo a 12 conmucina y 23 sin mucina (Fig.1). Se hizo el agrupamientode los DEG´s por medio de un diagrama de calor (Fig. 2).

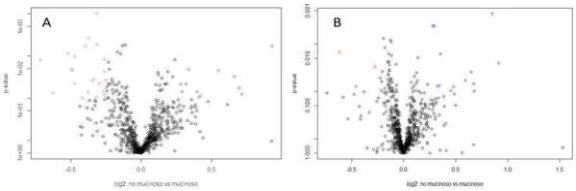


Fig. 1. **Gráficas de volcano de los DEG´s en tejidos de CC.** (A) en etapa inicial, (B) en tejidos con metástasis peritoneal. Los (●) representan DEG´sen su respectivo tejido sin mucina y los (●) representan DEG´s en su respectivo tejido con presencia de mucina.

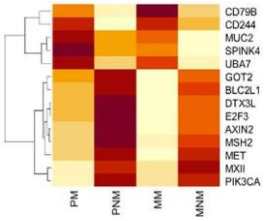


Fig. 2. Mapa de calor. Se puede observar la expresión de los genes para los cuatro grupos analizados: PM, PNM, MM y MNM. Permitiendo su análisis acorde a una jerarquía según la similitud que hay entre ellos.

Con el fin de comprender la relación de funcionalidad de los genes diferencialmente expresados se generaron dos redes de interconexión con los grupos de estudio:

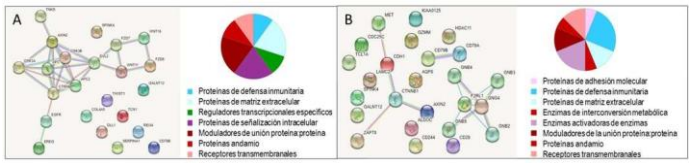


Figura 9. Red de interacción proteína – proteína y función de los DEG´s indentificados. (A) CC etapa inicial (B) metástasis peritoneal.

Conclusiones. La presencia o ausencia de mucina mostró una diferente agrupación de DGE´s en un mismo tipo de tejido.Al analizar la interrelación y funciones de las proteínas se observó que el CC etapa inicial de la cavidad peritoneal depende de la activación y reacción del sistema inmunológico así como se encuentran relacionados con otras proteínas encargadas de procesos biológicos de reparación y adaptación. Las herramientas computacionales son clave para la innovación de la metodología de investigación estadística, ya que permiten manipular bases de datos voluminosas de manera sumamente eficaz.

Bibliografía.

Torre LA, Bray F, Siegel RL, Ferlay J, Lortet-Tieulent J, Jemal A (2015) Global cancer statistics, 2012. CA Cancer J Clin65:87–108

Kuipers, E. J., Grady, W. M., Lieberman, D., Seufferlein, T.,Sung, J. J., Boelens, P. G., van de Velde, C. J. H., & Watanabe,
T. (2015). Colorectal cancer. Nature Reviews Disease. Primers,1(1),1.

ESTUDIO BIOINFORMÁTICO DE LOS ELEMENTOS POTENCIALMENTE IMPLICADOS EN LARESPUESTA A LUZ EN *METARHIZIUM*

Lourdes Lavinia Lavín López, Gloria Angélica González Hernández, Juan Carlos Torres Guzmán. Laboratorio de Genética Molecular de Hongos, Departamento de Biología, Universidad de Guanajuato. Guanajuato, GTO, CP.36000. lavinialavin99@gmail.com; torguz@ugto.mx

Palabras clave: Metarhizium, respuesta a luz, bioinformática

Introducción. La luz controla importantes respuestas fisiológicas y morfológicas en los hongos; entre estos se involucran procesos de regulación circadiana que determinan la expresión cíclica de genes controlados por el reloj circadiano (1). Este patrón fue inicialmente descrito en el hongo saprofito *Neurospora crassa* dondedestaca la función del gen *frq* como el principal reguladorcircadiano (2). Existen evidencias de los efectos fenotípicos causados por el estimulo lumínico en el hongo *Metarhizium* (3). Sin embargo, no se conoce una ruta completa que involucre el control circadiano y la respuesta a la luz en este organismo. Este trabajo buscadeterminar y comparar los componentes de la respuestaa luz y ritmos circadianos mediante un análisis bioinformático en genómica comparativa en especies pertenecientes al género *Metarhizium.*

Metodología. Se realizó una búsqueda de los elementos homólogos dentro del genoma de 8 especies de *Metarhizium,* además de los hongos *Trichoderma reesei*, *N. crassa* y *Beauveria bassiana*. Posteriormentese llevó a acabo un análisis de microsintenia mediante el programa Mauve y el paquete genoPlotR (4) usando regiones sub-genómicas de 50 kpb de cada especie. Finalmente, se caracterizaron los promotores de los genes de respuesta a luz, esto permitió identificar genes putativos de respuesta al reloj (ccgs) en el genoma de *Metarhizium*. Recopilando las evidencias bioinformáticas, generamos un modelo de expresión mediada por el estimulo lumínico y su posible regulación.

Resultados. Los genes de respuesta a luz se encuentran conservados dentro de los genomas de las especies analizadas. Principalmente el gen *frq* sobresaleya que en el contexto sub-genómico de este gen, se mantienen conservados los genes adyacentes a este; esto puede percibirse en los análisis de sintenia realizados donde existe una marcada conservación en almenos esta región sub-genómica en las especies de *Metarhizium* y *T. reesei*. La identificación y caracterización de los promotores de genes de respuestaa la luz nos permitió determinar genes putativos derespuesta temprana o tardía en el genoma de *Metarhzium*.

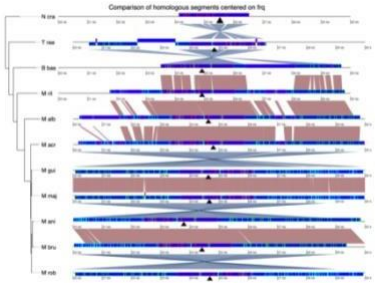


Fig. 1. Localización y comparación en las regiones sub-genómicas centrándose en el gen *frq* (triángulos negros).

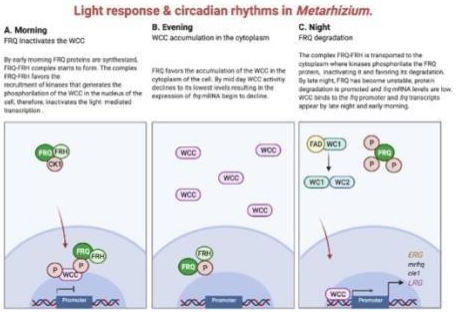


Fig. 2. Modelo propuesto para la respuesta a la luz y el reloj circadiano putativo en *Metarhizium*.

Conclusiones. Los análisis comparativos demuestran la conservación de los elementos de respuesta a luz dentro de este género, esto nos acerca a la posibilidad de una regulación circadiana mediada por elementos homólogos a aquellos que se encuentran en *N. crassa*. Este análisis nos permitió identificar genes putativos que podrían involucrarse en los fenotipos de respuesta a luz descritos en *Metarhizium*,estos incluyen un incremento en la tolerancia a la radiación UV y estrés osmótico (*phr, tps, cat1*), producción y germinación conidial (*mad2* y *odc*) y en la virulencia del hongo(*pr1d, pr1j*, *pr1h*).

Agradecimientos. Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) y la Universidad de Guanajuato.

Bibliografía

Yu, Z., & Fischer, R. (2019). Light sensing and responses in fungi. Nature Reviews Microbiology, 17(1), 25-36.

Fuller, K. K., Loros, J. J., & Dunlap, J. C. (2015). Fungal photobiology: visible light as a signal for stress, space and time. Current genetics, 61(3), 275-288.

Oliveira, A. S., Braga, G. U., & Rangel, D. E. (2018). Metarhizium robertsii illuminated during mycelial growth produces conidia with increased germination speed and virulence. Fungal biology,122(6), 555-562.

Lionel Guy, Jens Roat Kultima, and Siv G. E. Andersson: genoPlotR: comparativegene and genome visualization in R. Bioinformatics 2010;26(18):2334-2335.

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN *IN SILICO* DE LAS FAMILIAS DE GENES DE TRANSPORTADORES DE FOSFATO EN PIMIENTO (*CAPSICUM ANNUUM L.)*

Andrea Ross Orozco[1], Josefina León Félix[2], María Claudia Villicaña Torres[2]. [1]Universidad Politécnica de Sinaloa, Carr. Municipal Libre Mazatlán Higuera Km 3 Col. Genaro Estrada, Mazatlán, CP 82199; [2]Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C., Culiacán, Sinaloa, CP 80110. Email: 2019030550@upsin.edu.mx, maria.villicana@ciad.mx.

Palabras clave: pimiento, transportadores de fósforo, familias de genes.

Introducción. El fósforo es un macronutriente esencial para el crecimiento y desarrollo de las plantas, involucrado en fotosíntesis, respiración, metabolismo de energía, transducción de señales, biosíntesis de macromoléculas y otros procesos metabólicos. Para absorber el fósforo presente en el suelo, las plantas inducen la expresión de transportadores tipo simporte $Pi:H^+$ conocidos como proteínas transportadoras de fosfato (PHT) (1). Gracias a la disponibilidad de varios genomas secuenciados, se han identificado numerosos genes PHT en diversas especies vegetales como *Arabidopsis*, sorgo, manzana, entre otros utilizando enfoques genómicos (2,3). Dada la diversidad de genes, los PHTs se han clasificado en 5 familias: PHT1, PHT2, PHT3, PHT4 y PHT5 (PHO). Sin embargo, en el pimiento *Capsicum annuum* no se han identificado y analizado los PHTs a pesar de tener genomas secuenciados y ser una hortaliza de gran importancia económica. El objetivo de este trabajo fue identificar los genes que codifican para los PHT en *C. annuum*, así como su análisis filogenético y determinar algunas de sus características *in silico*.

Metodología. Se obtuvieron las secuencias de los PHT de *Arabidopsis* en Phytozome y los PHT1 de *C. frutescens* en GenBank. Con estas secuencias se realizó BLAST en el proteoma de Zunla-1 y CM334 disponibles en SolGenomics. De las secuencias resultantes, se seleccionaron aquellas con mayor porcentaje de identidad. Los PHTs se analizaron bioinformáticamente para determinar: peso molecular y punto isoeléctrico (pI) (Expasy), dominios (NCBI Conserved Domains), localización intracelular (Plant-mPloc, WoLF PSORT y CELLO) y dominios transmembranales (TCDB) El análisis filogenético se realizó en MEGA X utilizando además los ortólogos de *Arabidopsis y C. frutescens*.

Resultados. Se identificaron un total de 27 CaPHTs en el proteoma de *C. annuum* var. Zunla-1, y 20 CaPHTs en CMM34, siendo un PHT único de CMM34 dando un total de 28 CaPHTs. Se identificaron 11 CaPHT1, 1 CaPHT2, 5 CaPHT3, 7 CaPHT4 y 4 CaPHT5 (Figura 1). Los pesos moleculares variaron de 22.5 kDa (211 aa) a 77 kDa (688 aa); la mayoría de los pI variaron entre 8 y 10, a excepción de 3 CaPHT5 (CaPHT5-1, CaPHT5-3, CaPHT5 -4) y CaPHT4-4 con un pI a un pH entre 5.5 y 6. La mayoría de los CaPHT presentaron localización en membrana plasmática (22 PHTs), 3 en cloroplasto y 3 CaPHT3 sin determinar. Los CaPHTs presentaron de 5 y hasta 13 dominios transmembranales. Los CaPHTs presentaron dominios asociados a PHTs: SPX (Pfam03105), familia de trasportadores de fosfato (Pfam01384), acarreadores de mitocondria (Pfam00153) y simporte Na+/Pi (KOG2493). Se localizaron 24 CaPHTs en cromosomas (Crom), encontrándose 4 en crom1, 1 en Crom2, 4 en crom3, 2 en crom4, 5 en crom6, 1 en crom8, 2 en crom9, 1 en crom10, 3 en crom11 y 1 en crom12; 4 CaPHTs se localizaron en scaffolds no asignados a algún cromosoma.

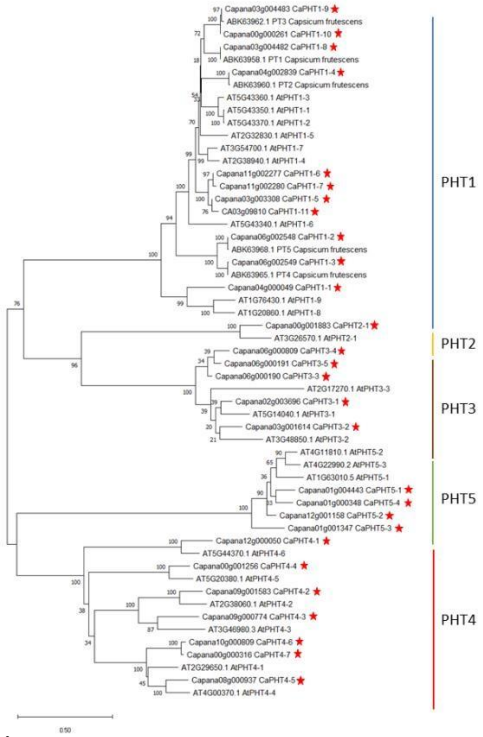


Figura 1. Árbol filogenético de los PHTs de pimiento (★) clasificados en las 5 familias de transportadores.

Conclusiones. Se identificaron 28 genes PHT utilizando los genomas Zunla-1 y CM334 de *C. annuum*, en proceso de evaluar su expresión en plantas de pimiento.

Agradecimientos. Al proyecto de Cátedras CONACYT No. 784.

Bibliografía.

1. Lopez-Arredondo D. L. *et al.* (2014) *Plant Biol.* 65: 95–123.
2. Wang, J. *et al.* (2019) *Biomolecules.* 9 (11): 670.
3. Sun, T. et al. (2017) *Front. Plant Sci.* 8: 426.

GENOME-WIDE IDENTIFICATION AND *IN SILICO* CHARACTERIZATION OF PEBP GENE FAMILY IN AVOCADO

Sandra Elena Rivas-Morales1, Alejandro Pereira-Santana2, Jorge Alberto Salazar-González3, Rocío Isabel Díaz-de la Garza1, Rafael Urrea-López3,1 Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias. Monterrey 64849 2 CIATEJ, Biotecnología Industrial. Zapopan. 3 CIATEJ, Biotecnología Vegetal. Zapopan 45019. rurrea@ciatej.mx

Palabras clave: Persea americana, proteínas de unión a fosfatidil-etanolaminas, rutas de floración

Introducción. Las proteínas de unión a las fosfatidil-etanolaminas (PEBP) tienen funciones importantes en las plantas como la regulación de su arquitectura y en la floración (1). Recientemente se publicó el genoma de uno de los frutos tropicales más comercializados (2), haciendo posible avanzar en su análisis bioinformático. En este trabajo se propuso identificar y caracterizar *in-silico* los posibles genes PEBP en aguacate.

Metodología. Se realizó búsqueda por homología usando 6 proteínas caracterizadas de Arabidopsis, se confirmó el dominio de secuencias utilizando el modelo HMM de proteínas PEBP. Se realizó análisis filogenético para confirmar clasificación de las proteínas comparándolas con las de otras 13 especies y se caracterizaron utilizando los programas MEME 5.2.0 y PlantCare.

Resultados. Se encontraron 20 proteínas entre los 2 genomas de aguacate (*var. drymifolia* y cv. Hass), las cuales se clasificaron en 4 subclados (FT-like, TFL-like, MFT-like y el 4to subclado), que se diferenciaron por regiones de AA con funciones conservadas (Fig. 1), su arreglo de motivos conservados y sus elementos cis-reguladores.

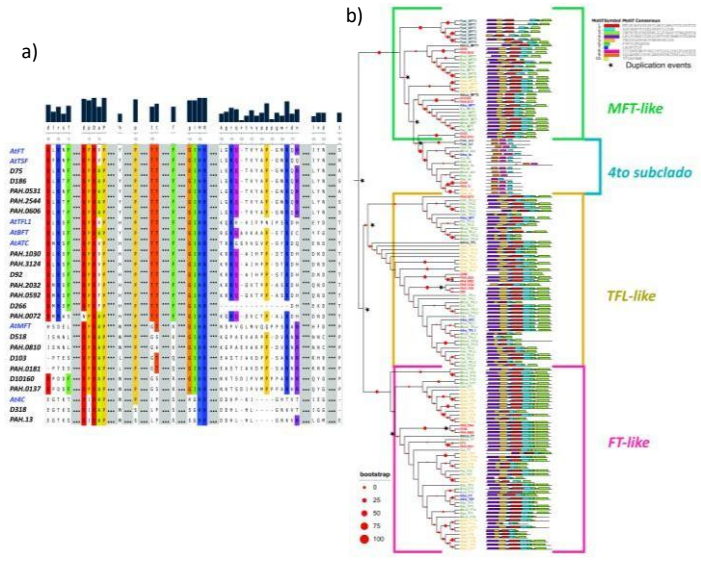


Fig. 1. a) Alineamiento de secuencias encontradas en genomas de aguacate. b) Reconstrucción filogenética deproteínas PEBP en 14 especies de plantas señalando losarreglos de motivos conservados.

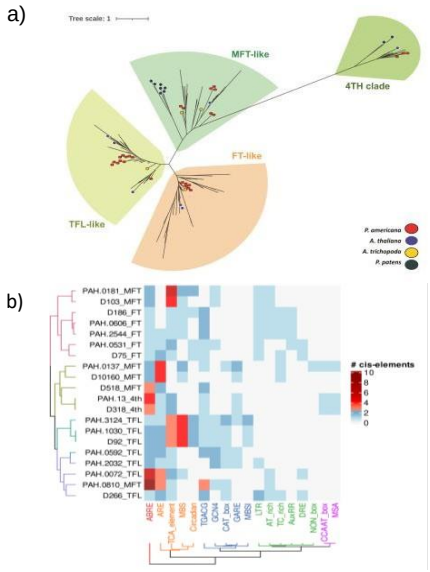


Fig. 2. a) Análisis filogenético de proteínas de 14 especies señalando los diferentes subclados. b) Elementos reguladores enlos promotores de genes PEBP de aguacate.

De las secuencias de aguacate, todas poseen elementos reguladores cis de respuesta a luz yhormonas (Fig. 2), pero solo el subclado FT mostróelementos de respuesta a auxinas AuxRR. Por otro lado, MFT-like y el 4to subclado mostraron elementos reguladores relacionados al control del ciclo celular.

Conclusiones. Se encontraron 8 genes PEBP para la var. *drymifolia* y 12 para el cv. Hass. El mayor número de secuencias pertenece el subclado TFL-like. Además, la similitud con secuencias caracterizadas de otras especies y sus elementos reguladores cis, sugieren su participación en la regulación de la floración. Esta información es útil para estudiar en aguacate los mecanismos moleculares que controlan la floración.

Agradecimiento. Consejo Estatal de Ciencia y Tecnología de Jalisco (COECYTJAL) y Secretaría de Innovación Ciencia y Tecnología (SICYT) por el apoyo económico al proyecto 7270-2018. CONACYT por labeca de posgrado SRM (No. CVU 968967).

Bibliografía

Karlgren et al. (2011). *Plant Physiology,* 156(4), 1967–1977.

Rendón-Anaya et al. (2019). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA,* 116(34), 17081-17089.

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DEL METABOLISMO DE NITROALCANOS EN *METARHIZIUM*

Ibarra Guzmán Marcos, González Hernández Gloria Angélica, Torres Guzmán Juan Carlos. Departamento de Biología. División de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Guanajuato. Guanajuato, Gto, CP 36050.
m.ibarraguzman@ugto.mx; gonzang@ugto.mx

Palabras clave: Elementos "cis", Nitroalcanos, Nitronato monooxigenasas (NMOs)

Introducción. *Metarhizium* es un hongo entomopatógeno empleado para el control de plagas en la agricultura (1). Su patogenicidad no está determinada por solo un factor, si no que depende de la coordinación de diferentes factores de virulencia (2). *Metarhizium* posee en su genoma, 6 genes que codifican enzimas con actividad nitronato monooxigenasas (NMOs) que catalizan la oxidación de nitroalcanos (3), pero poco se sabe del metabolismo de sus productos y de los elementos "cis" que participan en su regulación génica. En este trabajo analizamos la posible ruta de degradación de nitroalcanos y la región promotora de los seis genes que codifican enzimas con actividad de nitronato monooxigenasas de *Metarhizium*.

Metodología. Se realizó la búsqueda de las posibles proteínas que participan en el metabolismo de los nitroalcanos mediante el uso de plataformas como BRENDA y KEGG PATHWAY. Por otra parte, se analizaron las regiones promotoras de los 6 genes Npd del genoma de *Metarhizium* para realizar la búsqueda de los elementos "cis" que pudieran regular la expresión de estos genes.

Resultados. En el genoma de *Metarhizium brunneum* ARSEF329 (https://fungi.ensembl.org/index.html) encontramos 56 proteínas que pueden participar en el metabolismo de los nitroalcanos para permitir su utilización como fuente de nitrógeno y carbono, así como la posible ruta metabólica (Fig. 1). *Metarhizium* puede ingresar nitroalcanos al citosol por medio de transportadores de tipo ABC que se encuentran en la membrana plasmática y el peroxisoma. En el peroxisoma los nitroalcanos son oxidados por las NMOs produciendo su correspondiente compuesto carbonilo y nitro. Los productos de la oxidación pueden ser usados como sustratos por enzimas para ser aprovechados.

Por otra parte, en la región promotora de los genes Npd se encontraron elementos "cis" **PLE** y **TLE** (Elementos similares a PRE y TCS en *S. cerevisiae* respectivamente) los cuales participan en la regulación de genes reprimibles por glucosa (4); el elemento **FacB** el cual participa en la regulación de la expresión de genes en respuesta a la presencia de acetato (5). El elemento **Are A** el cual participa en la regulación de la expresión de genes en respuesta a la disponibilidad de fuentes de nitrógeno (6). También se identificó la presencia de posibles cajas **TATA** y **CCAAT** que participan en el inicio de la transcripción, (Fig. 2). Estos datos sugieren que *Metarhizium* en la vida silvestre modula la expresión de los genes Npd dependiendo de las condiciones nutricionales en las que se encuentra, lo que le permite sobrevivir.

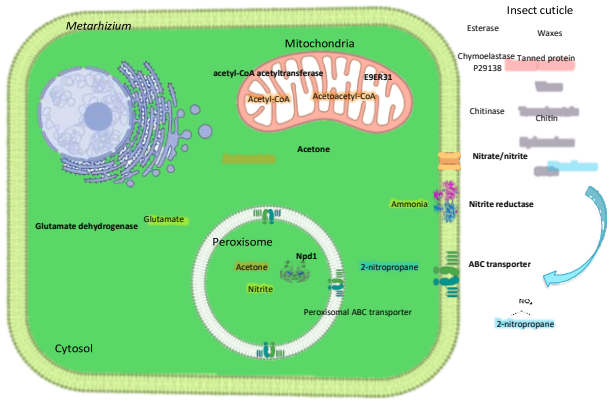


Fig. 1 Metabolismo de nitroalcanos y proteínas potencialmente involucradas de Metarhizium.

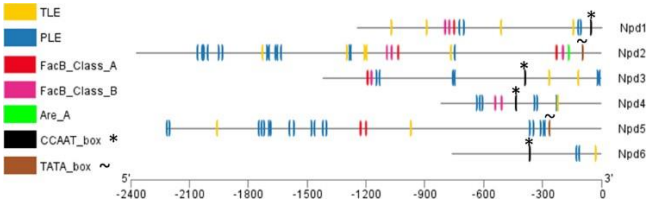


Fig. 2. Región promotora de genes Npd de MbC19. En la región promotora se muestran los posibles sitios funcionales que podrían modular la expresión del gen y posibles sitios para el inicio de la transcripción.

Conclusiones. Los análisis bioinformáticos nos permitieron identificar las potenciales proteínas involucradas en el metabolismo de los nitroalcanos, y la posible organización estructural de la región promotora de los genes Npd.

Agradecimiento. Consejo de Ciencia y Tecnología (CONACYT) y la Universidad de Guanajuato.

Bibliografía.

Meyling V. & Eilenberg J. (2007). *Biol. Control*. 43(2), 145-155.

Shah F., Wang C., & Butt T. (2005). *FEMS Microbiol. Lett.*, 251(2), 259-266.

Cervantes K., Padilla I., Torres J., Villa B., Valencia A., & Gonzalez G. (2020). *Appl. Microbiol. Biotechnol*, 104(7), 2987- 2997.

Herbert C., Jacquet C., Borel C., Esquerré M., & Dumas B. (2002). *J. Biol. Chem*. 277(32), 29125-29131.

Todd R., Andrianopoulos A., Davis M., & Hynes M. (1998).*EMBO J.* 17(7), 2042-2054.

Mihlan M., Homann V., Liu D., & Tudzynski B. (2003). *Mol. Microbiol*. 47(4), 975-991.

ESTUDIO *IN SILICO* DE LA INTERACCIÓN ENTRE α-L-FUCOSIDASAS BACTERIANAS CON EL DONADOR DE FUCOSILO PNP-FUCOSA

Mauricio Eduardo Pavón-Chimal[1], Carlos Jiménez-Pérez[1], Francisco Guzmán-Rodríguez[1], Lorena Gómez-Ruiz[1], Gabriela Rodríguez-Serrano[1], Mariano García-Garibay[1], Sergio Alatorre-Santamaría[1], Luis González-Olivares[2], Alma Cruz-Guerrero[1]. [1]Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, CDMX, C.P. 09340. [2]Instituto de Ciencias Básicas e Ingenierías, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, C.P.42067. mepcbt@xanum.uam.mx

Palabras clave: Fucosidasa, docking, fucooligosacáridos

Introducción. La leche humana es el mejor alimento para el recién nacido y además de sus beneficios nutricionales proporciona otros como la protección ante enfermedades gastrointestinales (1). Algunos de estos beneficios son proporcionados por los oligosacáridos de la leche humana (OLH), los cuales pueden ser fucosilados o sialilados (2). Los OLH pueden sintetizarse enzimáticamente empleando glicosil hidrolasas como la α-L-fucosidasa, cuya función natural es catalizar la hidrólisis de oligosacáridos, pero mediante el control de las condiciones de reacción, cataliza la transfucosilación, sintetizando oligosacáridos nuevos (3). Las fucosidasas de *Thermotoga maritima, Lactobacillus casei y Bifidobacterium longum subsp. infantis* han sido utilizadas para la síntesis de fucooligosacáridos.

El objetivo de este trabajo fue estudiar la interacción entre el *p*NP-fucosa (*p*NP-fuc), un sustrato utilizado frecuentemente en la síntesis de fucooligosacáridos y las fucosidasas de *Thermotoga maritima, Lactobacillus casei y Bifidobacterium longum* subsp*. Infantis (B. infantis),* mediante un docking.

Metodología. Se realizó el docking con α-L-fucosidas de *T. maritima* (2ZWY), *L. casei* (6O18) y *B. infantis* (3MO4). Las estructuras fueron obtenidas de la base de datos de Royal Collaboratory for Structural Bioinformatics Protein Data Bank (4) y el ligando *p*NP-fucosa (*p*NP-fuc). El docking se realizó con AutoDock™ 4.2, la constante de unión (K_b) y la energía libre de unión (ΔG_b) se calcularon con el algoritmo genético de Lamarckian, realizando 250 corridas.

Resultados. Del docking entre las tres fucosidasas y *p*NP-fuc, se obtuvieron complejos donde el ligando se colocó entre los residuos catalíticos ASP y GLU, con la fucosa del *p*NP-fuc ocupando el subsitio -1, ubicado dentro de la cavidad del sitio activo. Por otra parte, el *p*-nitrofenol, correspondiente al aglicón se colocó en el subsitio +1, el cual se ubica en el exterior de la cavidad del sitio activo en las fucosidasas de *T. maritima* y *L. casei*, mientras que en la fucosidasa de *B. infantis* este subsitio se ubica en una cavidad adyacente al sitio activo.

Respecto a las energías de unión, con la fucosidasa de *T. maritima se* obtuvo la menor energía de unión entre las tres (Tabla 1). Por otra parte, la Kb obtenida con *T. maritima* y *L. casei* fue menor a la de *B. infantis*, indicando que se forman complejos con mayor afinidad entre estas fucosidasas y el *p*NP-fuc, como fue reportado por Sakurama *et al*. (2012). El efecto en la afinidad puede producirse por diferencias en la interacción entre la enzima y el sustrato por los residuos ubicados en el sitio activo, como se observa en la Fig. 1.

Tabla 1. Energía libre de unión y Kb obtenidas del docking entre las tres fucosidasas y pNP-fucosa.

Organismo	Kb (μM)	Energía de unión (kcal/mol)
T. maritima	167.15	-5.6
L. casei	261.42	-4.89
B. infantis	1420	-3.88

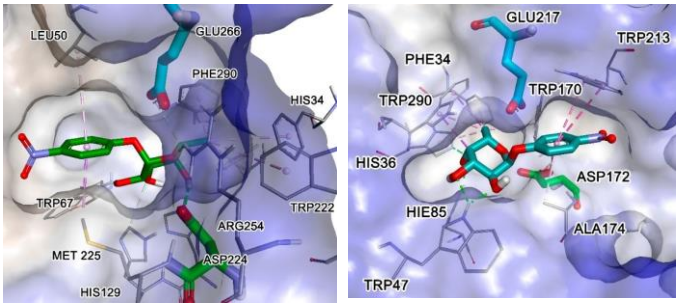


Figura 1. Acoplamientos moleculares obtenidos con *T. maritima* (izquierda), *B. infantis* (derecha) y *p*NP-fucosa.

Conclusiones. Se demostró mediante métodos *in silico* que la afinidad entre las α-L-fucosidas de *T. maritima*., *L. casei* y *B. infantis* y el sustrato *p*NP-fuc se relaciona a su interacción en el sitio activo, la cual se ve influenciada por las diferencias estructurales de estas enzimas.

Agradecimiento. Este trabajo fue realizado con apoyo del CONACyT (Becario 638147).

Bibliografía.

Andreas, N. J., Kampmann, B., & Mehring Le-Doare, K. (2015). Early Hum. Dev., 91(11), 629-635.

Sela D & Mills D. (2014). Am J Clin Nutr. *99*(3): 697S-703S.

Zeuner B *et al*. (2014). *J Agric Food Chem. 62*(40): 9615- 9631.

Berman, H. M., Westbrook, J., Feng, Z., Gilliland, G., Bhat,

T. N., Weissig, H., Shindyalov, I. N., & Bourne, P. E. (2000). Nucleic Acids Res., 28(1), 235-242.

Sakurama, H., Fushinobu, S., Hidaka, M., Yoshida, E., Honda, Y., Ashida, H., Kitaoka, M., Kumagai, H., Yamamoto, K., & Katayama, T. (2012). J. Biol. Chem, 287(20), 16709-16719.

HIDRATACIÓN DE LA CAVIDAD DE MUP-1 Y SU RELACIÓN CON EL EFECTO HIDROFÓBICO NO CLÁSICO

Jesús Antonio Rauda Ceja, Luis Fernando Cofas Vargas, Enrique García Hernández. Departamento de Química de Biomacromoléculas, Instituto de Química, Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad deMéxico C.P. 04510. jrauce25@gmail.com.

Palabras clave: Lipocalina, simulación por dinámica molecular, reconocimiento molecular

Introducción. La proteína urinaria mayor 1 (MUP-1) de *Mus musculus* pertenece a la familia de las lipocalinas y forma parte de una serie de proteínas de unión a feromonas encontrada en la orina de ratones macho. El reconocimiento de ligandos hidrofóbicos altamente específico de MUP-1 es esencial para la reproducción biológica (1). La unión de ligandos se caracteriza por un descenso importante en la entalpía de unión en una cavidad que se encuentra sub-óptimamente hidratada y se ha reportado para n-alcoholes que el incremento del tamaño del ligando propicia el descenso de la entalpía a

-1.4 kcal mol^{-1} por grupo metileno adicional (2). Para la proteína de unión a odorantes bovina (bOBP) se ha reportado un caso similar, al analizar la termodinámica de unión del hexenol y octenol, donde se ha propuesto que la baja densidad de agua en el sitio de unión propicia la aparición de moléculas de agua de alta energía que son desplazadas hacia el solvente de manera proporcional al tamaño del ligando. Ya en el seno acuoso, estas moléculas de agua desplazadas recuperan los contactos electrostáticos que no es posible que realicen en la cavidad apolar, contribuyendo favorablemente a la entalpía de unión (3). El objetivo de este trabajo es elucidar las bases energéticas en el reconocimiento molecular de ligandos apolares para MUP-1, correlacionando las firmas termodinámicas de unión experimentales con los cambios conformacionales y de hidratación de la cavidad observados en simulación por dinámica molecular.

Metodología. Se realizaron simulaciones de 2 y 4 μs para cada sistema empleando la suite AMBER 16 y el campo de fuerza FF14SB (4). Se emplearon las estructuras experimentales con códigos PDB 2OZQ, para la apoproteína, 1ZND y 1ZNK para los complejos conpentanol y nonanol, respectivamente. Las simulaciones se generaron en solvente explicito con el modelo de agua TIP3P en una caja octaédrica, conservando las aguas cristalográficas presentes en las estructuras. Para el análisis y visualización de las trayectorias se requirieron el módulo CPPTRAJ de AMBER y los programas UCSF CHIMERA y pyMDMix **Resultados**. Las simulaciones del sistema apo reproducen las 4 moléculas de agua encontradas en la estructura cristalográfica, con un promedio de 4.6 moléculas de agua dentro de la cavidad durante 4 μs. Adicionalmente, el número de puentes de hidrógeno que presentan (Tabla 1) es inferior al que se espera encontrar en el solvente ($N_{HB} \approx 3.6$). En ambos complejos se observa invariablemente la pérdida de 2 moléculas de agua, con una cantidad similar de puentes de hidrógeno.

Tabla 1. Número de moléculas de agua y puentes de hidrógeno promedio por molécula de agua dentro de la cavidad.

Sistema	MUP-1	MUP-1-pentanol	MUP-1-nonanol
N_W	4.6 ± 2.8	2.7 ± 1.7	2.8 ± 1.6
N_{HB}	2.0 ± 0.7	2.4 ± 0.6	2.4 ± 0.6

Dentro de la cavidad sin ligando se encuentran dos sitios preferentemente hidratados coincidentes con dos aguas cristalográficas. Uno de ellos se conserva en los complejos, mientras que el segundo se ve desplazado por el grupo hidroxilo del ligando (Figura 1).

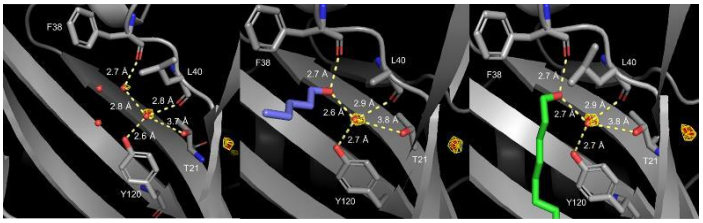


Fig. 1. Sitios de hidratación preferencial en los distintos complejos

A pesar de no observar en primera instancia diferencias en la hidratación interna, sí hay diferencia en la interacción de los ligandos con la proteína y el solvente. El pentanol fluctúa entre las posiciones observadas en la estructura cristalográfica, mientras que el grupo hidroxilo del nonanol se fija formando puentes de hidrógeno con la cadena principal del residuo 38 y el agua en el sitio de hidratación.

Conclusiones. Las simulaciones fueron capaces de reproducir sitios de hidratación preferencial correspondientes a aguas cristalográficas. A diferencia de bOBP, el tamaño del ligando no parece modificar la hidratación de la cavidad, mientras que las diferencias en movilidad del ligando pueden ser resultado de interacciones específicas diferenciales.

Agradecimiento. Beca CONACyT (CVU 1019311). PAPIIT, IN206221

Bibliografía.

Zidek,L., Novotny, M., Stone, M.(1999). *J. Nature Struct. Biol.* 6: 1118.

Malham, R., Johnstone, S., Bingham, R., Barratt, E., Phillips, S., Laughton, C., Homans, S. (2005). *J. Am. Chem. Soc.* 127: 17061.

Gómez-Velasco, H., Rojo-Domínguez, A., García-Hernández, E. (2020). *Biophys. Chem.* 257.

Maier, J., Martinez, C., Kasavajhala, K., Wickstrom, L., Hauser, K., Simmerling, C., Hauser, K. (2015). *J. Chem. Theory Comput.* 11.

DETERMINACIÓN DEL MODO DE UNIÓN DE OLAPARIB Y PEREZONA EN EL SITIO ACTIVO DE PARP1, UN ENFOQUE COMPUTACIONAL

Maricarmen Hernández Rodríguez, Rene Miranda Ruvalcaba, María Inés Nicolás Vázquez.
Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán Campo 1, Estado de México, CP 54740.
dra.hernandez.ipn@gmail.com

Palabras clave: Perezona, PARP1, bioinformática

Introducción. El cáncer representa una enfermad de importancia a nivel mundial debido a su morbimortalidad. Se ha implicado una amplia variedad de proteínas en el establecimiento y progresión del cáncer. Recientemente, se ha prestado especial atención al diseño de inhibidores de Poli-ADP-Ribosa-Polimerasa 1 (PARP1), debido a que PARP1 se ha encontrado sobreexpresado en varios carcinomas. Olaparib representa un potente inhibidor de PARP1 (rango nM) indicado en el tratamiento del cáncer de ovario así como de otros tumores sólidos. En contaste, empleando estudios computacionales e *in vitro*, nuestro grupo de trabajo ha demostrado que el fitoproducto perezona presenta actividad inhibitoria de PARP1 (1). Evaluaciones posteriores han permitido determinar la actividad proapoptótica de perezona en diversas líneas celulares de cáncer. El conocimiento de las fuerzas intermoleculares que permiten la interacción perezona con PARP-1 permitirán el diseño racional de nuevos derIvados de perezona con mayor potencia (2).

El objetivo del presente trabajo es establecer las fuerzas intermoleculares que rigen la interacción de perezona y con la proteína PARP1 empleando estudios computacionales.

Metodología. Se realizaron estudios de acoplamiento molecular empleando Autodock 4.2 y simulaciones de dinámica molecular (DM) empleando GROMACS (3). para investigar las interacciones que permiten el reconocimiento de olaparib y perezone en el sitio activo de PARP1. Además, se realizaron estudios de química cuántica para comparar propiedades moleculares de ambos compuestos en fase gaseosa y después de estudios de acoplamiento.

Resultados. La presencia de una cavidad grande y profunda en el sitio catalítico de PARP1 permite que olaparib y perezona establezcan interacciones intermoleculares, siendo más numerosas para olaparib en comparación con perezona (Fig. 1A). Las principales interacciones establecidas en el complejo proteico ligando fueron interacciones π-π enlaces de hidrógeno y contactos hidrofóbicos. La presencia de sustituyentes polares de olaparib permitió la formación de puentes de hidrógeno con aminoácidos polares existentes en la cavidad de unión (Fig. 1B). En comparación, la perezona mostró un modo de unión similar al olaparib, sin embargo, con una afinidad más baja, que se correlacionó con su potencia (Fig. 1C). Las simulaciones de DM mostraron que las interacciones establecidas en los complejos PARP1-olaparib y PARP1-perezona son estables durante 50 ns de la simulación. Los estudios de química cuántica mostraron que después de los estudios de acoplamiento, olaparib ganó más carga en comparación con la perezona, 56% y 40%, respectivamente. El valor calculado de $gap_{LUMO-HOMO}$ de las moléculas de perezona y olaparib indica que ambas moléculas exhiben estabilidad interna.

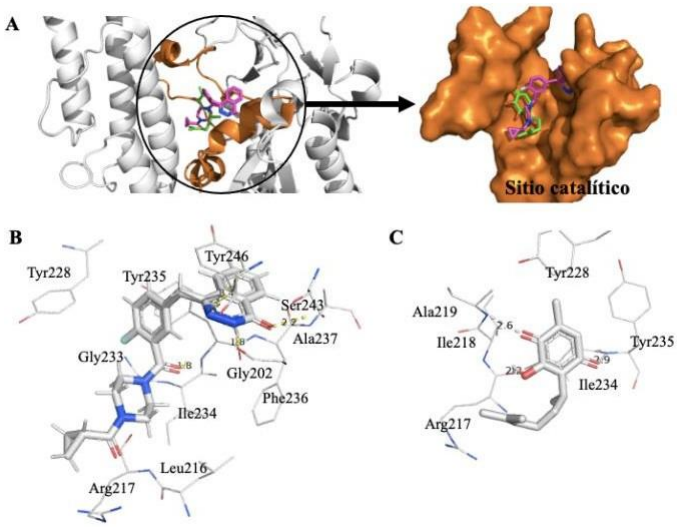


Fig. 1. Interacciones establecidas entre PARP1, perezona y olaparib. A) PARP1 muestra un sitio catalítico grande y profundo. B) Interacciones no enlazantes establecidas entre PARP1 y olaparib. C) Interacciones no enlazantes establecidas entre PARP1 y perezona.

Conclusiones. Los presentes resultados explican la mayor potencia de olaparib en comparación con perezona. Los resultados obtenidos podrían emplearse para diseñar derivados de perezona con actividad PARP1 mejorada, considerando las propiedades moleculares y tipos de interacciones intermoleculares en el complejo proteína-ligando.

Agradecimiento. Este proyecto fue realizado gracias alproyecto PAPIIT otorgado por la UNAM con número de registroIN212421 y Supercómputo-LANCAD-UNAM-DGTIC-400.

Bibliografía.

Hernández-Rodríguez M, Mendoza-Sánchez PI, Macias-Perez ME, Rosales-Cruz E, Mera-Jiménez E, Nicolás- Vázquez MI, Miranda-Ruvalcaba R. (2019) *Arch Biochem Biophys*. 671: 225-234.

Hernández-Rodríguez M, Mendoza Sánchez PI, Macías Perez ME, Rosales Cruz E, Mera Jiménez E, Aceves-Hernández JM, Nicolás-Vázquez MI, Miranda Ruvalcaba R. (2020) *Biochimie*. 171-172: 158-169.

Van Der Spoel D, Lindahl E, Hess B, Groenhof G, Mark AE,Berendsen HJC. (2005) *J Comput Chem* 26(16):1701-1718.

ESTUDIO IN SILICO DE LA ASIMILACIÓN DE ACETATO Y EL NODO DEL ISOCITRATO ENTRE *A. schindleri* ACE y *E. coli* A NIVEL DE ESTRUCTURA Y DE FLUJOS DE CARBONO

Lorena Quiroz, Álvaro Lara, Gerardo Pérez, Roberto Olivares, Juan Carlos Sigala.
Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Departamento de Procesos y Tecnología, Cuajimalpa de Morelos, C.P. 05348,Ciudad de México.
lore200295@gmail.com

Palabras clave: Icdh, Icl, FBA

Introducción. Los organismos en todos los dominios de la vida utilizan mecanismos de asimilación y excreción de acetato para equilibrar el flujo de carbono y electrones (1). Algunos lo utilizan como fuente de carbono primaria o secundaria mientras que otros lo generan como subproducto. *Acinetobacter schindleri* ACE (ACE) es una bacteria gran negativa que utiliza acetato como fuente de carbono primaria a una velocidad específica (μ) de 0.89 h^{-1} (2). Sin embargo, la bacteria en la que más se ha estudiado el metabolismo de acetato es *Escherichia coli* (*E. coli*) (1,3); *E. coli* JM101 (JM101) crece a una μ de 0.28 h^{-1} en acetato. La ruta preferencial de ACE para asimilar acetato es la ruta de dos pasos AckA-Pta de modo contrario a JM101 que prefiere la ruta mediada por Acs (1). Existe sobreexpresión de los genes de la ruta del glioxilato en ACE respecto a JM101(1). Investigar las diferencias que favorecen el catabolismo acelerado de acetato en ACE con respecto a *E. coli* sigue siendo un reto ya que tiene aplicaciones en la mitigación del sobreflujo metabólico existente en los cultivos de alta densidad de *E. coli*; también puede utilizarse a ACE como agente detoxificador de acetato en hidrolizados de biomasa lignocelulóscia. El objetivo del presente trabajo es caracterizar *in silico* a las enzimas que toman parte en las vías de asimilación de acetato y en el nodo del isocitrato en ACE a nivel estructural y de flujos de carbono.

Metodología. Para la deleción *in silico* de los genes *ackA-pta* y *acs* se utilizó el análisis de balance de flujo (FBA por sus siglas en inglés) empleando modelos metabólicos reducidos, uno para JM101 y otro para ACE. Mediante FBA también se realizaron análisis de modulación y variabilidad de la actividad de Icdh e Icl. Para el análisis de la estructura de Icdh, Icl y GlcB se emplearon Clustal-Omega y Jalview para realizar y visualizar alineamientos de secuencias de aminoácidos; en Jalview también se crearon árboles filogenéticos. Para predecir la estructura terciaria de las enzimas se emplearon servidores como I-TASSER y SWISS MODEL, su validación empleó el mapeo de zona de interfase para Icdh e Icl. Además, se utilizó el visualizador VMD.

Resultados. La deleción *in silico* de *ackA-pta* en ACE sugiere que la μ podría disminuir un 22%, mientras que cuando se deleta acs la μ no cambia. Cuando en JM101 se deleta *ackA-pta*, la bacteria no puede crecer mientras que al eliminar *acs* la μ incrementa un 12%. La modulación teórica de las actividades de Icdh e Icl indica que ACE alcanza a μ máxima cuando sus flujos fluctuan en un intervalo de 10 a 15 mmol C/ gDCW*h, mientras que para JM101 el intervalo es de 2 a 7 mmol C/ gDCW*h. Asi mismo, para que ACE alcance una μ de 0.93 h^{-1} la mayor parte de las enzimas del metabolismo central deben tener una actividad en su máximo nivel, mientras que las enzimas del metabolismo central de JM101 tienen mayor flexibilidad para tener una μ de 0.33 h^{-1}.Por otra parte, el análisis del alineamiento de secuencia y la estructura 3D de Icdh entre ACE y *E. coli* evidencia que pertenecen a familias evolutivamente distantes. Se determinó que existe una alta probabilidad de que el estado oligomérico de la Icdh de ACE funcione como homodímero, con alta conservación del sitio catalítico observado en la Icdh de *A. baumanni* (4). Mientras, que las estructuras entre la Icl de ACE y la de *E. coli son evolutivamente distantes* ya que comparten el 31.4% de identidad y su sitio catalítico no coincide estructuralmente. Sin embargo, se observó que la Icl de ACE comparte 73.4% de identidad con la Icl de *Pseudomonas aeruginosa*. Tras los análisis de mapeo de zona de interfase se determinó que la Icl de ACE se encuentra en estado homotetramérico. Finalmente, la GlcB de ACE comparte un 58.6% de identidad con la de *E. coli*; en ambas estructuras se conservan los sitios catalíticos, por lo que ambas proteínas son semejantes estructuralmente en el sitio activo.

Conclusiones. La deleción *in silico* de los genes *ackA-pta* y *acs* en ACE sugiere que la vía principal de asimilación de acetato es la mediada por *ackA-pta.* La modulación de flujos de carbono en Icdh e Icl indica que la actividad de dichas enzimas es casi el doble en ACE en comparación con la de *E. coli*. Icdh e Icl de ACE y *E. coli* son evolutivamente diferentes tanto en secuencia y estructura, por tanto, se esperaría que catalíticamente se comporten de manera diferente.

Agradecimiento. A los profesores que guiaron y dirigieron el proyecto, así como al CONACYT por la beca de maestría.

Bibliografía.

Sigala J., Quiroz L., Arteaga E., Olivares R., Lara A., & Martinez A. (2019), *Microbiology Letters, 366*

Sigala J., Suárez B., Lara A., Le Borgne S., Bustos P., Santamaría R., ... & Martinez A. (2017). *Microbiology*

Bernal C. & Cánovas (2016), *Applied Microbiology and Biotechnology*

Wang P., Wu Y., Liu J., Song P., Li S., Zhou, X., & Zhu G. (2018). *International journal of molecular sciences,*

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO A NIVEL TRANSCRIPCIONAL DE LA INHIBICIÓN DE LA ORNITINA DESCARBOXILASA

Sergio Natanael Carrillo-Gómez, Verónica Alcántara-Farfán, Lorena Rodríguez-Páez, Ernesto Alarcón-Hernández, Departamento de Bioquímica de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México C.P. 11340.
ealarconhernandez@gmail.com

Palabras clave: Poliaminas, regulación, cáncer

Introducción. La Ornitina Descarboxilasa (ODC) es la enzima que regula la síntesis de poliaminas (PA), su desregulación, se asocia con distintos tipos de cáncer. En este sentido, como una alternativa terapéutica, se desarrollan inhibidores enzimáticos, como la N-δ-cloroacetil-L-ornitina (NCAO) y la α-difluorometil ornitina (DFMO), cuyo blanco es la ODC y han demostrado tener actividad antineoplásica (1). Este trabajo busca determinar el efecto de la inhibición de la ODC por la DFMO en la expresión de genes a nivel transcripcional, a partir de datos de experimentos obtenidos del Gene Expression Omnibus (GEO).

Metodología. Se descargó y procesó la muestra GSE111517 de GEO. Con el programa DEBrowser (2) se determinaron los genes diferencialmente expresados (padj≤0.01, foldchange +/-2). La ontología de genes se identificó con el servidor DAVID (3). Se construyó una red de interacción de proteínas con STRING v11.0 (Score 0.700) (4).

Resultados. Se determinaron 303 genes sobre expresados y 315 sub expresados. El análisis de ontología y enriquecimiento funcional mostró que la mayoría de los genes sobre expresados son factores de transcripción dedos de zinc del tipo C2H2 o de caja Kruepell asociada, cuya función molecular es la unión al DNA de secuencia específica. La red de interacción de proteínas de dichos genes indica su asociación con TRIM28, vinculado con diversos genes relacionados con el ciclo celular y mecanismos de reparación como ATM, p53 y MDM2, además, dentro de los genes sobre expresados se identificó el gen ATMIN, el cual es un activador no canónico de ATM (Fig. 1). El análisis de ontología con base en la red de interacción de proteínas mostró la asociación a la vía de señalización p53, el ciclo celular, cáncer de próstata, la vía de señalización FoxO y hepatitis B. En conjunto la información obtenida hasta el momento sugiere que el efecto del inhibidor DFMO, provoca una respuesta celular mediada por los factores de transcripción identificados; la asociación con ATM y los mecanismos de reparación es relevante pues podría estar involucrada en el mecanismo molecular del fármaco, a su vez ha sido relacionada en otros estudios con resistencia a fármacos quimioterapéuticos (5, 6).

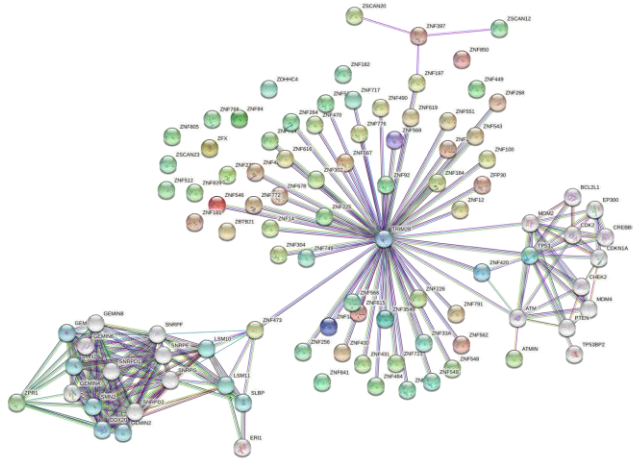


Fig. 1. Red de interacción de proteínas. Los factores de transcripción se asocian con TRIM28, que interactúa con genes de reparación y del ciclo celular.

Conclusiones. Se encontró una potencial asociación del metabolismo de las poliaminas con mecanismos de reparación de daño al DNA mediados por ATMIN/ATM. Esto tiene potenciales implicaciones a considerar para el entendimiento y aplicación de los inhibidores de la ODC.

Agradecimiento. Este trabajo se realizó con el apoyo de las becas otorgadas por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) y por el Programa Institucional de Formación de Investigadores del Instituto Politécnico Nacional (PIFI), clave de proyectos SIP 20201873 y 20211373.

Bibliografía.

Medina-Enríquez, M.M., Alcántara-Farfán, V., Aguilar-Faisal, L., Trujillo-Ferrara, J.G., Rodriguez- Páez, L., y Vargas-Ramírez, A.L. (2015). *Journal of enzyme inhibition and medical chemistry*. 30(3): 345- 353.

Kucukural, A., Yukselen, O., Ozata, D.M., Moore, M.J., y Garber, M. (2019). *BMC genomics*. 20(1): 6.

Dennis, G., Sherman, B.T., Hosack, D.A., Yang, J., Gao, W., Lane, H.C., y Lempicki, R.A. (2003). *Genome biology.* 4(5): P3.

Szklarczyk, D., *et al.* (2015). *Nucleic acids research.*

43(Database issue): D447-D452.

Jin, M.H., Oh, D.Y. (2019). *Pharmacology &therapeutics*.

Guleria, A., y Chandna, S. (2016). *DNA repair.* 39:1-20.

Identificación y expresión de genes involucrados en la biosíntesis de poliaminas y su regulación en *Phycomyces blakesleeanus*

González-Villegas Virginia Itzel, Medina R. Humberto, Tecnológico Nacional de México en Celaya, Departamentode Ingeniería Bioquímica, Celaya, Gto. México, cp.38010, m1903088@itcelaya.edu.mx

Palabras clave: Poliaminas, ornitina descarboxilasa, antienzima, hongos

Introducción.Las poliaminas son compuestos nitrogenados presentes en los organismos vivos, sus principales funciones se asocian a crecimiento, proliferación y diferenciación celular, respuesta a estrés, entre otros. La ruta de biosíntesis comienza con la acción de la enzima ODC, que se une a ornitina y cataliza su conversión a putrescina, la primera poliamina. La regulación de este proceso, descrito en mamíferos, involucra la acción de una proteína llamada antienzima(Figura 1), la cual tiene afinidad especifica por ODC, uniéndose a el homodímero (ODC:ODC) y marcándolo de tal manera que es identificado por el proteosoma 26s y es inducida su hidrolisis. Este mecanismo de regulación es dependiente de ubiquitinación y se ha propuesto que esta conservado en muchos organismos, incluyendo hongos. Phycomyces blakesleeanus, es un hongo saprófito, que ha sido objeto de estudio por más de 100 años. Sin embargo, aún no se han descrito los genes que participan en la biosíntesis de poliaminas y su regulación, se cree que posee el gen que codifica para la antienzima. El objetivo de este trabajo es identificar mediante bioinformática la secuencia de los genes que dan lugar a las proteínas de la biosíntesis de poliaminas, incluyendo la del gen de la antienzima, en P. blakesleeanus.

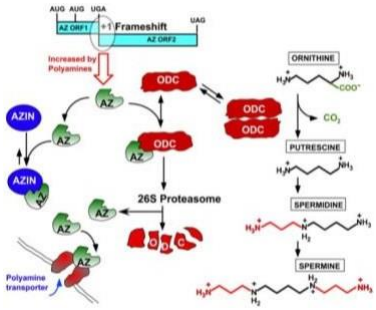


Fig. 1. Modelo de acción de la proteína antienzima como reguladora de la biosíntesis de poliaminas. (Pegg, 2006).

Metodología. Se realizó una búsqueda de secuencias de genes y proteínas involucradas en la biosíntesis (Valdés-Santiago y Ruiz-Herrera, 2016) y regulación (Ivanov y Atkins, 2007) de poliaminas en diferentes bases de datos (NCBI; Uniprot). Estas secuencias (M. musculus, S. cerevisiae, E. coli y O. sativa) se utilizaron para rastrear en el genoma de P. blakesleeanus (Corrochano et al., 2016). Las secuencias homologas se compararon usando el algoritmo Clustal Omega para determinar su parecido. Además, se llevó a cabo la identificación de dominios, en Pfam.

Resultados. Las secuencias los genes *arg* (arginasa), y *sam-dc* (s-adenosilmetionina-descarboxilasa), *odc* (ornitina descarboxilasa) y *spm* (espermidina sintasa) encontradas en los modelo de estudio antes mencionados, se sometieron a análisis Blast, obteniendo como resultado las secuencias homologas en *P. blakesleeanus*, con una homología mayor al 80% en la mayoría de las secuencias encontradas.

Tabla 1. Secuencias de proteínas involucrados en la biosíntesis de poliaminas encontradas en *P. blakesleeanus.*

	Arginasa	Adenosilmetionina descarboxilasa	Ornitina descarboxilasa	Espermidina sintasa
M. musculus	XP_018288361.1	XP_018293848.1	XP_018295084.1	
S. cerevisiae	XP_018286905.1	---	XP_018295084.1	XP_018298225.1
E. coli	---	---	---	XP_018298225.1
O. sativa	XP_018288361.1	XP_018293848.1	---	XP_018298225.1

Como se puede observar, se encontró la misma secuencia, en el genoma y proteoma de *P. blakesleeanus*, para cada una de las proteínas, independientemente de la secuencia usada para la comparación. Esto sugiere que las secuencias de dichas proteínas están conservadas en muchos organismos.

La secuencia Phybl|18695 (la presunta antienzima) de *P. blakesleeanus* se parece a la de la presunta antienzima de *Aspergillus bombycis*. Sin embargo, su similitud se debe corroborar con análisis más rigurosos. No se han encontrado secuencias homologas a las del catabolismo de poliaminas, como la poliamina oxidasa, pero no se pueden descartar, dado que se han encontrado en otros hongos.

Conclusiones. El genoma de *P. blakesleeanus* contiene los genes para la biosíntesis de poliaminas, como era de esperarse. Se requiere una búsqueda más exhaustiva y análisis más rigurosos para identificar (o corroborar las encontradas hasta ahora) más secuencias candidato a antienzima y las homologas a las proteínas involucradas en la retro conversión de poliaminas.

Agradecimiento. Los autores agradecen al Laboratorio de Biología molecular del TecNM en Celaya por las facilidades para la realización del estudio y M.K. Manzo Valencia (Cinvestav, Unidad Irapuato) por apoyo y asesoría. V.I.G.V. es estudiante de la Maestría en Ciencias en Ingeniería Bioquímica (1011245) y H.R. Medina es profesor-investigador del programa Catedras-Conacyt.

Bibliografía.

Guevara-Olvera, L., Xoconostle-Cázares, B. y Ruiz-Herrera, J. (1997).

Microbiology 143: 2237-2245.

Ivanov, I. P. y Atkins, J. F. (2007). Nucleic Acids Research, Vol. 35, No. 6, pp. 1842-1858.

Dmitrieva, S.A. (2018). Dokl Biochem Biophys 483, 341–343.

ANÁLISIS DE REDES DE COEXPRESIÓN RNA-SEQ PARA IDENTIFICAR PATRONES GENÉTICOS CONSENSO EN *Arabidopsis thaliana* EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN PORHONGOS ASCOMYCETES

MCC.Cynthia-S Cardinault (Unidad de Biotecnología del Centro de Investigación Científica de Yucatán), MC.Adriana Quiroz (Unidad de Biotecnología del Centro de Investigación Científica de Yucatán), Dr.Kevin Childs (Departamento de Biología Vegetal de la Universidad Estatal de Michigan), Dra.Elsa Góngora (Unidad de Biotecnología del Centro de Investigación Científica de Yucatán). Mérida, 97204.
cynstc@gmail.com

Palabras clave: Redes-Coexpresión; Defensa

Introducción. Las plantas son susceptibles a distintos tipos de patógenos que pueden causarles diversas enfermedades dependiendo de sus capacidades genéticas y las condiciones ambientales que las rodean. En cultivos agrícolas se estiman pérdidas que oscilan entre el 10% y 40% (1), lo cual pone en riesgo la seguridad alimentaria en algunas regiones. El advenimiento de las tecnologías NGS y estrategias bioinformáticas (2) nos permite hoy en día un mejor aprovechamiento de los datos, por lo que utilizando transcriptomas RNA-Seq (3) disponibles en forma pública, y estrategias de redes de co-expresión, buscamos identificar genes de respuesta común en arabidopsis infectada por distintos hongos patógenos ascomycetes.

Se busca identificar módulos genéticos fundamentales en el sistema de defensa de las plantas, que podrían ayudar a desarrollar estrategias de diagnóstico más eficaces para el tratamiento de enfermedades causadas por ascomycetes.

Metodología. Un total de 25 transcriptomas RNA-Seq entre plantas infectadas y sanas de *A thaliana* fueron alineados al genoma Araport11 para obtener perfiles de expresión (4) durante las primeras 48 horas de infección. A partir de estos datos se construyeron 2 redes de co-expresión con la herramienta WGCNA (5), de las cualesse filtraron módulos genéticos con correlaciones +/-0.75 y correlaciones de consenso ~0.50. Se utilizó álgebra de conjuntos para diferenciar los módulos genéticos presentes únicamente en plantas infectadas, y la clasificación de Gene Ontology para identificar las funciones moleculares de los módulos destacados.

Resultados. A partir de los módulos genéticos identificados en las 2 redes de co-expresión de Arabidopsis plantas sanas e infectadas, se logró identificar 20 módulos genéticos prominentes únicamente presentes en las plantas infectadas, cuyas densidades genéticas varían entre 39 y 597 genes (fig.1, módulos pre-seleccionados < 300). Se requiere realizar la extracción de *hub-genes* basados en el análisis de significancia genética, para identificar las funciones moleculares en los módulos resultantes con la clasificación de *Gene Ontology*.

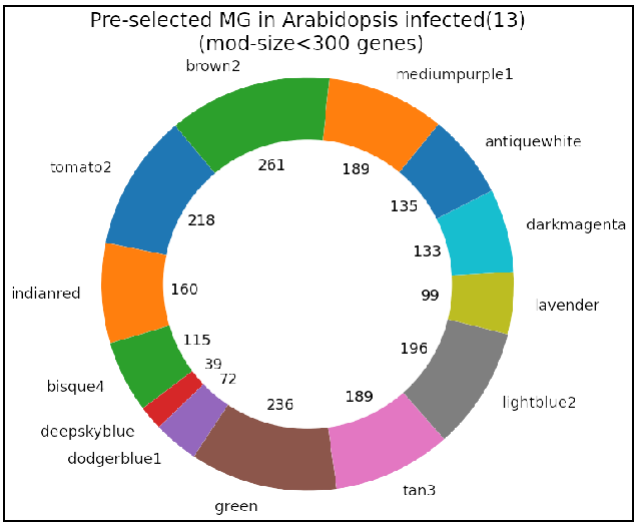


Fig. 1. Módulos genéticos putativos en arabidopsis infectada.

Conclusiones. A partir del análisis de redes de co-expresión se identificó 20 módulos de genes que están presentes únicamente en las plantas de *A. thaliana* infectadas con algún hongos ascomycetes. Una vez concluida la clasificación de *Gene Ontology* en los módulos identificados, podremos conocer si existe evidencia sobre rutas biológicas compartidas activadas por diferentes interacciones moleculares planta-patógeno, que sirvan de referencia sobre genes fundamentales en el sistema de defensa de lasplantas.

Agradecimiento. CONACyT beca 552999, al Centro de Investigación Científica de Yucatán, a mi comité de tesis, y a mi amada familia.

Bibliografía.

Savary S, Willocquet L, Pethybridge S, et al. (2019). Nat Ecol Evol. vol(3):430–439.

Kchouk M, Gibrat J, Elloumi M (2017). Biology and medicine. vol(9):1-8.

Góngora C, Buell C (2013). Natural product reports. vol 30(4):490–500.

Leinonen R, Sugawara H, Shumway M (2011). Nucleic acids research. Vol (39).

Langfelder P, Horvath S (2008). BMC Bioinformatics. vol(9) 559.

MODELADO MATEMÁTICO DE LA PRODUCCIÓN DE INDIGOIDINA POR *Rhodosporidium toruloides*

Brenda J. Vargas García, Danae Osnaya Vega, Rigel V. Gómez Acata, Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Departamento de Bioingeniería, Región Ciudad de México 52926.
rigel@tec.mx

Palabras clave: Modelado matemático, Indigoidina, Rhodosporidium toruloides

Introducción. La indigoidina es un pigmento azul de alto valor para la industria alimenticia y la textil. Dentro de su composición se define como una molécula de tipo alcaloidal bis-piridínico. Este producto es posible obtenerlo a través de bacterias, hongos y levaduras, siendo *Rhodosporidium toruloides* la levadura con mayor porcentaje de producto obtenido hasta ahora. Tanto su producción química como los procesos de teñido químico industrial representan procesos de alto costo y una fuente alta de contaminación ambiental. Es por ello que su producción por medio de biorreactores representa una oportunidad para obtener una mayor productividad de indigoidina, de manera más pura y con menor nivel de contaminación, representando una gran área de oportunidad para la industria y la biotecnología.

El objetivo de este trabajo es demostrar a través de un modelado matemático de un biorreactor en lote y en continuo la productividad alcanzada en cada uno.

Metodología. Para el desarrollo de este trabajo se determinó el balance estequiométrico celular a partir del Yxs encontrado en el artículo *"Sustainable bioproductionof the blue pigment indigoidine"* y tomando como sustratola glucosa y la levadura *R. toruloides* como biomasa. Debido a ello se determinó Yps= 0.822 g/g, Yxs= 0.2469g/g y Ypx= 2.6123 g/g. A partir de ello se procedió a realizar el modelado matemático en Matlab, en el cual seobtuvo el modelo paramétrico donde se observa la gráfica de los datos experimentales con el modelo de ajuste realizado en Matlab y la simulación del biorreactoren cultivo continuo donde se muestra las gráficas en series de la biomasa, sustrato y producto. Finalmente seobtuvo el cálculo de la productividad en ambos biorreactores.

Resultados.

Ajuste paramétrico para biorreactor en lote:

Datos obtenidos durante el análisis matemático, con losvalores de los rendimientos mencionados anteriormente:

- mmax= 0.0977
- ks= 100

Con un biorreactor en lote se logra una titulación de indigoidina de 86.3 g/L en 120 horas.

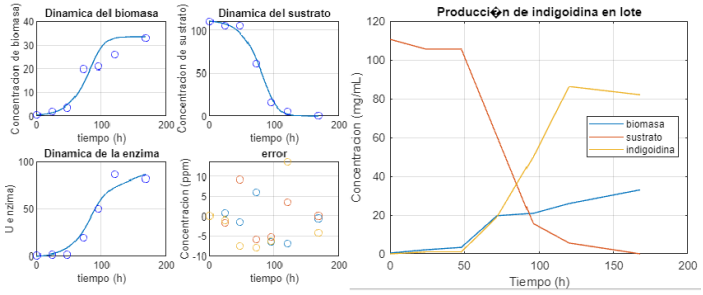


Fig. 1. Resultados obtenidos del ajuste paramétrico y la producciónttotal de indigoidina en lote.

Simulación del biorreactor en cultivo continuo:

Tomando en cuenta las siguientes condiciones:

t0=0 h; tf=600 h; y0=[Biomasa: 26.5 g/L; Sustrato: 5.6 gL; Producto: 86.3gL]; mmax= 0.0977; ks= 100; Yxs= 0.3; Sustrato inicial: 100; alfa = 1.8678; beta= 0.0077

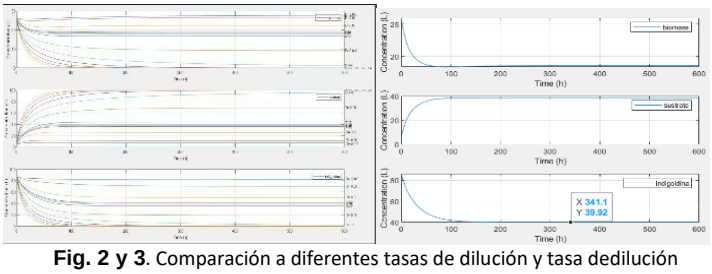


Fig. 2 y 3. Comparación a diferentes tasas de dilución y tasa dedilución con mayor productividad.

Finalmente se obtuvo que a una tasa de dilución de 0.027 h-1, Se producen: 39.92 g/L de indigoidina.

Productividad de indigoidina en cultivo por lote: **0.72 g/L hr**

Productividad de indigoidina en cultivo por lote: **1.0778 g/L hr**

Conclusión. Gracias al modelo matemático planteado, así como a los cálculos y simulaciones realizadas fue posible obtener resultados más precisos a partir de resultados experimentales previamente reportados.

Bibliografía.

Wehrs, M., Gladden, J. M., Liu, Y., Platz, L., Prahl, J.-P., Moon, J., Papa, G., Sundstrom, E., Geiselman, G. M., Tanjore, D., Keasling, J. D., Pray, T. R., Simmons, B. A., & Mukhopadhyay, A.. (2019). *Sustainable bioproduction of the blue pigment indigoidine: Expanding the range of heterologous products in R. Toruloides to include non- ribosomal peptides.* Green Chemistry, *21*(12), 3394–3406. https://doi.org/10.1039/c9gc00920e

¿ES O NO ES *Bacillus thuringiensis*?

LA RESPUESTA SE ENCUENTRA EN SU GENOMA

Carlos J. Moreno-Peña, César I. Hernández-Vásquez, Jorge H. García-García, Myriam Elías-Santos, Saúl A. Martínez-Morales Luis J. Galán-Wong y Benito Pereyra-Alférez, Instituto de Biotecnología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. Pedro de Alba y Manuel L. Barragán. Ciudad Universitaria, SanNicolás de los Garza, N. L, CP 66455 México.
benito.pereyraal@uanl.edu.mx

Palabras clave: GM18, IB84, secuenciación

Introducción. En el pasado, las especies del grupo *Bacillus cereus sensu lato* (sl) se clasificaban en función de sus hábitats, características morfológicas, secuencias del gen ARNr 16S o la presencia de plásmidos de virulencia. Actualmente la clasificación con la genómica comparativa es controversial y muestra filogenia inconsciente. *Bacillus thuringiensis* (Bt) es conocido por producir un cuerpo paraesporal de naturaleza proteica (cristal) a diferencia de las otras especies, pero en años recientes se han encontrado cepas que albergan genes de proteínas cristalinas que según sus análisis filogenéticos son de una especie diferente a Bt, como esel caso de la cepa FCC41 *Bacillus wiedmannii*, reportada inicialmente como *Bt* (1).

El objetivo del presente trabajo es analizar y comparar del genoma completo de las cepas IB84 y GM18 con respecto a otras cepas ya reportadas e identificar posibles proteínas de interés.

Metodología. Las cepas IB84 y GM18 fueron cultivadas en caldo LB. La determinación de la secuencia nucleotídica del genoma fue realizada con la plataforma de Illumina MiSeq. El ensamblaje y la anotación de los genomas se llevó acabo con las herramientas de Galaxy, FastQC, Trimmomatic, Shovill, Prokka, Map with minimap2, pilon y DNAdiff para la comparación con genomas de referencia de especies del grupo *B. cereus*. Además, se utilizó el gen ARNr 16S y los biomarcadores *gyr*B, *gro*EL y *xre* para la confirmación de la especie (2,3). Adicionalmente, las proteínas fueron anotadas porNCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP), donde se buscaron toxinas con similitud a las de Bt, las herramientas utilizadas para el análisis de estas fue BLAST y Conserved Domains del NCBI,BestMatchFinder de BPPRC, PDBsum de EMBL-EBI y Protein Molecular Weight de la University of Alberta (4).

Resultados. La cepa IB84 tiene un genoma de 5.96 Mb con un N50 de 155,983, contiene 6,015 marcos de lectura abiertos (ORF), con porcentaje de 35.06 % de GC, 74 operones de ARNt, 6 ARNr (4 completos) y 5 ncRNAs, mientras que la cepa GM18 tiene un genoma de 6,13 Mb con un N50 de 171,900, conteniendo 6,129 ORF´s con un porcentaje de GC de 34.93, 96 operones de ARNt, 16 ARNr (4 completos) y 5 ncRNAs. El análisis del ARNr 16S y los genes *gyr*B, *gro*EL y *xre* confirmaron que IB84 pertenecen a la especie *Bacillus albus* y GM18 a *Bacillustoyonensis*. El mapeo de contigs con genoma de referencia más cercanos resulto en 99 contigs de 156 de IB84 con el cromosoma de *Bacillus albus* strain DLOU-Yingkou, con el cualensambla un cromosoma de 5,298,275 pb con pilon, en cuantoa GM18, este mapeo 111 contigs de 156 con el cromosoma de*Bacillus toyonensis* strain BV-17, ensamblando un cromosomaaparente de 5,351,266 pb. La comparación entre secuencias cromosomales por DNAdiff para la cepa IB84 presenta mayor similitud con la especie de *Bacillus albus* y la cepa DLOU- Yingkou obtuvo el resultado más alto mostrando una coberturadel genoma de 94.28% y 97.87% de identidad, mientras, en elcaso de la cepa GM18, está al ser comparada muestra tener una mayor homología con la especie *Bacillus toyonensis* y su cepa BV-17 muestra una cobertura del genoma 94.74% y un 99.01% de identidad. La cepa GM18 mostro similitud con toxinas insecticidas, nematicidas y anti-tumorales, encontrándose 2 posibles proteínas VIP, 1 proteína con parecido a las TPP con estructura binaria larvicida para mosquito, 1 toxina binaria de la familia alfa-xenorhabdolisina con similitud estructural con cry6 y 2 proteínas que parecen estar dispuestas en un operón aparente con similitud hacia parasporina.

Conclusiones. El análisis y comparación de nuestras cepas con genomas de miembros del grupo de *B. cereus* muestra que estas pertenecen a una especie diferente a *Bt,* este estudio es clave para definir y comprender la especie y sus relaciones evolutivas, logrando mejor distinción entre miembros reales.

Agradecimiento. PAICYT (CT1555-21).

Bibliografía.

Lazarte, J. N., Lopez, R. P., Ghiringhelli, P. D., & Berón, C. M. (2018). *Genome Biol Evol.*10(10):2823-2833.

García-García, J. H., Moreno-Peña, C. J., Hernández-Vásquez, C. I., Galán-Wong, L. J., & Pereyra-Alférez, B. (2021). *Microbiol Resour Announc*. 10(17):e00274-21.

Moreno-Peña, C. J., García-García, J. H., Hernández-Vásquez, C. I., Galán-Wong, L. J., & Pereyra-Alférez, B. (2021). *Microbiol Resour Announc*.10(9):e00008-21.

Crickmore, N., Berry, C., Panneerselvam, S., Mishra, R., Connor, T.R., & Bonning, B. C. (2020). J Invertebr Pathol. 107438.

DILUCIDANDO LA ESTRATEGIA LIGNINOLÍTICA DE *Neurospora crassa* EN LA DESCOMPOSICIÓN DE BIOMASA VEGETAL

Paul Montaño-Silva, Ana Sofía Ramírez-Pelayo, Marina Franco-Herrera, Valentín Navarro-Enguilo, Jesús Urbar-Ulloa, Francisco Anguiano-Melendrez, Jorge Verdín. Unidad de Biotecnología Industrial, CIATEJ-Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco. Zapopan, Jalisco, 45019.
pamontano_al@ciatej.edu.mx

Palabras clave: ignina, ligninólisis, transcriptómica

Introducción. *Neurospora crassa* es un ascomiceto filamentoso que, a pesar de ser considerado un hongo de pudrición marrón, es muy eficiente en la degradación de residuos lignocelulósicos. Aun cuando se han estudiado los mecanismos moleculares para la hidrólisis de la celulosa [1, 2], la naturaleza de la maquinaria ligninolítica de *N. crassa* no se conoce.

El presente trabajo tiene como objetivo descifrar la estrategia que utiliza *N. crassa* para degradar lignina a través de un meta-análisis de los datos genómicos, transcriptómicos y bioquímicos que actualmente hay disponibles en las bases de datos.

Metodología. La búsqueda de secuencias homólogas en *N. crassa* a proteínas previamente reportadas como involucradas en la ligninólisis se llevó a cabo en la base de datos del NCBI mediante *Blastp*. Todas las secuencias obtenidas fueron curadas manualmente y caracterizadas bioinformáticamente (péptido señal, SignalP 5.0; motivo GPI, BigPi fungal predictor; regiones transmembranales, TMHMM y dominios funcionales, pfam). Con la finalidad de poner en contexto las enzimas obtenidas de *N. crassa* respecto a otros hongos, se seleccionaron 52 especies de hongos representativas y se generó un *blastp* nuevamente contra sus proteomas. Las secuencias obtenidas, junto con las de *N. crassa*, se alinearon y editaron para reconstruir sus filogenias (RAxML). Adicionalmente, se exploraron datos transcriptómicos de *N. crassa* en condiciones de crecimiento ligninolíticas para identificar genes expresados en esas condiciones sin un sesgo funcional [3, 4]

Resultados. Mediante el análisis de datos genómicos, transcriptómicos y bioquímicos se confirmó la ausencia de peroxidasas de clase II canónicas en el genoma de *N.crassa* (Fig 1). La abundancia de lacasas *sensu stricto* (7) y otras oxidasas (MCO) (6) sugiere que éstas estarían implicadas en degradación de la lignina; sin embargo, en estudios transcriptómicos de crecimiento sobre *Miscanthus* [3], éstas no se expresaron. Además, también se infirió una serie de enzimas generadoras de H_2O_2 que podrían estarimplicadas en las reacciones de Fenton (Fig. 1) entre las que se encuentras enzimas de la familia AA3 (5), AA5 (2), AA7 (4) y AA12 (7). De manera interesante, se identificó un incremento de la expresión en un orden de 164 veces durante las primeras 12 horas de cultivo en *Miscanthus* de la enzima NCU00206, una celobiosa deshidrogenasa (CDH-1) que podría estar implicada en las reacciones de Fenton coadyubando en la ligninólisis. El decaimiento de los niveles de expresión de esta enzima a las 40 h, 112h y 232 h (12.03, 18.99y 10.11, respectivamente) suportan nuestra hipótesis. Sin embargo, se necesitan de más datos que permitan comprendermejor la estrategia de ligninólisis de *N. crassa*.

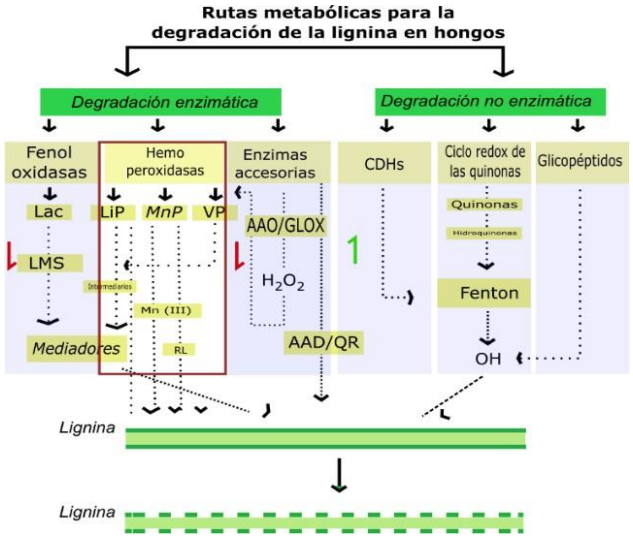


Fig. 1. Esquema general de las rutas metabólicas para la degradación delignina en hongos. Lac: Lacasas; LiP, lignin peroxidasa; MnP, manganeso peroxidasa; VP, Peroxidasa versátil; AAO, Aril alcohol oxidasa; GLO, glioxal oxidasa; AAD, Aril alcohol deshidrogenasa; QR, quinona reductasa; CDH, celobiosa deshidrogenasa.

Conclusiones. *N.* crassa, a pesar de contar con un grupo de MCO que podrían estar implicadas en la degradación de la lignina, utiliza una ruta no enzimática a través de la generación de especies reactivas de oxígeno mediante las reacciones de Fenton paraacceder a los azúcares fermentables.

Agradecimiento. SENER-Conacyt "Sustentabilidad energética" (proyecto 245750), FODECIJAL- COECYTJAL multicobre (proyecto 8186-2019).

Bibliografía.

Sun J, Glass L. (2011). *PLoS One*. Vol (6): e25654.

Coradetti S, Craig J, Xiong Y, Shock T, Tian C, Glass L. (2012). *PNAS*. Vol (109): 7397-7402.

Tian C, Beeson W, Lavarone A, Sun J, Marletta M, Cate J, Glass L. (2009). *PNAS*. Vol (106): 22157-22162.

Wu V, Thieme N, Huberman L, col. (2020). *PNAS*. Vol (117): 6003-6011.

ANÁLISIS DE FRECUENCIA DE LOS TAXA BACTERIANOS EN HORMIGAS (FORMICIDAE):UN METAANÁLISIS DE META GENOMAS

Karina Romero, Mario Aguilar, Milan Janda, Genaro López, Elizabeth Mireles.
Unidad Profesional Interdisciplinariade Ingeniería Campus Guanajuato. Instituto Politécnico Nacional. Silao de la Victoria, Guanajuato, México. 37545.
Karina.R.H@outlook.com

Palabras clave: Simbiosis, Región 16S, metaanálisis

Introducción. El término holobionte descrito por primera vez por Lynn Margulis en 1991 (Margulis & Fester, 1991) engloba la interacción entre un hospedero y sus organismos simbiontes. Las hormigas son componentes críticos en los ecosistemas terrestres, estos organismos han explorado en la utilización de simbiontes que les permitan sobrevivir (Lach, et al., 2010) . Actualmente existen métodos que permiten conocer a los intermediarios de las interacciones hospedero-simbionte, el análisis metagenómico es la forma más novedosa de analizar gran cantidad de material genético obteniendo resultados más precisos, amplios y a menor costo (Rubio, et al., 2019). El metaanálisis es un método utilizado para desarrollar análisis sintéticos combinando enfoques de revisión sistemática y análisis estadísticos (Karlsson, et al., 2013). Estas metodologías en conjunto muestran comportamientos de interés a nivel metagenómico para las interacciones huésped simbionte.

El objetivo de este trabajo es demostrar que la frecuencia de simbiontes en todas las muestras es mayor al 10% y desarrollar un metaanálisis para conocer el comportamiento de los datos.

Metodología. Se definieron los criterios de elegibilidad para la recopilación de datos relacionados con la población objetivo. Aquellos datos que cumplieron totalmente fueron filtrados y homogeneizados, utilizando el programa R. Con el script se realizó el análisis de frecuencias bacterianas dentro de los hospederos, a diferentes niveles taxonómicos y el desarrollo de metaanálisis obteniendo los gráficos estadísticos que muestran el comportamiento y la influencia de los datos en el estudio.

Resultados. Se analizaron 1029 muestras de hormigas, donde la familia más frecuente de bacterias como organismo simbionte fue la Enterobacteraceae encontrándose en una abundancia del 83.3%. De las familias bacterianas que mostraron mayor abundancia existe una descripción de papeles específicos tanto en procesos biotecnológicos como dentro del huésped muchas de ellas influyendo en la reproducción y en su dieta, esenciales para sobrevivir. Realizando el metaanálisis, se obtuvo un valor de I2 de 4.12%, demostrando que no hay heterogeneidad representativa, para respaldar esta información, se realizó un gráfico de Baujaut donde destacan los estudios 1, 11 y 12 como los más influyentes dentro del análisis. Siendo destacable que los 3 estudios más influyentes, mostraron el mismo tratamiento y elección de la región 16S para análisis metagenómicos de zonas abdominales e intestino.

Tabla 1. Similitud entre los valores significativos del metaanálisis.

ID	Autor	Región 16S	Primer R	Primer F
1	De Olivieraet. al. 2020	V4	806R	515F
11	Rubin et. al. 2020	V4	806R	515F
12	Aguilar 2020	V4	806R	515F

Conclusiones. El análisis de similitud a distintos niveles taxonómicos entre el hospedero y sus organismos simbiontes no mostró un porcentaje de similitud alto, atribuido a la amplitud taxonómica. Biotecnológicamente, conocer las poblaciones bacterianas con mayor similitud permite considerar la paratransgénesis para el control de plagas de hormigas en cultivos de interés económico. El metaanálisis mostró que no existe heterogeneidad entre los estudios ni sesgo de publicación, sin embargo, muestra que los 3 autores con mayor influencia en el estudio utilizaron la región V4 del 16S destacando como la mejor en análisis de muestras estomacales conociendo con mayor exactitud la población bacteriana que habita en los huéspedes.

Agradecimiento. Agradecemos a UPIIG-IPN y la ENES Morelia por hacer posible el desarrollo de este proyecto.

Bibliografía.

Margulis, L. & Fester, R., 1991. Symbiosis as a Source of Evolutionary Innovation. Cambridge, Massachusetts: Massachusetts Institute of Technology.

Lach, L., Parr, C. & Abbott, K., 2010. Ant Ecology. New York: OXFORD UNIVERSITY PRESS.

Rubio, S. y otros, 2019. Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. Universitas Medica, 61(2). 4-. Karlsson, F. H. y otros, 2013. Gut metagenome in European womrn with normal, impaired and diabetic glucose control. Nature, 498(1), pp. 99-103.

EFECTO DE microARN DE TRIGO SOBRE LA EXPRESIÓN GENÉTICA DE HUMANO; UNALCANCE BIOINFORMÁTICO SOBRE EL CRUCE ENTRE ESPECIES

Daniel Sánchez-Romo, César I. Vázquez-Hernández, Hamlet Avilés-Arnaut, Benito Pereyra-Alférez, Jorge H. García-García. Instituto de Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León,San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México, C.P 66451.
jorge.garciagr@uanl.edu.mx

Palabras clave: microARN, ARNm, Enriquecimiento funcional

Introducción. Los microARN (miARN) se caracterizan por ser moléculas pequeñas de aproximadamente 22 pares de bases y altamente conservadas, con un alto potencial de regulación postranscripcional. Diversos estudios demuestran que posterior a su ingesta a través de la dieta pueden sobrevivir al sistema gastrointestinal (GI), con la capacidad de llegar en el sistema circulatorio de mamíferos, alcanzar un objetivo e inhibir la producción de proteínas específicas.

En el presente estudio hemos determinado *in silico* el posible efecto de los miARN de *Triticum aestivum* (trigo), con potencial para regular la expresión génica en humano.

Metodología. Se descargó el set completo de secuencias conocidas de miARN maduros de trigo (Tae- miR), de la base de datos miRBase versión 22.1 en formato Fasta, excluyendo los miARN con lecturas menores a 1400 durante la secuenciación, posteriormente, se utilizó la herramienta BLASTn del NCBI, como sistema de búsqueda de posibles secuencias diana en la base de datos RefSeq RNA de Homo sapiens. Las predicciones de las secuencias obtenidas se filtraron por medio de la herramienta RNAhybrid (1) para conocer la energía libre del enlace entre miARN-ARNm, seguido un análisis de enriquecimiento funcional utilizando clusterProfiler (2) designando los procesos potenciales que involucran las secuencias de ARNm pronosticadas a través de GO y KEGG.

Resultados. Para el análisis, se llevó a cabo una simulación de interacción entre especies, con el fin de encontrar los ARNm en humano que podrían tener sitios probables de unión para miARN maduros de trigo, a través de una predicción bioinformática. Se pudieron obtener 787 genes de humano con diversas funciones, los cuales tienen sitios probables de unión con 84 Tae- miARN maduros ya reportados, individualmente algunos objetivos mostraron participar en diversos procesos celulares, incluido el cáncer (RALY, KAT5, PARVB, GNAI2, FRMD8, B3GNT7). Dentro del enriquecimiento funcional, un total de 17 de ARNm enriquecieron el proceso biológico de adhesión celular homofílica y 22 ARNm enriquecieron el proceso biológico de adhesión célula-célula por miARN conocidos de trigo en la predicción a través de GO. KEGG indicó que los posibles objetivos enriquecieron 8 rutas (Fig.1), con valores de p ajustada significativa (<0.05), en donde destaca la vía de sinapsis dopaminérgica (hsa04728) relacionada en diversos trastornos incluida la esquizofrenia, con 10 genes diferentes (GNAI2, KIF5A, ARNTL, PPP2R3A, PRKACB, MAPK11,CALM1, CAMK2D, CLOCK, CREB5), como posibles blancos de regulación por miARN de trigo.

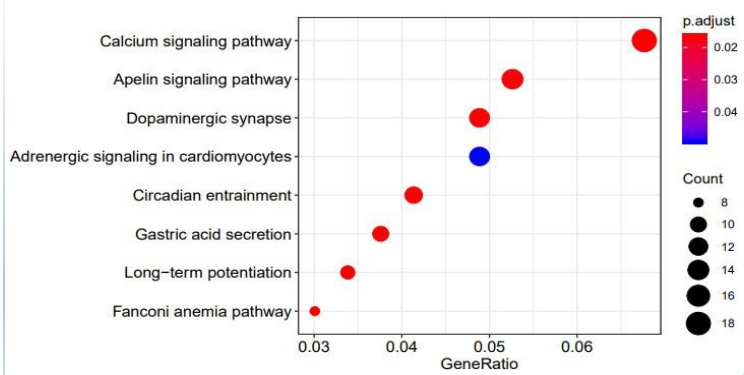


Fig. 1. Análisis de las vías KEGG de los genes diana.

Conclusiones. En los análisis realizados de interacción miARN-ARNm se pudo encontrar participación de los posibles objetivos en procesos como cáncer de colon-B3GNT7, cáncer de pulmón- RALY, cáncer de ovario-GNAI2 e inflamación-FRMD8. De la misma forma entre las vías y su posible efecto en la salud estudios sobre la "sensibilidad al gluten no celiaca" (NCGS), describen una serie de síntomas relacionados al consumo de alimentos con gluten (trigo), en personas no afectadas por enfermedad celiaca (CD) o alergia al trigo (AW). Siendo la esquizofrenia una de las principales enfermedades relacionadas al consumo de trigo, debido a ello es importante determinar las posibles alteraciones dadas por moléculas exógenas y del uso de herramientas bioinformáticas, para la predicción de posibles objetivos, debido a que proporciona nuevos enfoques en la investigación y datos importantes para futuros proyectos o candidatos que pueden contribuir en diversos tratamientos terapéuticos para varias enfermedades en humano.

Bibliografía.

Giegerich R, Rehmsmeier M, Steffen P, Ho M. (2004) Fast and effective prediction of microRNA / target duplexes, *Rna*. (10) 1507–1517.

R: (2018). a language and environment for statistical computing. https://www.gbif.org/tool/81287/r-a-language-and-environment-for-statistical- computing.

ANALISIS MOLECULAR DE LA XILOSA REDUCTASA DE *Clavispora lusitaniae* PARA ELMEJORAMIENTO DE LA FERMENTACIÓN DE XILOSA A ETANOL

Alejandro Lara-Meléndez[1], Erika Alfayuset Ochoa-Chacón[1], Teresa Ponce-Noyola[1], Ana Carmela Ramos-Valdivia[1]y María Lourdes Villa-Tanaca[2], [1]Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, CINVESTAV Zacatenco CDMX CP 07360, [2]Escuela Nacional de Ciencias Biológicas IPN CDMX CP 11350.
alejandro.lara@cinvestav.mx

Palabras clave: Xilosa reductasa, Bioetanol, CRISPR/Cas9, Clavispora lusitaniae

Introducción Uno de los cuellos de botella en la producción de bioetanol es la capacidad reducida de la mayoría de los microorganismos etanologénicos para utilizar la xilosa, el segundo azúcar más abundante en los residuos lignocelulósicos (1). *Clavispora lusitaniae* es capaz de asimilar hexosas y pentosas; tolerar altas concentraciones de etanol; altas concentraciones de azúcares y temperaturas de hasta 47°C, lo que lo hace un organismo interesante para trabajar (2, 3). En la fermentación de xilosa se ha identificado una acumulación de xilitol. Esto debido a que los cofactores involucrados (NADPH y NAD+) en la ruta, se agotan y dadas las condiciones microaerofilicas su renovación se ve detenida, limitando su metabolismo. Un punto destacado en esto es que la xilosa reductasa (XR) enzima que produce el xilitol, puede utilizar tanto NADPH como NADH, prefiriendo el primero, mientras la xilitol deshidrogenasa (XDH) usa exclusivamente NAD+(4).

Con base en lo anterior el presente trabajo plantea hacer un análisis bioinformático para identificar posibles modificaciones en la XR para favorecer la afinidad por su cofactor.

Metodología. Se utilizó UniProt (www.uniprot.org) para la búsqueda de secuencias de aminoácidos y PDB (www.rcsb.org) para un análisis estructural.

Se realizaron alineamientos de las secuencias de aminoácidos de XR's de *C. lusitaniae* con diferentes levaduras, para esto se utilizó el programa ClustalW a través del software UGENE (http://ugene.net/).

Resultados. La información bibliográfica y estructural de la XR menciona 3 sitios de unión (motifs) al cofactor NADPH o NADH. Se analizaron los alineamientos enfocándose en los 3 motifs y se encontró un mayor grado de diferencias en el motif 3 (Fig 1).

Por otro lado, se encontró que los aminoácidos del motif 3 son los responsables de la interacción de la XR con la estructura química diferente entre el NADPH (grupo fosfato) y el NADH (grupo hidroxilo) (5) (Fig 2).

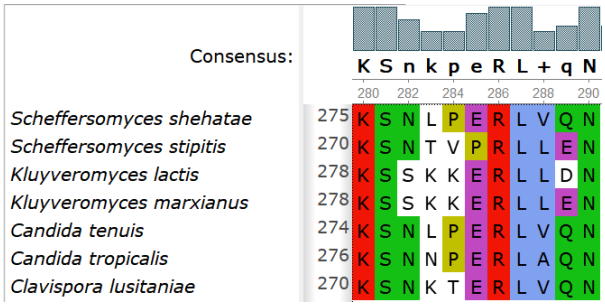


Fig. 1. Alineamiento de los motifs 3 de diferentes levaduras productoras de etanol.

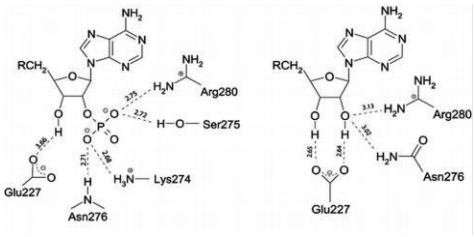


Fig. 2 Esquema de la interacción entre los aminoácidos codificados por el motif 3 de XR en *Candida tenuis* con el grupo fosfato de NADP+ (izquierda) o con el grupo OH de NAD+ (derecha) (5).

Conclusiones. La preferencia de cofactores depende principalmente de un sitio especifico denominado motif 3. Las características moleculares de la preferencia por un cofactor permiten que se puede modificar el motif 3 con una mutagénesis dirigida.

Agradecimiento. A CONACyT por el otorgamiento de la beca de maestría (CVU 933778).

Bibliografía.

Ceccata-Antonono, S., R., Brito, C., Martini, C., Bastos, R., G., y Tauk-Torniselo, S., M.,(2017). En *Advances of basic science for second generation bioethanol from sugarcane*, Buckeridge, M. S, y Souza, A. P., Springer Publishing, Brazil, 134.

Escalante-Minakata, P., Blaschek, H. P., Barba de la Rosa, A. P., Santos, L., y De León-Rodríguez, A. (2008). *Lett App Microbiol*. *46*(6), 626-630.

Spindler, D. D., Wyman, C. E., Mohagheghi, A., y Grohmann, K. (1988.

App Biochem Biotechnol 17(1-3), 279-293

Bruinenberg, P. M., Bot, P. H. M., Dijken, J. P., y Scheffers, W. A. (1983). *Eur J App Microbiol Biotechnol*, *18*(5), 287-292.

Petschacher, B., Leitgeb, S., Kavanagh, K. L., Wilson, D. K., y Nidetzky, B. (2004). *Biochem J 385*(1), 75-83.

ESTUDIO BIOINFORMÁTICO DE PLÁSMIDOS EN *ACINETOBACTER* SPP

Valencia Santos Rodrigo Gabriel, Juárez Vázquez Ana Lilia y Sigala Alanís Juan Carlos,
Universidad AutónomaMetropolitana - Unidad Cuajimalpa, Departamento de Procesos y Tecnología, División de Ciencias Naturales e Ingeniería, Ciudad de México, 05348.
rdg.valencia.s@gmail.com.

Palabras clave: Bioinformática, Acinetobacter, Plásmidos

Introducción. *Acinetobacter schindleri* ACE crecer a altas velocidades en cultivos con acetato como única fuente de carbono, por lo que puede ser empleado como un organismo biodesintoxicante de hidrolizados de biomasa vegetal (1). *Acinetobacter* spp. tienen un gran potencial biotecnológico como organismos para la construcción de nuevos sistemas metabólicos (2). Para tal efecto, es importante disponer de herramientas de ingeniería genética, como los vectores de expresión. Los vectores de expresión requieren de un origen de replicación funcional (*oriC)* dentro del organismo huésped (3), y los análisis *in silico* pueden ayudar a identificar *oriCs* que puedan ser usados en el diseño de vectores de expresión para *Acinetobacter* spp.

En este trabajo se identificaron mediante herramientas bioinformáticas distintos orígenes de replicación y sus proteínas relacionadas entre los plásmidos del género *Acinetobacter.*

Metodología. Se realizaron análisis filogenéticos a partir de 2 alineamientos múltiples de secuencia, el primero con 113 secuencias *ori*C de *Acinetobacter* spp. que se obtuvieron de la base de datos DoriC (4), y el segundo entre las 113 secuencias *oriC* y 113 secuencias de plásmidos selectos de diferentes *Acinetobacter* spp. La predicción de *oriCs* en los 6 plásmidos de *A. schindleri* ACE se basó en la búsqueda de cajas DnaA, genes implicados en la replicación y en el sesgo asimétrico en las secuencias plasmídicas mediante el programa Ori Finder (5). Para buscar grupos de genes ortólogos entre los plásmidos selectos, se empleó el programa *CoreGenes.*

Resultados. El análisis filogenético, muestra la existencia de dos grupos principales entre las secuencias *oriCs* (Fig. 1a) a partir de los cuales se obtuvieron 2 secuencias consenso. Los *oriCs* se agruparon con plásmidos con los que tuvieren mayor similitud, de esta forma se podría deducir que, si una secuencia *oriC* se agrupó con una o más secuencias de plásmidos, podría ser usada la secuencia consenso de su grupo como posible *oriC* en los organismos de estos plásmidos (Fig. 1b). En la Fig. 2 se muestran sesgos asimétricos pronunciados por lo que se identificaron 3 secuencias *oriC* dentro de los plásmidos de *A. schindleri* ACE. Los grupos de genes ortólogos entre plásmidos de *Acinetobacter* spp. son en su mayoría genes que codifican proteínas implicadas en el inicio de replicación pertenecientes a la familia Rep-3, además de genes de transferencia (*mob*).

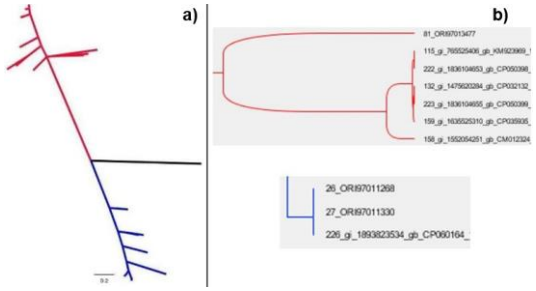


Fig. 1. a) Cladograma general que muestra la formación de dos principales grupos de secuencias *oriC* (rojo I, azul II). b) Agrupamiento deplásmidos selectos con secuencias *oriC* del grupo I y grupo II.

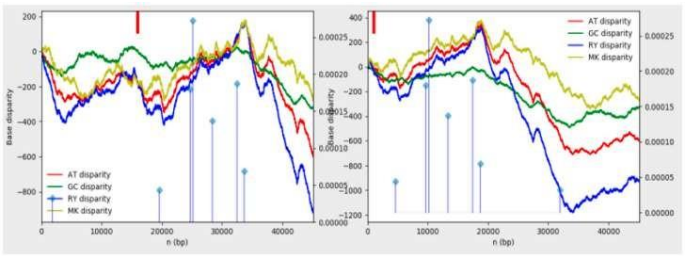


Fig. 2. Búsqueda de *oriC* basado en la localización de cajas DnaA (lineal verticales azules), genes implicado en la replicación (barra roja superior) y en el sesgo asimétrico. El presunto *oriC* se ubica enel punto máximo cerca de los 34,000 pb (grafica izquierda).

Conclusión. El análisis bioinformático permitió obtener dos secuencias consenso que podrían ser utilizadas como posibles *oriCs* en *Acinetobacter* spp. Además, se predijeron posibles regiones *oriCs* en 3 plásmidos de *A. schindleri* ACE. También se encontraron genes compartidos en plásmidos de*Acinetobacter* spp. que codifican proteínas implicadas en el inicio de replicación por lo que podrían ser utilizados junto con la secuencia consenso y las regiones *oriC* en la construcción de vectores de expresión para *Acinetobacter* spp.

Agradecimiento. Al Dr. Juan Carlos Sigala y a la Dra. Ana Lilia Juárez por su invitación a participar en el congreso, además de sus asesorías y apoyo en la realización del Proyecto Terminal.

Bibliografía.

Sigala, J. C., Suárez, B. P., Lara, A. R., Le Borgne, S., Bustos, P., Santamaría, R. I., ... & Martinez, A. (2017). *Microbiology*, 163(7), 1052-1064.

Barbe, V., Vallenet, D., Fonknechten, N., Kreimeyer, A., Oztas, S., Labarre, L., ... & Medigue, C. (2004). *Nucleic acids research*, 32(19), 5766-5779

Nora, L. C., Westmann, C. A., Martins-Santana, L., Alves, L. D. F., Monteiro,

L. M. O., Guazzaroni, M. E., & Silva-Rocha, R. (2019). *Microbial biotechnology*, 12(1), 125-147.

Luo, H., & Gao, F. (2019). *Nucleic acids research*, 47(D1), D74-D77.

Mackiewicz, P., Zakrzewska-Czerwińska, J., Zawilak, A., Dudek, M. R., & Cebrat, S. (2004). *Nucleic acids research*, 32(13), 3781-3791.

INFERENCIA Y COMPARCIÓN DE PERFILES METABÓLICOS ENTRE MUESTRAS PERTURBADAS Y NO PERTURBADAS DE METAGENOMAS DE TIPO SHOTGUN

María del Carmen Sánchez Olmos, Rosa María Gutiérrez Ríos, Antonio Loza. Instituto de Biotecnología. Departamento de Microbiología Molecular. Cuernavaca Morelos, 62210.
maria.sanchez@ibt.unam.mx

Palabras clave: Metagenómica, perfil funcional

Introducción. El desarrollo de la metagenómica y en paralelo de las nuevas tecnologías de secuenciación, ha impactado ampliamente el panorama que se tiene acerca de la composición funcional de una serie de ecosistemas en el planeta.El estudio de los sedimentos marinos requiere, en primer lugar, el considerar que existen un gran número de sesgos en cada paso del procesamiento de los datos, desde la extracción, secuenciación del DNA, así como el filtraje y normalización de la información funcional. Aunado a esto, actividades antropogénicas como los derrames de petróleo en el mar, han tenido un efecto importante en la dinámica funcional de las poblaciones de estos ambientes y su respuesta ante este tipo de disturbios ambientales.

Así el objetivo del presente trabajo consiste en proponer un método que permita estimar y contrastarlos perfiles metabólicos de metagenomas, usando como caso de estudio sedimentos marinos.

Metodología. La recolección de metagenomas de tipo shotgun de sedimento marino, se realizó en bases de datos públicas. Esto permitió la creación de una base de datos para los subsecuentes análisis. El procesamiento de los datos fue realizado como se observa en la Figura 1. El desarrollo del método para la evaluación del perfil funcional consistió en el cálculo de las frecuencias relativas de las enzimas encontradas en las muestras, la determinación de su distribución de probabilidad y el cálculo del z-score de cada una de éstas enzimas para las muestras pertenecientes al Golfo de México que se espera estén perturbadas.

Resultados. Tomando como base la premisa acerca de la existencia de un set de genes esenciales para la supervivencia de cualquier microorganismo, se compararon las proporciones de estos genes esenciales a través de las muestras. Como se refleja en el mapa de calor de la Figura 2, existe una conservación de su existencia y proporción.

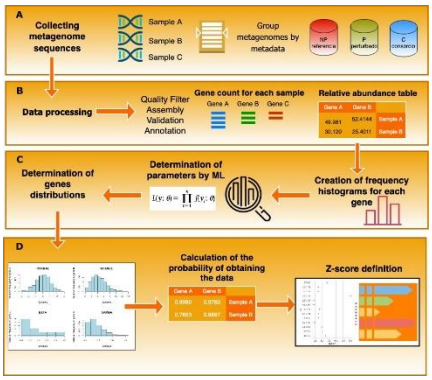


Fig. 1. Metodología y procesamiento de datos del trabajo.

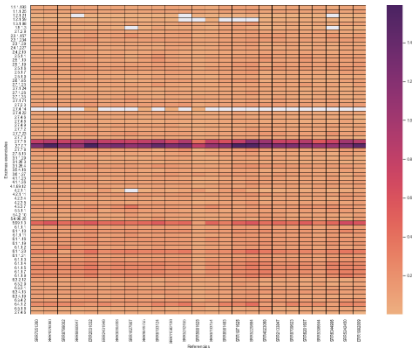


Fig. 2. Mapa de calor de enzimas esenciales a travésde las muestras de Referencia.

Conclusiones. El análisis de genes marcadores confirma el grado de completitud de las muestras, independientemente de los distintos métodos de extracción, secuenciación de DNA e incluso de la construcción de los ensambles correspondientes. Esto sirve como fundamento para los análisis susecuentes, ya que el 67% de las enzimas esenciales mostraron una distribución de probabilidad detipo normal, lo que se espera para enzimas que se encuentran altamente representadas.

Agradecimientos. Gracias al Instituto de Biotecnología-UNAM por el acceso al cluster para el análisis de datos. (PAPIIT)-UNAM-IN202821.

Bibliografía.

Olson,Nathan *et al.,* 2019. In:Briefings in bioin-formatics20.4. pp. 1140–1150.“Metagenomic assembly through the lens ofvalidation: recent advances in assessing and improving the qualityof genomes assembled from metagenomes”.
John Parkes *et al.,* 2014. Marine Geology352 pp. 409–425 “A review of prokaryotic populations and pro-cesses in sub-seafloor sediments, including biosphere: geosphereinteraction.

ESTUDIO BIOINFORMÁTICO DE LAS ENZIMAS Icd y AceA EN EL CATABOLISMO DE ACETATO DE *Acinetobacter*

Jessica Elizabeth Villafuerte Urbina, Juan Carlos Sigala Alanis, Universidad Autónoma Metropolitana-Unidad Cuajimalpa, Departamento de Procesos y Tecnología, Ciudad de México 05348, villajesseli@gmail.com

Palabras clave: Nodo del isocitrato, ICDH, acetato

Introducción. En la producción de biocombustibles a partir de biomasa lignocelulósica, los subproductos tóxicos del pretratamiento afectan las eficiencias fermentativas. El ácido acético representa uno de los derivados tóxicos más importantes. La cepa *Acinetobacter schindleri* ACE tiene una excepcional capacidad para catabolizar acetato como fuente de carbono (1). Esta cepa podría utilizarse como método biológico de detoxificación de los hidrolizados lignocelulósicos. Para ello, es importante estudiar al nodo del isocitrato y las enzimas implicadas: isocitrato deshidrogenasa (ICDH) e isocitrato liasa (AceA), pues los flujos de carbono hacia el ciclo de Krebs o del glioxilato (2) determinan la competente actividad gluconeogénica de *A. schindleri* ACE.

El objetivo del presente trabajo es estudiar a nivel bioinformático las enzimas ICDH y el operón AceBAK para entender su papel en el catabolismo de acetato en *Acinetobacter* comparativamente con *E. coli*.

Metodología. Las cepas seleccionadas para estudio fueron *E. coli* K-12 MG1655, *A. schindleri* ACE, *A. baylyi* ADP1, *A. calcoaceticus* CA16 y *A. baumannii*. Para el análisis bioinformático comparativo entre las ICDH de *E. coli* y *Acinetobacter* spp., se identificó en bases de datos a *icd* e *idh* (codificantes para ICDH-I de 740 aa, e ICDH-II de 420 aa) dentro de los genomas de estudio. En los alineamientos múltiples de nucleótidos y aminoácidos entre las isoenzimas identificadas, se utilizó el algoritmo Clustal Omega de EMBL-EBI y en la distinción de las relaciones evolutivas entre estas se creó un dendrograma consenso Bootstrap en MEGA con 9 secuencias más, pertenecientes a otras categorías taxonómicas. Se identificaron motivos y dominios proteicos en Prosite y se usaron estructuras terciarias resueltas del PDB para el modelamiento predictivo en SWISS-MODEL y en iCn3D. Se realizaron sobrelapamientos de estructuras terciarias en PyMOL. Respecto al análisis bioinformático comparativo alrededor del operón *aceBAK* de *E. coli* y *Acinetobacter* spp., se realizó el mismo procedimiento de identificación de secuencias (*aceA*, *aceB* y *aceK*) en los genomas de estudio. En contraste con *E. coli* (*aceB* y *glcB*), en *Acinetobacter* existe únicamente *glcB* (malato sintasa G). Se realizaron alineamientos múltiples de nucleótidos y aminoácidos de AceA, y entre AceB de *E. coli* y GlcB de las *Acinetobacter*.

Resultados. Como se observa en la **Tabla 1**, los porcentajes de identidad de las ICDH demuestran que los dos grupos de isoenzimas no comparten homología entre sí (<21.8%). Sin embargo, la homología existente entre las ICDH-I e ICDH-II, correspondientemente, queda respaldada por valores superiores al 90.6%.

Tabla 1. Matriz de identidad porcentual entre las ICDH-I e ICDH-II de *A. schindleri* ACE, *A. baylyi* ADP1, *A. calcoaceticus* CA16 y *E. coli* K-12 MG1655.

% identidad	*A. schindleri* ACE (ICDH-II)	*A. baylyi* ADP1 (ICDH-II)	*A. calcoaceticus* CA16 (ICDH-II)	*E. coli* K-12 MG1655 (ICDH-I)	*A. baylyi* ADP1 (ICDH-I)	*A. calcoaceticus* CA16 (ICDH-I)
***A. schindleri* ACE (ICDH-II)**	100.0	91.1	90.6	21.4	21.8	**21.3**
***A. baylyi* ADP1 (ICDH-II)**	91.1	100.0	93.2	20.7	21.3	**20.8**
***A. calcoaceticus* CA16 (ICDH-II)**	90.6	93.2	100.0	21.2	21.3	**21.1**
***E. coli* K-12 MG1655 (ICDH-I)**	21.4	20.7	21.2	100.0	76.3	**76.3**
***A. baylyi* ADP1 (ICDH-I)**	21.8	21.3	21.3	76.3	100.0	**94.9**
***A. calcoaceticus* CA16 (ICDH-I)**	**21.3**	**20.8**	**21.1**	**76.3**	**94.9**	**100.0**

En la filogenia molecular se obtuvieron dos grandes grupos monofiléticos correspondientes a cada isoenzima de ICDH, por lo que se estipula una divergencia evolutiva temprana entre estas. Respecto al modelado de la estructura terciaria de la ICDH-II de ACE, se asume por el empalme exitoso con la estructura resuelta de *A. baumannii* (PDB 5Z16) y el alto porcentaje de identidad que comparte con las de las *Acinetobacter*, que la enzima de ACE tendría una función semejante a la de *A. baumannii*. Al comparar las secuencias de AceB y GlcB, se obtuvieron porcentajes de identidad bajos (<19.2%) y se infiere que no hay homología entre la AceB de *E. coli* y las GlcB de las *Acinetobacter*. En contraste, sí existe homología (>57.2%) entre las GlcB de *E.coli*, CA16, ACE y ADP1 y una más estrecha entre las mismas *Acinetobacter*, de la misma forma que sucede con AceA.

Conclusiones. La ICDH-II de *A. schindleri* ACE tiene una estructura y probable función semejante a las experimentalmente reportadas de otras especies de *Acinetobacter*. La carencia de AceB en las *Acinetobacter* es suplida por la actividad de GlcB, aun así, no comparten un porcentaje de identidad lo suficientemente alto con la AceB de *E. coli*. A nivel del nodo del isocitrato, el que ACE posea únicamente ICDH-II, AceA y GlcB (y no el operón completo como *E. coli*), la libera de la regulación ejercida por AceK y pudiera ser determinante en su capacidad de catabolizar acetato.

Agradecimiento. El presente trabajo se realizó con apoyo del Departamento de Procesos y Tecnología (DPT) de la Universidad Autónoma Metropolitana-Unidad Cuajimalpa bajo la dirección del Dr. Juan Carlos Sigala Alanís.

Bibliografía.

Sigala JC, Suárez BP, Lara, AR, Le Borgne S, Bustos P, Santamaría RI, González V y Martínez A. (2017). *Microbiol*. 163 (7): 1052-1064.

Cozzone AJ y El-Mansi M. (2005). *J Mol Microbiol Biotechnol*. 2005 (9):132–146.

DETERMINACIÓN DE LA RED DE REGULACIÓN DE MICRORNAS EN FIBROSIS PULMONAR IDIOPÁTICA

José Antonio Ovando Ricárdez[1], Yalbi Itzel Balderas Martínez[2]. [1]Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez, Carretera Estatal Libre Villahermosa-Comalcalco, C.P. 86205, [2]Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas, Ciudad de México, C.P. 14080. yalbibalderas@gmail.com

Palabras clave: Fibrosis pulmonar idiopática, miRNAs, red de regulación

Introducción. La fibrosis pulmonar idiopática (FPI) es una enfermedad caracterizada por la producción incesante de matriz rica en colágeno tipo I en el intersticio pulmonar. El tejido pulmonar se vuelve rígido y cicatrizado, lo que evita el intercambio de gases en los alvéolos, destruyendo así la función pulmonar (1). Se ha propuesto que los microRNAs (miRNAs) desempeñan un papel fundamental en la patogénesis de la FPI (2). Nuestro objetivo es determinar la red de microRNAs y sus genes blancos mediante el análisis exhaustivo de los experimentos high-throughput almacenados en bases de datos públicas.

Metodología. Se obtuvieron 9 experimentos de microarreglos de RNA mensajero (GSE21369, GSE48149, GSE35145, GSE53845, GSE72073, GSE32537, GSE15197, GSE24206 y GSE110147) y 3 experimentos de miRNAs (GSE27430, GSE21394 y GSE32538) provenientes de GEO, tipo Affymetrix, Agilent e Ilumina. Cada muestra provenía de tejido pulmonar de pacientes con FPI o controles sanos. Los microarreglos se reanalizaron de forma independiente usando R v4.1.0. En los microarreglos Affymetrix se utilizó la paquetería oligo v3.13. El análisis de expresión diferencial se realizó con limma v3.13 (4), se seleccionaron los genes y miRNAs con un valor FDR <0.05. Los genes con LogFC >0.8 o <-0.8 (excepto en GSE110147 con LogFC >1.5 o <-1.5), y los miRNAs con LogFC >0.5 o < -0.5. Se obtuvo la intersección de los genes y miRNAs expresados diferencialmente con el paquete upsetR v 1.4.0. Se utilizó enrichR v3.0 para el enriquecimiento funcional entre los conjuntos de genes compartidos y se seleccionaron los procesos biológicos de Gene Ontology con FDR <0.05. Se generó la red con miRNet v2.0 y se aplicó el algoritmo de Walktrap a los módulos (4), se seleccionaron los nodos con P<0.05.

Resultados. La intersección de los experimentos de mRNA mostró 4 intersecciones de 3 experimentos provenientes de distintas plataformas, al igual que 3 intersecciones entre 4 sets. Los experimentos de mRNA: GSE53845, GSE72073, GSE32537 y el GSE110147 se consideró como la intersección "mayor" porque compartían 40 genes expresados de forma diferencial entre sí, entre ellos se encuentra el gen MMP1 (Fig 1A).

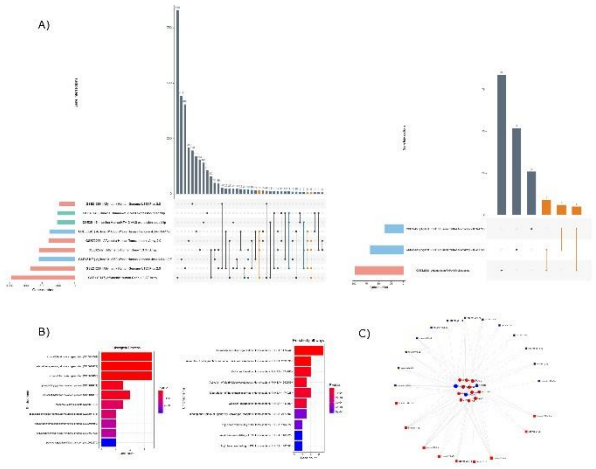


Fig. 1. A) Upsetplot de las intersecciones entre experimentos de mRNA y miRNA; B) Procesos biológicos y análisis de vías del conjunto de genes compartidos; C) Red de regulación de miRNAs y sus genes blanco.

Las matrices analizadas de miRNAs: GSE21394 y GSE32538 tuvieron en común 9 miRNAs; miR-186, miR- 145, miR-134, miR-30a, miR-23a, let-7b, miR-222, miR- 187y miR-148b (Fig 1B). En la red se obtuvieron dos módulos significativos, el primero con los genes blanco: AGER, ABCA3, IGF1, MMP1, HSD17B6, FAP, SULF1 y ACVRL1 (Fig 1C, nodos en rojo). El segundo compuesto por: COL3A1, COL1A1 y POSTN (Fig 1C, nodos en azul). El miR-222 fue uno miRNAs compartidos en la intersección mayor y disminuido en dos experimentos de miRNAs (GSE21394 y GSE32538). Aunque aún no ha sido estudiado en FPI, existen algunos reportes en los que miR-222 se asocia con la regulación de MMP1(5).

Conclusiones. El miR-222 podría estar causando la sobreexpresión de MMP1 por lo que se requiere estudiar su papel en la patogénesis de la FPI.

Bibliografía.

Weissler J.C., (1989), Am J Med Sci, 297:91–104.

Nho R.S., (2015), *Drug Dev Res,* 76(7):343-53

Ritchie M. E., Phipson B., Wu D., Hu Y., Law C. W., Shi W., Smyth, G. K. (2015). *Nucl. Acids Res*, 43(7), e47.

Fan Y., Siklenka K., Arora S.K., Ribeiro P., Kimmins S., & Xia J. (2016). *Nucl. Acids Res*, 44(W1), 135-141.

Zhang Y, Lin X., Zhang L., Hong W., Zeng K. (2018) *Exp The Med*.15(2):1803-1808.

SIMULACIÓN DE CROMATOGRAFÍA DE INTERCAMBIO IÓNICO USANDO PROTEINA GFP COMO MODELO EN COMSOL MULTIPHYSICS ®

Alan Cardoso, Mirna Sánchez, Celeste C. Ibarra-Herrera, Carlos E. Gómez-Sánchez, Marco A. Mata-GómezInstituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Puebla C.P. 72453.
acardosoor@gmail.com

Palabras clave: Cromatografía, GFP, COMSOL

Introducción. La cromatografía de intercambio iónico (IEXC), basada en la interacción electrostática entre un grupo químico (ligando) y un analito, es una técnica ampliamente utilizada en la industria para la purificación de proteínas. En la industria biotecnológica, el diseño de procesos cromatográficos eficientes se realiza usualmente a través de experimentos; sin embargo, cuando se trata de escalas industriales, el tiempo y los recursos son una limitante. En este contexto, el uso de modelos matemáticos que te permitan simular el comportamiento de las proteínas, durante los procesos de adsorción y desorción dentro de la columna empacada con diferentes resinas (adsorbentes), en presencia de un fluido con una determinada velocidad, ayudarían a diseñar mejores procesos. Esto debido a que las simulaciones ayudarían a seleccionar las mejores condiciones de operación y la resina adecuada para el proceso, ahorrando tiempo y recursos económicos (1). No obstante, los modelos existentes son capaces de predecir el comportamiento de las proteínas en una sola dimensión (eje *x*). COMSOL Multiphysics® es una herramienta que permite simular la distribución de un analito y la velocidad del fluido en las tres dimensiones espaciales. Esto permitiría tener una aproximación más acertada de la distribución de la concentración de las proteínas dentro de una determinada resina. Y esto a su vez, ayudaría a diseñar procesos cromatográficos más eficientes.

El objetivo de este trabajo fue la construcción de un modelo en COMSOL para simular el gradiente de concentración de una proteína modelo, proteína verde fluorescente (GFP), en las tres dimensiones de una columna de IEXC empacada tomando en cuenta las propiedades físicas de la GFP y de una resina comercial.

Metodología. El modelo incluye tres físicas del paquete de COMSOL (Tabla 1) que permiten simular 1) la reacción de intercambio entra una especie diluida (GFP) en un fluido (buffer) y una especie química de superficie (ligando); 2) la distribución de la concentración del analito; y 3) la velocidad del fluido. Se generó una geometría cilíndrica en COMSOL a manera de columna. Se seleccionaron los dominios y los límites donde ocurriría cada uno de los pasos mencionados anteriormente. El modelo se alimento con datos de la GFP (coeficiente de difusión = 87 $\mu m^2/s$, MW = 27 kDa) y de una resina comercial (radio = 90 µm, porosidad = 0.3, volumen muerto de la columna = 20 mm^3). El modelo fue resulto usando un estudio dependiente del tiempo, 0 a 10 min con intervalos de 1 min.

Resultados. En la Figura 1a)-1c) se presenta el gradiente de concentación de GFP a lo largo de la columna al paso del tiempo de operación. Se puede observar que hay una mayor concentración (zona roja) de GFP en la sección de entrada de la columna, representada en la coordenada 0. A medida que pasa el tiempo en minutos se puede observar el cambio de concentración. En la Figura 1d) se presenta el perfil de velocidad 250 cm/h lo cual equivaldría a un flujo de 49.08 cm^3/h. Se observa que la velocidad es constante y presenta una mayor velocidad a la entrada lo que coincide con la distribución de la concentración de la GFP observada a lo largo de la columna.

Tabla 1. Físicas de COMSOL y sus ecuaciones.

Fenómeno	Física en COMSOL	Ecuación
1. Reacción	Chemistry	$r = k^f \prod_{j \in react} c_j^{-\nu_{ij}} - k^r \prod_{i \in prod} c_i^{-\nu_{ij}}$
2. Transporte de masa	Transport of diluted species	$\frac{\partial c}{\partial t} + \boldsymbol{u} \cdot \nabla c = \nabla \cdot (D \nabla c) + R$
3. Velocidad del fluido	Darcy's Law	$\boldsymbol{u} = -\frac{\kappa}{\mu} \nabla p$

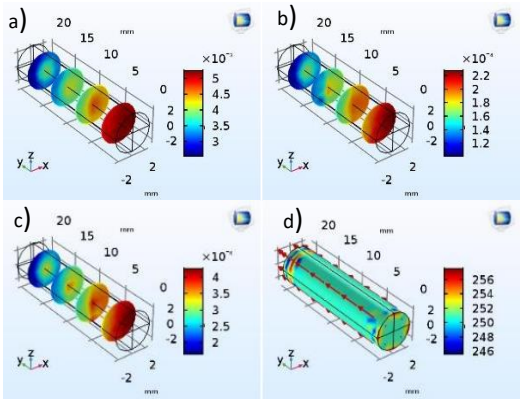


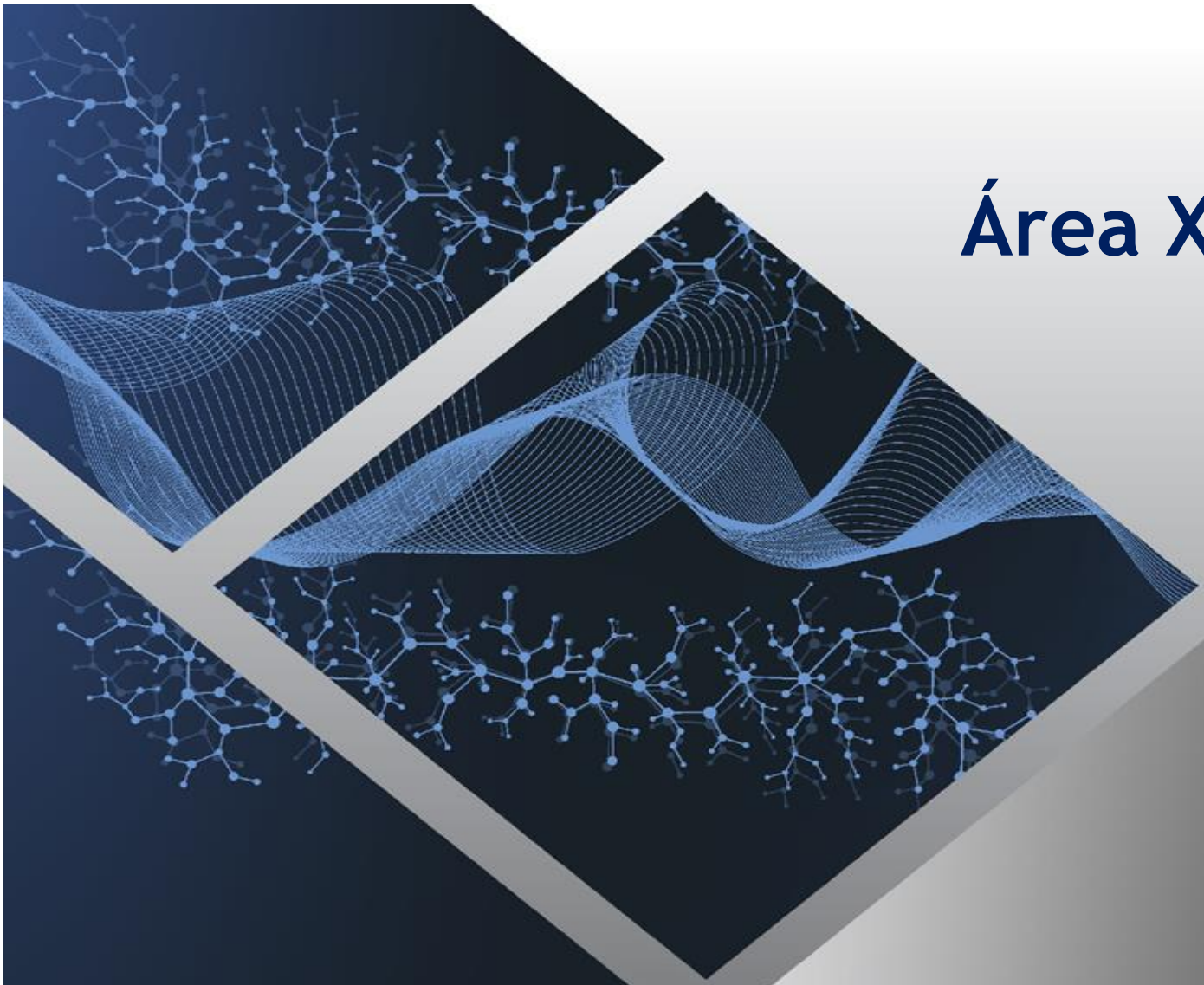
Fig. 1. Gradientes de concentración de la proteína (mol/m^3) simulada en cromatografía IEXC a diferentes tiempos t=1 min(a), t=5 min (b), t=10 min (c), perfil de velocidad de la simulación (cm/h) (d). El flujo va de la parte inferior a la superior.

Conclusiones. Se generó un modelo computacional funcional en COMSOL capaz de predecir la distribución de la concentración de la GFP a lo largo de la columa a medida que pasa el tiempo. A partir de ello se puede modificar los parámetros para simular diversas condiciones experimentales con la finalidad de determinar previamente las mejorar condiciones de experimentación. Es importante mencionar que, en este caso, el modelo se alimentó con datos obtenidos de la literatura. En este sentido, el siguiente paso es alimentar el modelo con datos obtenidos experimentalmente para tener un modelo más robusto.

Agradecimientos. Los autores agradecen al Tecnológico de Monterrey por el apoyo a través del Grupo de Investigación del Grupo de Bioprocesos. Alan Cardoso agradece al CONACyT por la beca No. 2020-000013-01NACF.

Bibliografía.

Pawlowski, S., Nayak, N., Meireles, M., Portugal, C., Velizarov, S., Crespo, J. (2018) Chem. Eng. J. 350 (15): 757-766.



Área XIII

Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos

Contenido

CULTIVO *IN VITRO* DE *Daucus carota* PARA LA PRODUCCIÓN DE LA PROTEÍNA LTB-Syn CON INTERÉS TERAPÉUTICO CONTRA SINUCLEINOPATÍAS
Christian Carreño Campos, María Luisa Villarreal, Anabel Ortiz Caltempa, Sergio Rosales-Mendoza 430

LA METABOLÓMICA COMO HERRAMIENTA PARA ESTUDIAR EL METABOLISMO DE CENTELLÓSIDOS EN CULTIVOS DE HAIRY ROOTS DE *Centella asiatica*
Antoni Garcia-Baeza, Miguel Alcalde-Alvites, Javier Palazón-Barandela, Karla RamIrez-Estrada 431

ESTUDIO DE LA REGULACIÓN DEL TERPENOMA DE *HUMPHREYA COFFEATA* POR LAFUENTE DE CARBONO
Ricardo A. González-Hernández, Norma A. Valdez-Cruz, Mauricio A. Trujillo-Roldán 432

EVALUACIÓN DEL EFECTO ANTINOCICEPTIVO DEL EXTRACTO DE *Petiveria alliacea* L. EN UN MODELO DE DOLOR EXPERIMENTAL EN RATONES.
Cruz-Salomón Kelly del Carmen, Ruíz-Valdiviezo Víctor Manuel, Ruiz-Lau Nancy, Espinosa-Juárez Josué Vidal, Cruz Rodríguez Rosa Isela. 433

COMPARACIÓN DE TRANSCRIPTOMAS DE DOS POBLACIONES DE *Galphimia* SPP. PARA IDENTIFICAR GENES QUE CODIFICAN ENZIMAS DE LA RUTA DE SÍNTESIS DE LAS GALFIMINAS
Dianella Iglesias, María Luisa Villarreal, Ashutosh Sharma. 434

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE COMPUESTOS DE TIPO CATEQUINAS DE EXTRACTOS DE LA CORTEZA DE *Cyrtocarpa procera* KUNTH
Mónica Ramos, María Luisa Villarreal, Erika Gómez-Chang, Irma Romero, Alexandre Cardoso-Taketa 435

HIDRÓLISIS DE GLOBULINAS 7S Y 11S DE *Cucurbita argyrosperma* subsp. *sororia* PARA LA OBTENCIÓN DE PÉPTIDOS ENCRIPTADOS CON ACTIVIDAD ANTIDIABESIDAD
Daniela Sarahi Medina Rojas, Edgar Francisco Duque Vázquez, Santiago Gutiérrez Vargas, Fabiola León Galván. 436

APLICACIÓN BIOTECNOLÓGICA DEL HONGO *P. djamor* CONTRA EL NEMATODO PARÁSITO DE OVINOS *Haemonchus contortus*
Pineda-Alegría JA, Villarreal ML, Sánchez JE, Aguilar-Marcelino L 437

PROTEÍNAS ANTIMICROBIANAS SECRETADAS POR *Streptomyces lividans* TK24
Fernanda Calderón, Ulises Carrasco, Gerardo Santander, Javier Barrios, Armando Mejía 438

ESTUDIO DEL EFECTO CITOTÓXICO INDUCIDO POR DOS EXTRACTOS RICOS EN POLIFENOLES PROVENIENTES DE Opuntia ficus-indica EN CÁNCER DE COLON.
María Norma González Flores, Kenny Misael Calvillo Rodríguez , María Cristina Rodríguez Padilla , Ana Carolina Martínez Torres, Marilena Antunes Ricardo 439

USO DE INSULINA VEGETAL (*Costus igneus*) LIOFILIZADA EN PRODUCTO DEREPOSTERÍA PARA PACIENTES CON DIABETES *MELLITUS* TIPO 2
Alejandra Aimeé Hernández Blanco, Alaíde Jiménez Serna, María Soledad Córdova Aguilar 440

CRECIMIENTO DE CALLOS Y CÉLULAS EN SUSPENSIÓN DE *Carica papaya* PARA EL DESARROLLO DE UN ANTIPARASITARIO
Cynthia Guzmán, Marisela Hernández, Nelly Villalobos, Anabel Ortiz, Edda Sciutto, María Luisa Villarreal 441

EFECTO DE DOS AMINOALCOHOLES SOBRE LA EXPRESIÓN DE ADNMETILTRANSFERASAS EN CÉLULAS DE CÁNCER DE MAMA MCF-7
David E. Dorantes Mugarte, Geovanny I. Nic-Can, Susana Rincón, Alejandro Zepeda Pedreguera, Leydi M. Carrillo Cocom 442

RELACIÓN ESTRUCTURA-ACTIVIDAD DE METABOLITOS ANTIINFLAMATORIOS DE *Galphimia* spp
Eleazar Álvarez León, César Millán Pacheco, María Luisa Villarreal, Alexandre T. Cardoso Taketa 443

APLICACIÓN DE MINERÍA DE GENOMAS PARA LA DETECCIÓN Y SELECCIÓN DE UN CLÚSTER QUE CODIFIQUE PARA UN LANTIPÉPTIDO
Dora Onely Roblero Mejía; Beatriz Ruiz Villafán y Sergio Sánchez 444

PRODUCCIÓN DE FENILETANOIDES GLUCOSILADOS A PARTIR DE RAíCES *in vitro* DE *Tecoma Stans*
Ariana A Huerta-Heredia, Edgar García-López, Jacqueline Capataz-Tafur, Daniel de J. Cisneros-Ríos, David Paniagua-Vega 445

ESTABLECIMIENTO DE CULTIVOS EN SUSPENSIÓN DE *Daucus carota* PARA EL DESARROLLO DE VACUNAS CONTRA POLIOVIRUS
Mónica Morales Aguilar, María Luisa Villarreal; Sergio Rosales-Mendoza; Anabel Ortiz-Caltempa; Omayra Citlalli Bolaños-Martínez 446

OPTIMIZACIÓN DEL BIOENSAYO DE XANTINA OXIDASA
Julio Cesar Coronado Sánchez, Graciela Granados Guzmán, Noemí Waksman Minsky, Ricardo Salazar Aranda. 447

ACTIVIDAD HIPOGLUCEMIANTE Y PACREOPROTECTORA DEL EXTRACTO HIDROETANÓLICO DE HOJAS DE *Cucurbita pepo* EN RATONES DIABETIZADOS
Nahim Salgado Medrano, María Luisa Villarreal Ortega, Alexandre T. Cardoso Taketa, Patricia Escobar Castañeda; Karina Vianey Díaz Villeda 448

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE UNA POLICÉTIDO SINTASA PARA EL DESCUBRIMIENTO DE UN METABOLITO CON POSIBLE ACTIVIDAD ANTITUMORAL
María Luisa Casanova, Saraí Bata, Sergio Sánchez 449

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN CLÚSTER INÉDITO ASOCIADO A LA PRODUCCIÓN DE UN LANTIPÉPTIDO EN UN ACTINOMICETO ENDÓFITO
Carlos Adrián García Ausencio & Sergio Sánchez 450

ENSAYO *IN SILICO* DE DOCKING MOLECULAR EN LA EVALUACIÓN DE UNA SAPONINA ESTEROIDAL AISLADA DE *Solanum sisymbriifolium lam*. (ÑUATÎ PYTÃ) COMO POTENCIAL INHIBIDOR DE LIPASA PANCREÁTICA HUMANA Y PORCINA
Daniel Marecos, Marcelo López, Fátima Yubero 451

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE *Fusarium sp.* PRODUCTORAS DE PIGMENTOS Y COMPROBACIÓN DE SU EFECTO SOBRE EL CRECIMIENTO DE OTROS HONGOS
Ingrid Monserrat Gallegos Olmos, Juan Francisco Sánchez López y María Celina Luna Ríos 452

ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE SERUMS FACIALES Y ACEITES ESENCIALES
Rita Barreto González, Ma. de Lourdes Acosta-Urdapilleta, Elba Cristina Villegas Villarreal 453

SPHINGOMONAS SP. UNA BACTERIA ENDÓFITA DE *PIPER AURITUM,* PRODUCE INHIBIDORES DE LA FORMACIÓN DE PRODUCTOS FINALES DE GLICACIÓN AVANZADA
Lory Sthephany Rochín Hernández, Luis Bernardo Flores Cotera 454

EVALUACIÓN DE LAS MOLÉCULAS BIOACTIVAS DE LOS EXTRACTOS DE *Ganoderma lucidum* MEXICANO Y CHINO
Guadalupe Belberia Espinosa Méndez, Verónica Rodríguez Soria, Beatriz Pérez Armendáriz, Lydia María Pérez Diaz y Daniel Nava López 455

CULTIVO *IN VITRO* DE *Daucus carota* PARA LA PRODUCCIÓN DE LA PROTEÍNA LTB-Syn CON INTERÉS TERAPÉUTICO CONTRA SINUCLEINOPATÍAS

Christian Carreño Campos1, María Luisa Villarreal[1], Anabel Ortiz Caltempa[1] y Sergio Rosales-Mendoza[2]
[1]Laboratorio de Plantas Medicinales (CEIB), Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad 1001, 62210, Cuernavaca, Morelos. [2]Laboratorio de Biofármacos Recombinantes, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Av. Dr. Manuel Nava 6, 78210, SLP México.
chrcam12@gmail.com

Palabras clave: Daucus carota, cultivo en suspensión celular, Sinucleinopatías

Introducción. Las sinucleinopatías se caracterizan por la acumulación anormal de la alfa sinucleína (α-syn) en diferentes regiones del SNC y se asocia a varias patologías neurológicas como la enfermedad de Parkinson, la atrofia multisistémica y la demencia con cuerpos de Lewy (1). La incapacidad para hacer un diagnóstico oportuno y la falta de tratamientos efectivos; han convertido las sinucleinopatías en un grupo de enfermedades de interés (2). Como alternativa terapéutica se ha propuesto el desarrollado de vacunas basados en plantas como fuentes de administración oral. Recientemente, se generó la línea transgénica Z4 en cultivo de callos de zanahoria que expresan la proteína LTB-Syn contra sinucleinopatías, demostrando ser capaz de inducir respuestas humorales en ratones contra α-syn (3). Sin embargo, la producción de la proteína LTB-Syn en este sistema de callos es bajo (0.25 µg/g PF) en medio sólido MYT.

El objetivo de este proyecto es incrementar la producción de biomasa y de la proteína LTB-Syn en cultivos sólidos y en células en suspensión de la línea Z4 de *Daucus carota*.

Metodología. Los callos transgénicos de la línea Z4 de *Daucus carota*, se cultivaron en medio de cultivo MS sólido suplementado con 30 g/L de sacarosa, 2,4-D y cinetina, pH de 5,7 a 25°C en fotoperiodo (16hrs/8hrs) durante 30 días. Tras obtener suficiente tejido calloso, se subcultivaron en medio MS y B5 sólido adicionando 2,4-D:cinetina y urea (Tabla 1). Una vez obtenidas las mejores condiciones de crecimiento celular se establecieron los cultivos en suspensión en medio MS y B5 con 2,4-D:cinetina y urea [1g/L], el inóculo inicial fue de 10%, estos cultivos se colocaron en matraz agitado a 120 rpm, en luz constante (24µmol/m^2/s) y 25°C. Posteriormente se analizaron las mejores condiciones de crecimiento celular mediante una cinética de crecimiento por 30 días, para obtener la mayor producción de biomasa en peso seco (PS) y de la proteína LTB- Syn.

Resultados: Los cultivos celulares de callos de la línea Z4 fueron altamente friables con una coloración amarillo-verde (Fig. 1), los máximos rendimientos de biomasa alcanzados en este sistema fueron: para medio B5+urea a [1g/L] y [3g/L] la producción de biomasa fue de 4.4g y 3.7g peso fresco (PF) a los 30 días, mientras que para el medio MS+urea [1g/L] fue de 3.6g PF al día 30 (Tabla 1), demostrando que no había diferencia significativa mediante la prueba estadística de Tukey (α=0.05). La cinética celular de la línea Z4 en cultivo en suspensión con el medio de cultivo B5+urea [1g/L] alcanzó una producción de biomasa de 16 g/L PS, mientras que el medio de cultivo MS+urea [1g/L] fue de 13 g/L PS a los 15 días, es decir se logró incrementar 1.2 veces la producción de biomasa (Fig. 2). Estas diferencias en el rendimiento celular puede deberse a la concentración total de nitrógeno presente en los medios MS+urea (29mM) y B5+urea (34mM), por lo que el aumento de la concentración de nitrato en el medio podría mejora la producción de biomasa y de proteína LTB-Syn (4-5). Sin embargo, es necesario realizar un diseño estadístico experimental más preciso para confirmar esta hipótesis.

Tabla 1. Biomasa producida por la línea Z4 de *D. carota* en medio MS y B5 a dos concentraciones de urea.

	MS urea			B5 urea		
Días	control	(1g/l)	(3g/l)	control	(1g/l)	(3g/l)
10	1.5	1.6	1.4	1.8	1.7	1.6
20	1.7	2.4	2.3	2.1	2.6	2.4
30	3.1	3.6	3.3	3.4	4.4	3.7

PF= peso fresco



Fig. 1. Cultivos de callos de la línea Z4 de *D. carota*. a) MS+urea [1g/L], b) MS+urea [3g/L], (c) B5+urea [1g/L]; (d) B5+urea [3g/L].

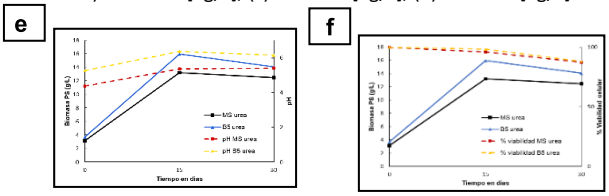


Fig. 2 Cinética de crecimiento en matraz agitado en medio MS+urea [1g/L] y B5+urea [1g/L]. (a) variación de pH del medio; (b) % viabilidad celular.

Conclusiones. La concentración de nitrógeno total en el medio B5+urea (34mM) permitió incrementar el rendimiento 1.2 veces la biomasa en cultivos en suspensión a los 15 días.

Agradecimiento. A CONACyT por la beca otorgada para la realización de este proyecto No. 858164.

Bibliografía.

Palma JA, Kaufmann H. (2018). *Mov Disord*. 33(3):372-390. 2.Jellinger KA. (2015). *Expert Rev Neurother*. 15(10):1105-1107.

Arevalo-Villalobos JI, Govea Alonso DO, Rosales-Mendoza S. (2020). *J Biotechnol*. 309:75-80.

Stitt M, Muller C, Matt P, Gibon Y, Carillo P, Morcuende R, Scheible WR, Krapp A (2002). *J Exp Bot*. 53(370):959–970.

Holland T, Sack M, Rademacher T, et al. (2010). *Biotechnol Bioeng*. 107(2):278-289.

LA METABOLÓMICA COMO HERRAMIENTA PARA ESTUDIAR EL METABOLISMO DE CENTELLÓSIDOS EN CULTIVOS DE HAIRY ROOTS DE *CENTELLA ASIATICA*

Antoni Garcia-Baeza[1], Miguel Alcalde-Alvites[2], Javier Palazón-Barandela[2], Karla RamIrez-Estrada[1]
[1]Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey, 66455,
[2]Facultad de Farmacia, Universidadde Barcelona, Barcelona, 08028.
antoni.garciaae@uanl.edu.mx

Palabras clave: Biotecnología vegetal, control del metabolismo, fitofármacos

Introducción. Los centellósidos son fitofármacos de naturaleza triterpénica producidos por la planta medicinal *Centella asiatica*. Son muy demandados por la industria cosmética y nutracéutica dados sus múltiples ..actividades terapéuticas (1). La biotecnología vegetal ofrece la posibilidad de bioproducir centellósidos de forma controlada. Las respuestas se traducen en cambios en los genes y en el metaboloma. Las ciencias ómicas ayudan a simplificar el análisis de estas respuestas. En este proyecto la metabolómica por RMN y HPLC-MS, y la expresión genética por qPCR en cultivos de *hairy roots* de *C. asiatica* estimulados, permitirá ganar conocimiento sobre el control de la producción de centellósidos en Biofactorías vegetales.

Metodología. Se infectaron explantos de plantas *in vitro* de *C. asiatica* con *Agrobacterium rhizogenes* A4. Las raíces que surgieron de los explantos fueron colocadas en medio MS líquido para evaluar su producción de biomasa. A la línea seleccionada se le realizó una amplificación de genes por PCR para confirmar su naturaleza de *hairy roots*. A partir de un diseño experimental de escala temporal con n = 6 réplicas por día, se recogieron muestras a tiempo 0, 4, 8, 12 y 16 días elicitadas con jasmonato de metilo (MeJa) y coronatina (CORO). Se liofilizaron las muestras y se evaluó su peso fresco y seco. De cada muestra liofilizada se separaron 50 mg para los análisis por RMN. El resto se sometió a extracción metanólica para los análisis por HPLC-MS. También se obtuvieron n = 3 muestras por hora en una escala temporal en horas para evaluar la expresión génica por qPCR de 6 genes de la ruta de los centellósidos.

Resultados. Cada línea de *hairy roots* es genéticamente única y, por lo tanto, mostrará un comportamiento particular. Entre las diferentes 12 líneas de raíces que surgieron de los explantos (Fig. 1B) se seleccionó la línea1 (Fig. 1C) por su alta capacidad de producir biomasa en medio líquido (Fig. 1D). Se confirmó la transformación de la línea L1 mediante la amplificación de genes del plásmido inductor de raíces (Ri) de *A. rhizogenes*; apareciendo los genes *rol* y ausencia de los genes *vir* (Fig. 2). El peso fresco y el peso seco de las raíces con los distintos estimulantes mostró que los elicitores reducen la biomasa de los cultivos a lo largo del tiempo. MeJa y CORO son moléculas que activan la respuesta de defensa del cultivo y, por lo tanto, era esperable que su crecimiento se viera afectado. Su aspecto también se vio alterado haciendo los cultivos más marrones en días tardíos (Fig. 2). Se obtuvieron cantidades mayores a 10 mg de extracto seco en todas las extracciones metanólicas realizadas en las muestras liofilizadas.

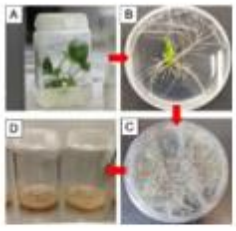


Fig. 1. Proceso de obtención de *hairy roots* en medio sólido (C)y líquido (D)

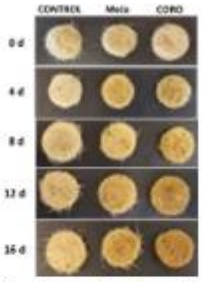


Fig. 3. Aspecto de los cultivos de *hairy roots* estimulados y sin estimular a lo largo del tiempo

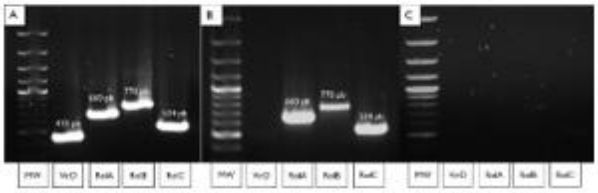


Fig. 2. Gel de electroforesis de los productos del PCR de *A. rhizogenes* (A), L1 de *hairy roots* (B) y raíces salvajes de de *C. asiatica* (C).

Agradecimientos. Agradecemos a CONACyT el financiamiento del proyecto

Conclusiones. Se obtuvo una línea de *hairy roots* con alta capacidad de producir biomasa, así como las muestras para los análisis metabolómicos y de qPCR. Este es el primer paso para estudiar cómo controlar la producción de centellósidos en Biofactorías vegetales.

Bibliografía.

Gray, N., Alcazar, A., Lak, P., Wright, K., Quinn, J., Stevens, J., Maier, C., & Soumyanath, A. Phytochem. Rev. 2018. 17(1), 161–194.

Gallego, A., Ramirez-Estrada, K., Vidal-Limon, H. R., Hidalgo, D., Lalaleo, Cusido, R. M., & Palazon, J. Eng. Life Sci. 2014. 14, 633–642

Sharma, P., Padh, H., Shrivastava, N. Eng. Life Sci. 2013, 13 (1), 62–75.

ESTUDIO DE LA REGULACIÓN DEL TERPENOMA DE *HUMPHREYA COFFEATA* POR LAFUENTE DE CARBONO

Ricardo A. González-Hernández, Norma A. Valdez-Cruz, Mauricio A. Trujillo-Roldán. Unidad de Bioprocesos, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Tercer Circuito s/n, Ciudad Universitaria, Delegación Coyoacán, C.P. 04510 México, CDMX.
raghdz1608@gmail.com, maurotru@biomedicas.unam.mx

Palabras clave: Basidiomicetos, terpenoides, regulación del metabolismo secundario

Introducción. *Humphreya coffeata* es un basidiomiceto empleado en la medicina tradicional, productor de terpenoides y polisacáridos con actividad citotóxica contra células de leucemia (1 – 3). Los terpenoides son los metabolitos secundarios más abundantes en la naturaleza; por ejemplo, en hongos del género *Ganoderma*, están presentes en más del 50% de compuestos producidos (4). Particularmente *H. coffeata* ha mostrado, en estudios previos, una respuesta diferencial en la producción de terpenoides al usar glucosa o lactosa como fuente de carbono (3). La regulación del metabolismo terpenoide en hongos se daa nivel de las terpeno sintasas (TPS) (5); y depende de factores ambientales como pH, especies reactivas de oxígeno, luz, temperatura y nutrientes, particularmente nitrógeno y carbono (6). Se ha postulado que la respuesta a la regulación por fuente de carbono dependede los niveles de cAMP (7); sin embargo, aún no está completamente descrito el proceso en el caso del metabolismo terpenoide. Nuestro objetivo es determinar como la fuente de carbono impacta la expresión de las terpeno-sintasas de *H. coffeata*.

Metodología. La cepa de *H. coffeata*, fue donada por la Universidad EAFIT (Medellín Colombia), de la cual ya setiene su genoma secuenciado. Cultivar el hongo en medio complejo líquido (usando glucosa o lactosa). Extraer los terpenoides de biomasa y sobrenadantes con disolventes orgánicos (8) y obtener sus perfiles cromatográficos en capa fina (TLC). Comparar los terpenoides diferentes en cada condición revelando conel reactivo de Libermann-Buchard y H_2SO_4 (10%). Purificar los compuestos diferenciales usando diferentes métodos cromatográficos (8), para el posterior análisis por FTIR, espectrometría de masas y RMN para elucidar una posible estructura. Realizar análisis transcriptómico del hongo con cada fuente de carbono en el medio de cultivo para comparar la expresión de las TPS e identificar las que están siendo reguladas.

Resultados. Al comparar los perfiles cromatográficos de los extractos obtenidos en ambas condiciones de cultivo, se observan cambios en el tipo y cantidad de metabolitos obtenidos (Fig. 1). En los análisis por RMN, se han identificado señales correspondientes con terpenoides; así como compuestos con masas compatibles con sesqui y triterpenoides, obtenidos por GC-MS. Además, se han identificado 13 secuencias de terpeno ciclasas y 33 CYP monooxigenasas putativas, involucradas en el metabolismo terpenoide (tabla 1).

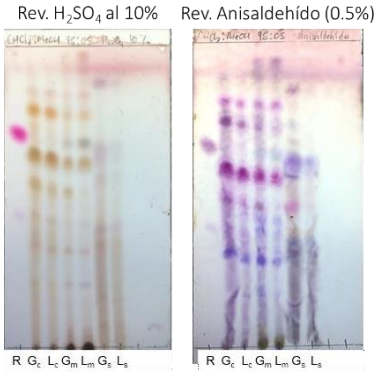


Fig. 1. Perfiles cromatográficos de los extractos **R**: Ácido ursólico; **G**: Cultivo con glucosa; **L**: Cultivo con lactosa; **c**: Extracto clorofórmico; **m**: Extracto metanólico;**s**: Extracto clorofórmico del sobrenadante @14 días de cultivo, 30 °C, 150 rpm

Tabla 1. Terpeno sintasas putativas identificadas en el genoma de *H. coffeata*.

Posibles terpeno ciclasas identificadas en el genoma del hongo				
Enzima		**# de secuencias**	**Identidad (%)**	**Organismo**
α-muroleno sintasa		1	71.43	*Sparassis crispa*
lanosterol sintasa		1	76.66	*Sparassis crispa*
Sesquiterpeno sintasas (11 proteínas putativas)	Desconocidas	4	N/A	N/A
	Posibles Δ(6)-protoiludeno sintasas*	7	(38.26 – 58.89)	N/A
Posibles enzimas remodeladoras identificadas en el genoma del hongo				
Citocromo P450 monooxigenasa		33	(55.00 – 84.69)	N/A

Conclusiones. H. coffeata produce terpenoides de forma diferencial en función de la fuente de carbono empleada en el medio de cultivo. Este hongo posee principalmente, TPS involucradas en la síntesis de sesquiterpenoides.

Agradecimiento. Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT-UNAM IT-200719, IN-208414) y Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, (CONACYT 247473, 220795). Beca Conacyt: 71783; CVU: 549452.

Bibliografía.

Porras-Arboleda et al. (2009) Int J Med Mushrooms. 11(4): 335-350.
Garcia Garcia M. tesis de maestria. Pograd o en ciencias biológicas, UNAM
Aspron-Moncada V. Tesis de maestría. Posgrado en ciencias bioquímicas, UNAM.
Baby S, Johnson AJ, Govindan B. (2015) Phytochem. 144: 66-101.
Quin MB et al. (2014). Nat Prod Rep. 31(10): 1449–1473.
Brakhage AA. (2013). Nat Rev Microbiol. 11(1):21-32.
Hou R et al., (2015). Mol Plant Pathol. 16(9): 987-999.
Da Cheng H, Xiao-Jie G, Pe GX (2015) En: Medicinal plants: chemistry, biology and omics. Elsevier, UK. pag: 293-340.

EVALUACIÓN DEL EFECTO ANTINOCICEPTIVO DEL EXTRACTO DE PETIVERIA ALLIACEA L. EN UN MODELO DE DOLOR EXPERIMENTAL EN RATONES.

Cruz-Salomón Kelly del Carmen, Ruíz-Valdiviezo Víctor Manuel, Ruiz-Lau Nancy, Espinosa-Juárez Josué Vidal, CruzRodríguez Rosa Isela. Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez. Tuxtla Gutiérrez, Chiapas. C.P. 29050.
Correo: i.bq.kelly@gmail.com

Palabras clave: P. alliacea, Actividad Antinociceptiva, Composición fitoquímica

Introducción. El dolor es una experiencia desagradable que se presenta ante estímulos nocivos [1]. En la medicina tradicional diversas especies vegetales han sido empleadas para el tratamiento del dolor [2]. La especie *P. alliacea* es una planta originaria del sur de Estados Unidos y México, en Chiapas es conocida con el nombre común de hierba de zorro y se ha utilizado de manera tradicional para aliviar el dolor muscular, bucal entre otros. Estudios preclínicos [3], han mostrado evidencias de la actividad farmacológica de esta planta, razón por la cual se debe seguir estudiando para poder emplearse en el desarrollo de un fitomedicamento que cumpla con las regulaciones necesarias para asegurar su eficacia y seguridad.

Por lo anterior, el objetivo del presente estudio fue evaluar tres extractos (acuoso, hexánico, metanólico) crudos de hojas de *P. alliacea*, administrándolos a ratones NIH para determinar la actividad antinociceptiva mediante el modelo de formalina, además de determinar la composición fitoquímica de los extractos.

Metodología. Se prepararon los extractos (acuoso, hexánico, metanólico) en proporción 1:10 y se liofilizaron. El efecto antinociceptivo fue evaluado adaptando el modelo de formalina descrito por Bannon *et al*. [4], utilizando grupos de seis ratones. Las dosis del extracto (10, 31.6, 100 y 316 mg/kg) y diclofenaco (10 mg/kg) se administraron en volumen de 1 mL/100g por vía oral, como vehículo se utilizó agua destilada con Tween 80. Posteriormente, se realizó un análisis cualitativo por cromatografía en capa fina (CCF) para la identificación de diversas familias de metabolitos secundarios, como también, se identificaron los compuestos presentes con un cromatógrafo de gases acoplado a espectrometría de masas utilizando el método 8270D. Se usó un diseño experimental completamente al azar, los datos obtenidos se expresaron como la media ± E.E.M. y para comparaciones múltiples se utilizó el análisis de varianza ANOVA seguido de la Prueba de Tukey, los valores de $p<0.05$ fueron considerados significativamente diferentes. Se empleó el programa estadístico GraphPad Prism 8.0.

Resultados. En el modelo de formalina se observaron las dos representativas fases (Fase 1: fase neurogénica, Fase 2: fase inflamatoria). En la fase 1, todos los extractos generaron una reducción del 25-30% en la respuesta nociceptiva, diclofenaco solo inhibió el 15%. En la fase 2, los extractos inhibieron alrededor del 50-60% de la conducta dolorosa, mientras que el diclofenaco alcanzó una inhibición del 40%.

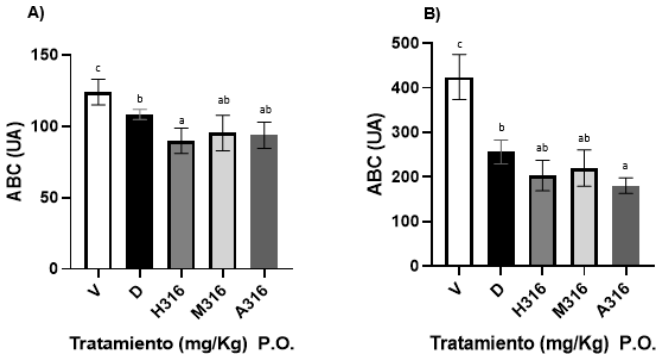


Fig 1. Efecto de la dosis de 316 mg/kg de los diferentes extractos. A) Fase 1, B) Fase 2.

El estudio fitoquímico reveló que los extractos contienen las siguientes familias de compuestos: flavonoides, saponinas, terpenos, antraquinonas, antronas y alcaloides. Por otra parte, con la identificación de compuestos mediante cromatografía de gases, se determinó la presencia de fitol, ácido hexadecanoico éster etílico, ácido 9,12,15- octadecatrienoico éster etílico, escualeno, hidroxitolueno butilado, éster metílico del ácido (Z) -9-octadecenoico, eicosano, ácido pentadecanoico, 14-metil-, éster metílico, maleato de bis (2-etilhexilo), fumarato de bis (2-etilhexilo), acetato de octadecilo y 2,4-bis (1-feniletil) fenol.

Conclusiones. Los extractos obtenidos con las hojas de *P. alliacea* presentan actividad antinociceptiva a partir de 10 mg/kg. Los extractos contienen compuestos fenólicos, alcaloides, terpenos, esteres, antraquinonas, saponinas y antronas. De los cuales los alcaloides, terpenos y ésteres han mostrado ser responsables de la actividad antinociceptiva.

Agradecimiento. A los laboratorios de ITTG, UNACH y a CONACYT por el financiamiento proporcionado (1033538).

Bibliografía.

Cruciani, R. A., Nieto, M. J. (2006). *Rev. Soc. Esp. Dolor*. 5: 312-327.
Meckes, M., David-Rivera, A. D., Nava-Aguilar, V. y Jiménez, A. (2004). *Phytomedicine.* 11(5), 446–451.
Lopes-Martins, R.A., Pegoraro, D.H., Woisky, R., Penna, S.C., Sertie, J.A. (2002). *Phytomedicine.* v. 9(3), p. 245-248.
Bannon, A. W., Malmberg, A. B. (2007). *Current Protocols in Neuroscience*. 41(1), 1–16.

COMPARACIÓN DE TRANSCRIPTOMAS DE DOS POBLACIONES DE GALPHIMIA SPP. PARA IDENTIFICAR GENES QUE CODIFICAN ENZIMAS DE LA RUTA DE SÍNTESIS DE LAS GALFIMINAS

Dianella Iglesias, María Luisa Villarreal, Ashutosh Sharma. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Centro de Investigación en Biotecnología. Cuernavaca, CP:62209
iglesiasdia@gmail.com

Palabras clave: anotación funcional, expresión diferencial, triterpenoides

Introducción. *Galphimia* spp. es una planta conefectos ansiolítico y sedantes debido a la presencia de compuestos triterpenoides modificados denominados galfiminas (1,2). La ruta de síntesis de las galfiminas no se encuentra elucidada aún. Considerando laspropiedades biológicas de estos metabolitos, sería de utilidad el uso de herramientas biotecnológicas como la Transcriptómica para identificar los genes que codifican enzimas claves en la producción de estos triterpenoides.

El objetivo de este trabajo fue comparar transcriptomas de dos poblaciones de *Galphimia* spp., una productora yotra no productora de galfiminas para identificar genes que codifican enzimas de la ruta de síntesis de estos triterpenoides.

Metodología. En la plataforma Illumina Next Seq 550se secuenciaron librerías de cDNA de muestras de hojas y raíces de *Galphimia* spp de una población de Guanajuato productora de galfiminas, así como de hojas de Tepoztlán Morelos, población no productora de galfiminas. Se ensamblaron los transcriptomas mediante Trinity. El análisis de expresión diferencial se realizó con edgeR y la anotación funcional en Blast2GO en tres niveles de ontología génica.

Resultados. Se observaron transcriptos con expresión diferencial, regulados positiva y negativamente con un elevado nivel de significación estadística.

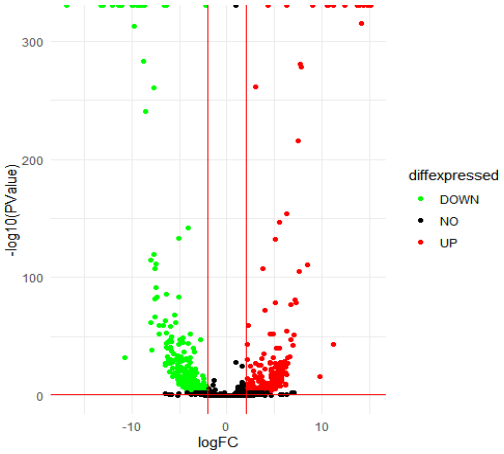


Fig. 1. Expresión diferencial de transcriptos de las poblaciones de Guanajuato y Tepoztlán de *Galphimia spp.*

Se obtuvieron porcentajes significativos de mapeo y anotación en el nivel de ontología génica Función Molecular (FM) y Componente Celular (CC). En el nivel FM, la mayor parte de los transcriptos anotados estuvieron relacionados con la actividad de oxidorreductasas, hidrolasas y de unión a iones metálicos. En el nivel Componente Celular, estos se encuentran localizados en su mayoría en el cloroplasto, formando parte de complejos proteínicos y de componentes integrales.

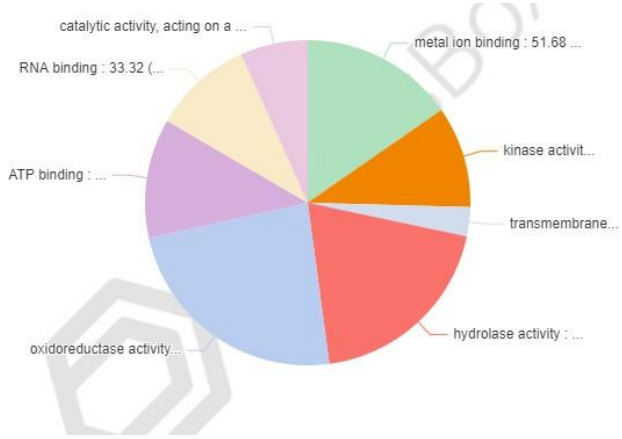


Fig. 2. Distribución de transcriptos en el nivel de ontología génica Función Molecular.

Conclusiones. Se encontraron transcriptos con expresión diferencial regulados positivamente, con una elevada significación estadística. Estos se encuentran asociados a cloroplastos o a proteínas con actividad quinasa, hidrolasa y de transporte.

Agradecimiento. CONACYT por la beca 946795 otorgada a Dianella Iglesias, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Centro de Investigación en Biotecnología, UAEM.

Bibliografía.

Romero-Cerecero O, Islas-Garduño AL, Zamilpa A, Pérez- García M, Tortoriello J. (2018). *Evid Based Complementary Altern Med.* 2018: 1-8.

Cardoso-Taketa AT, Lozada-Lechuga J, Fragoso-Serrano M, Villarreal ML, Pereda-Miranda R. (2004). *Journal of Natural Products*, 67 (4): 644-649.

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE COMPUESTOS DE TIPO CATEQUINAS DE EXTRACTOS DE LA CORTEZA DE Cyrtocarpa procera KUNTH

Mónica Ramos[1], María Luisa Villarreal[1], Erika Gómez-Chang[2], Irma Romero[2], Alexandre Cardoso-Taketa[1].
[1]Centro de Investigación en Biotecnología, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad 1001, Col. Chamilpa, 62209 Cuernavaca, Morelos, México. [2]Departamento de Bioquímica, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 Ciudad de México, México.
monica.ramos2994@gmail.com

Palabras clave: Cyrtocarpa procera, HPLC, catequinas

Introducción. *Cyrtocarpa procera* es un árbol originario de México comúnmente conocido como "chupandilla". Su corteza es utilizada en la medicina tradicional para tratar diferentes problemas gastrointestinales y renales (1). Se han realizado diversos estudios con el extracto metanólico de la corteza, que han demostrado actividades gastroprotectora, antiinflamatoria, antibacteriana y de resolución de la úlcera gástrica (2). Son pocos los estudios que han explorado las propiedades fitoquímicas de la corteza de la planta y han reportado la presencia de algunos metabolitos secundarios como esteroles, ácidos grasos y flavonoides (3). El objetivo de este trabajo fue realizar el aislamiento, identificación y cuantificación de las catequinas de extractos de la corteza de *Cyrtocarpa procera,* que podrían ser los compuestos responsables de las actividades biológicas atribuidas a la planta.

Metodología.

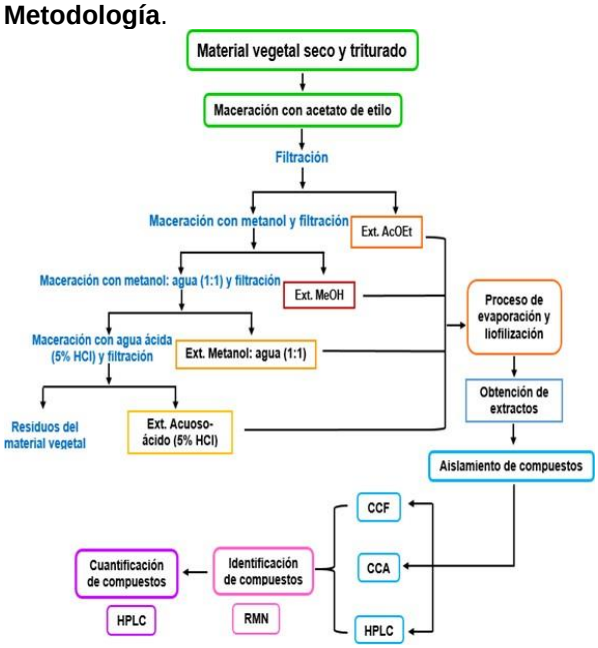


Figura 1. Diagrama de flujo de la metodología. Cromatografía en capa fina (CCF), cromatografía en columna abierta (CCA).

Resultados. En la Fig. 2 se observa el perfil cromatográfico en HPLC de catequinas catequinas [(+)-C, (+)-EC, (-)-EC y (-)-ECG] aisladas e identificadas en el extracto AcOEt de la corteza de *C. procera.* En la Tabla 1 se muestra el contenido de los compuestos de tipo catequina en el extracto de AcOEt y en la corteza de la planta.

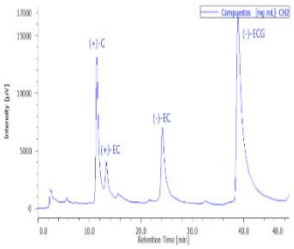


Figura 2.- Catequinas identificadas por HPLC en la corteza de *C. procera.*

Tabla 1.- Contenido de catequinas en *C. procera.*

Compuesto	Cantidad en extracto AcOEt [mg/g]	Cantidad en corteza [g/kg]
(+)-Catequina	30.26	1.599
(+)-Epicatequina	19.37	1.013
(–)-Epicatequina	49.24	2.612
(–)-Epicatequina galato	170.60	9.06

Conclusiones. Se identificaron cuatro compuestos aislados del extracto AcOEt de *C. procera*, tratándose de (+)-catequina, (+)- epicatequina, (□)-epicatequina y (□)-epicatequina galato, de los cuales, los tres últimos se reportan por primera vez, en esta especie vegetal, aportando así, información importante sobre el perfil fitoquímico de la especie.

Agradecimientos.
Al Centro de Investigación en Biotecnología (CEIB). Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada N° 958325. Al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica, DGAPA, UNAM, IN217019.

Bibliografía.

Argueta V, Cano LM, & Rodarte ME. (1994). Atlas de las plantas de la medicina tradicional mexicana: Instituto Nacional Indigenista. Vol. II. México, 559.
Escobedo-Hinojosa WI, Del Carpio JD, Palacios-Espinosa JF, & Romero I. (2012). *J Ethnopharmacol.* 143(1), 363-371.
Escobedo-Hinojosa WI, Gomez-Chang E, García-Martínez K, Guerrero R, Cardoso-Taketa A, & Romero I. (2018). *Evid Based Complement Alternat Med.* vol. 2018, ID 2862706, 12 pag.

HIDRÓLISIS DE GLOBULINAS 7S Y 11S DE *Cucurbita argyrosperma* subsp. *sororia* PARA LA OBTENCIÓN DE PÉPTIDOS ENCRIPTADOS CON ACTIVIDAD ANTIDIABESIDAD

Daniela Sarahi Medina Rojas, Edgar Francisco Duque Vázquez, Santiago Gutiérrez Vargas, Fabiola León Galván. División Ciencias de la Vida, Universidad de Guanajuato, Ex Hacienda El Copal Km 9 Carr Copal Irapuato, Gto. C.P. 36824
fabiola@ugto.mx

Palabras clave: globulinas, diabesidad, hidrólisis enzimática.

Introducción. La chicayota (*Cucurbita argyrosperma* subsp. *sororia*) es una especie de calabaza nativa cuyas semillas son altas en proteínas y representan una fuente potencial para la obtención de péptidos bioactivos con propiedades antidiabéticas. El objetivo del trabajo es la obtención de los péptidos mediante hidrólisis enzimáticade las globulinas para su futura evaluación como una alternativa de tratamiento de la diabesidad.

Metodología. Las semillas de chicayota se molieron y desgrasaron según el protocolo 920.39 de la AOAC [1]. La extracción de las fracciones de proteína de reserva sehizo con una relación 1:30 (v/v) con los siguientes solventes por fracción: agua Milli-Q para extracción de albúminas, solución 0.1M de NaCl, 0.001M K2HPO4,0.01M EDTA, pH 7.5 para extracción globulinas 7S,solución 0.8M de NaCl, 0.001M K_2HPO_4, 0.01M EDTA, pH 7.5 para extracción globulinas 11S, centrifugando a 10,000xg durante 30 min. La cuantificación de las fracciones proteicas se realizó empleando el kit Quick Start Bradford Protein Assay (Bio-Rad) La digestión de las fracciones con tripsina (Affimetrix) se hizo adicionando 100 µL de solución 6M urea, 50µM Tris-HClpH8.0 y 2.5µL de 200mM DTT, 50mM Tris-HCl pH 8.0. La muestra se calentó a 100°C por 5 min. Se adicionó 5µL de solución 200mM IAA, 50mM Tris-HCl pH 8.0 y se almacenó en oscuridad por 30 min. Se adicionaron 900µL de solución 50mM Tris-HCl, 1mM $CaCl_2$ pH 7.6 4,2µL de tripsina (11 µg/mL) y se incubó a 37°C a 300 rpmdurante 24h. Los resultados se visualizan en gel de Tris-Tricina [2].

Resultados. La cuantificación de las globulinas es 11S: 989.46 mg/mL y 7S: 280.11 mg/mL, similares a los reportados [4] donde por 100g de harina desgrasada de semilla de chicayota el 12.33 ± 34.84g corresponden a globulinas 11S y únicamente el 1.98± 5.61g corresponden a globulinas 7S. La proporción relativa delas fracciones 11S:7S puede variar de 1:3 a 3:1 ensemillas similares como soya, dependiendo de la variedad y de las condiciones de crecimiento [3]. Se identificaron en globulinas 7S (Fig. 1A) proteínas de 14.3, 14.8, 23.8, 25.4, 26.3, 36.3, 48.9, 52.6 y 56.6 kDa previamente reportadas [4], además de otras proteínas no identificadas. En la base de datos BIOPEP no se encontraron secuencias reportadas para especies decucurbitáceas; se encontró la secuencia de la 7S globulina de sésamo (*Sesamum indicum*, ID 1787) de 585 aminoácidos y 67.3kDa y la 7S globulina en soya (*Glycine max*, ID 1162) de 427 aminoácidos y 44.7kDa. La hidrólisis de las globulinas 7S genera la desaparición de las bandas de 70- 15kDa y produce péptidos menores a 15kDa.

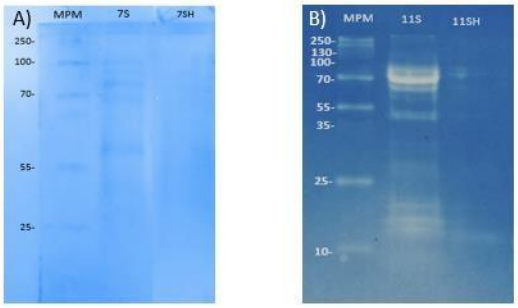


Fig. 1. A) Perfil electroforético de la extracción de globulinas 7S. MPM: marcador de peso molecular; 7S: Globulinas 7S; 7SH: Globulinas 7S hidrolizadas. B) Perfil electroforético de la extracción de globulinas 11S. MPM: marcador de peso molecular; 11S: Globulinas 11S; 11SH: Globulinas 11S hidrolizadas. SDS-PAGE Tris-Tricina. Tinción: Azul de Coomasie

Se identificaron en las globulinas 11S (Fig. 1B) once proteínas (19.0, 23.2, 30.1, 31.9, 41.6, 45.3, 50.2, 56.2, 73.7, 92.1 y 120.0 kDa pero no se observan las proteínas de mayor masa molecular reportadas previamente [4]. Esta diferencia podría atribuirse al método de extracción utilizado por el autor. En BIOPEP se encontró la secuencia de la 11S globulina subunidad-β de calabaza (*Cucurbita* species, ID 1161) de 480 aminoácidos y 54kDa. Los hidrolizados de las globulinas 11S se ubican alrededor de los 70kDa y por debajo de los 15kDa, loque sugiere que es necesario un mayor tiempo de hidrólisis.

Conclusiones. Las globulinas 7S y 11S obtenidas son similares a las reportadas en la literatura. Las diferencias en lahidrólisis de las globulinas 7S y 11S pueden deberse a su estructura cuaternaria, ya que las globulinas 7S son proteínas triméricas y las globulinas 11S son hexaméricas, ocasionandola hidrólisis parcial de las globulinas 11S.

Agradecimiento. A CONACYT por la beca para estudios de posgrado con Número de Apoyo:774873.

Bibliografía.

AOAC 920.39-1920, Fat (crude) or ether extract in animal feed.
Haider S. (2012) Tricine SDS-PAGE. Protein electrophoresis. *Methods Mol Biol*. 869:81-91.
Qi, G., Venkateshan, K., Mo, X., Zhang, L., & Sun, X. S. (2011). *J.Agric. Food Chem.*, 59(18), 9958–9964.
Herrera, F. (2019). Tesis de Doctorado, Universidad de Guanajuato.

APLICACIÓN BIOTECNOLÓGICA DEL HONGO *P. djamor* CONTRA EL NEMATODO PARÁSITO DE OVINOS *Haemonchus contortus*

Pineda-Alegría JA [1,3], Villarreal ML[1], Sánchez JE [2], Aguilar-Marcelino L [3]. [1]Laboratorio de Biotecnología de Plantas Medicinales del CEIB-UAEM, Cuernavaca, Morelos, CP. 62209. [2]El Colegio de la Frontera Sur, Tapachula, Chiapas, CP. 29290. [3]Departamento de Helmintología del CENID- SAI/INIFAP, Jiutepec, Morelos, CP. 62574.
aguilar.liliana@inifap.gob.mx

Palabras clave: Pleurotus djamor, Haemonchus contortus, extractos

Introducción. Los hongos comestibles han ganado importancia económica durante los últimos años debido a su gran potencial en aplicaciones biotecnológicas como la producción de alimentos funcionales (setas), productosmedicinales, bioactivos y el uso de enzimas en distintas industrias. Estos hongos pueden producir una gran variedad de productos naturales, y tienen la capacidad para degradar distintos productos lignocelulósicos y convertir desechos agroindustriales en alimento para el ser humano [3]. Se ha demostrado que los hongos del género *Pleurotus* poseen distintas propiedadesmedicinales, entre la que se encuentra la actividad nematicida [2]. Durante los últimos años el uso inadecuado e indiscriminado de antihelmínticos para el control de nematodos gastrointestinales en ovinos, ha generado resistencia antihelmíntica alrededor del mundo.Esto se ve reflejado en grandes pérdidas económicas para los ovinocultores (más de 7.1 mil millones de dólaresanuales) [3], lo que hace necesario la búsqueda de alternativas sustentables de control para estos nematodos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la actividad nematicida *in vitro* de los basidiomas de *P. djamor* cultivados en diez mezclas de sustratos diferentes.

Metodología. Se elaboraron diez mezclas de sustrato (T1-T10) utilizando olote de maíz, pasto pangola y pulpa de café en diferente proporción: T1(1:4:1), T2(1:1:4), T3(0:1:1), T4(4:1:1), T5(1:1:1), T6(0:0:1), T7(0:1:0),T8(1:0:0), T9(1:1:0) y T10(1:0:1) [4]. Posteriormente, se colectaron los basidiomas maduros de cada uno de los tratamientos. Los basidiomas se maceraron por separado con metanol-agua (7:3) durante 24 hrs. Los extractos se concentraron, se llevaron a sequedad utilizando una liofilizadora y se guardaron a -20 ºC hastasu uso. Para la obtención de huevos y larvas de *H. contortus* se utilizó un ovino libre de parásitos, el cual fueinfectado artificialmente vía oral con 350 larvas infectantes (L3) /kg p.v. A los 21 días post-infección se recuperaron las heces y se realizaron lavados con gradientes de sacarosa para recuperar los huevos; mientras que, para obtener las larvas L3 se realizó un coprocultivo con hule espuma y las heces. Los bioensayos se llevaron a cabo en placas de microtitulación de 96 pozos. En cada pozo se colocaron 100 huevos/larvas, y cada uno de los extractos de basidiomas (T1-T10), en 100 µL finales. Cada tratamiento fue realizado x4 veces. Para la lectura el contenido de cada uno de los pozos se colocó en portaobjetos y fue observado en el microscopio óptico a 5X a las 48 h para la prueba de eclosión y 72 h para la prueba de mortalidad larvaria[5].

Resultados. La mezcla de sustrato T2 mostró la mayor inhibición de la eclosión de huevos de *H. contortus* (91%) seguida de la mezcla T1 (7%) a 5 mg/mL; mientras que, todas las mezclas mostraron inhibición mayor del 98% a 10 mg/mL. Por otro lado, no se logró observar un efecto de mortalidad larvaria en ninguno de los tratamientos evaluados.

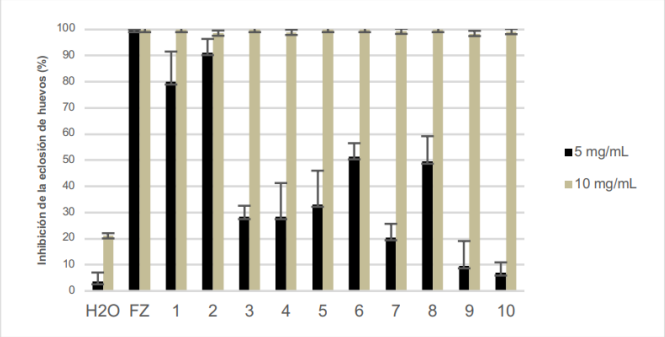


Fig. 1. Inhibición de la eclosión de huevos de *H. contortus* por efecto de distintos extractos de *P. djamor*. FZ:Fenbendazol.

Conclusiones. Los basidiomas de *P. djamor* producidoscon la mezcla T2 podrían ser una alternativa para el control de *H. contortus* en el estadio de huevo. Aunque es necesario realizar más estudios, estos hongos podrían utilizarse para la producción de los compuestos bioactivos o como suplemento alimenticio para los ovinos.

Agradecimiento. Al proyecto de Problemas Nacionales del CONACYT con número 9342634372

Bibliografía.

Raman J, Jang K, Oh Y, Oh M, Im J, LakshmananH, Sabaratnam V. (2010). *Mycobiology*, 49(1): 1-14.

Carrasco J, Serna S, Gutiérrez J. (2017). *J Comp Food Compos Anal*. 58: 69-81.

Becerra R, Alonso M, Fernández A, Quiroz R. (2014). *Vet parasitol*.204(3-4): 285-290.

Avendaño R, Sánchez J. (2013). *Afr J Microbiol Res*. 7(3): 220–226.

Pineda J, Sánchez J, González M, Zamilpa A, López M, Mendoza P, Cuevas J, Marcelino L. 2017. *J Med Food*. 20(12):1184-1192.

PROTEÍNAS ANTIMICROBIANAS SECRETADAS POR *Streptomyces lividans* TK24

Fernanda Calderón, Ulises Carrasco, Gerardo Santander, Javier Barrios, Armando Mejía, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa, Departamento de Biotecnología, Ciudad de México, México, 09340.
csfj17@xanum.uam.mx

Palabras clave: Actividad antimicrobiana, proteína antimicrobiana, Streptomyces lividans

Introducción. Actualmente existe la necesidad de encontrar nuevas moléculas antimicrobianas para el control de microorganismos patógenos. Una alternativa para evitar la resistencia antimicrobiana es el uso de proteínas y péptidos antimicrobianos, ya que se ha demostrado que actúan contra un amplio espectro de patógenos bacterianos, virales, fúngicos y parasitarios infecciosos. El género *Streptomyces* representa una de las principales fuentes de moléculas antimicrobianas comercialmente importantes como lo es la ivermectina, tetraciclina, estreptomicina, nistatina, y otras moléculas útiles en medicina y agricultura (1,2).
El objetivo del presente trabajo fue identificar las proteínas responsables de la actividad antimicrobiana mediante pruebas de actividad y un análisis proteómico.
Metodología.



Resultados. Se determinó que la fracción mayor a 10 kDaes la que tuvo la actividad antimicrobiana y que actuó contra *Bacillus subtilis, Bacillus cereus, Clostridium sporogenes, Kokuria rizophila y Clavibacter michiganensis*. A partir del SDS-PAGE se determinó que el peso moleculardе la proteína es de 12.6±10% kDa (ver Fig. 1). Con el análisis proteómico se proponen 4 proteínas como posibles responsables de la actividad antimicrobiana (ver Tabla 1).

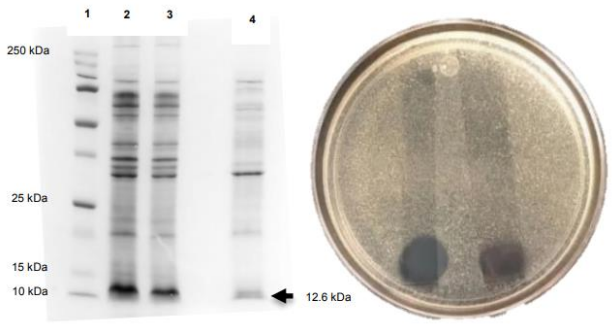


Fig. 1. Muestras seleccionadas en cada paso de purificación y ensayo de actividad antimicrobiana acoplado a un SDS-PAGE.

Tabla 1. Proteínas seleccionadas con posible actividad antimicrobiana secretadas por *S. lividans* TK24.

Nombre de proteína	ID (UniProt)	Peso molecular (kDa)	Probabilidad de identidad (%)	Función teórica
DrsE domain-containing protein	D6EK37	12.55	100.00	Oxidación intracelular de azufre
Hit-family protein	D6EE98	12.44	100.00	Receptor de ribonucleótidos de purina intracelular
Secreted protein	D6ESN1	15.74	100.00	Función desconocida
50S ribosomal protein L19	D6ERH4	13.14	100.00	Estructura y función del sitio de unión de aminoacil-tRNA

Conclusiones. Se identificó que *S. lividans* TK24 secretaproteína (s) antimicrobianas que no han sido reportadas hasta el momento, estas moléculas podrían implementarse como control biológico contra *Clavibacter michiganensis*, un fitopatógeno causante del cancro bacteriano en cultivos de tomate.

Agradecimiento. Este trabajo fue apoyado por el "Programa Especial de Apoyo a la Investigación" Rectoría General, UAM, I21-2019. Fernanda Calderón agradece al CONACyT, México, por la beca (No. 718101).

Bibliografía.

Anné J, Vrancken K, Van Mellaert L, Van Impe J, Bernaerts K., 2014, *Biochim Biophys Acta*,1843:1750–61.
Le Maréchal P, Decottignies P, Marchand CH, Degrouard J, Jaillard D, Dulermo T, et al., 2013, *Appl Environ Microbiol*, 79:5907–17.

ESTUDIO DEL EFECTO CITOTÓXICO INDUCIDO POR DOS EXTRACTOS RICOS EN POLIFENOLES PROVENIENTES DE Opuntia ficus-indica EN CÁNCER DE COLON.

María Norma González Flores1 , Kenny Misael Calvillo Rodríguez1 , María Cristina Rodríguez Padilla1 , Ana Carolina Martínez Torres1 , Marilena Antunes Ricardo2 . 1Laboratorio de Muerte Celular en Cáncer y Sistema Inmune, Laboratorio de Inmunología y Virología, FCB, UANL. San Nicolás de los Garza, Nuevo León. C.P: 66451 2Tecnologico de Monterrey, Centro de Biotecnología-FEMSA, Escuela de Ingeniería y Ciencias. Av. Eugenio Garza Sada 2501 Sur, C.P. 64849 Monterrey, N.L. México.

Palabras Clave: Opuntia ficus-indica; HPLC; cáncer de colon.

Introducción. Los polifenoles son metabolitos secundarios presentes en las plantas, los cuales están conformados por anillos de benceno con iones hidroxilo unidos [1]. Dichas moléculas abundan en Opuntia ficus-indica, planta endémica mexicana a la cual se le ha atribuido efecto antitumoral in vitro e in vivo [2,3]. Sin embargo, se desconoce la actividad de estos compuestos sobre el sistema inmune en la erradicación tumoral, la liberación de Patrones Moleculares Asociados a Daño (DAMPs), y su efecto sobre células no cancerosas. Metodología. La obtención del extracto se realizó a través de extracción alcalina y metanólica, la cuantificación y caracterización de los compuestos se realizó por HPLC-UV analítico y espectrometría de masas [2,3]. Los ensayos de citotoxicidad se realizaron por MTT y por Calcein-AM en citometría de flujo. La liberación/exposición de los principales DAMPs (Calreticulina (CALR), ATP y HMGB1) se evaluaron a través de citometría de flujo, ELISA sándwich y bioluminiscencia para CALR, HMGB1 y ATP, respectivamente.

Resultados. El extracto metanólico permite un mayor rendimiento de compuestos fenólicos, en comparación con el extracto alcalino. Asi mismo, los ensayos de citotoxicidad por MTT y citometría de flujo demostraron que se requiere una menor concentración del extracto metanólico para inducir perdida de viabilidad en las líneas de cáncer de colon Caco-2, CT-26 y HT-29 (1.75, 2 y 2.5 mg/mL, respectivamente) en comparación con el extracto alcalino (6, 6 y 8 mg/mL, respectivamente), esto sin afectar a PBMCs de donantes sanos. Posteriormente, se evaluó la liberación de los DAMPs CALR, ATP y HMGB1 en las células CT-26 tratadas con ambos extractos y se observó que el tratamiento con el extracto metanólico induce la liberación de CALR y ATP, pero no de HMGB1, mientras que el extracto alcalino no indujo la liberación de ninguno de estos DAMPs.

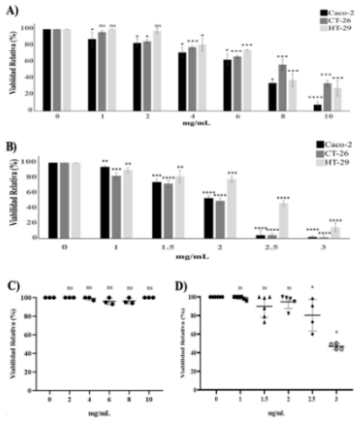


Fig. 1. Curvas de viabilidad de células de CRC y PBMCs tratadas con el extracto alcalino (A) y metanólico (B).

Conclusiones. 1) El extracto metanólico brinda un mayor rendimiento de polifenoles presentes en OFI; 2) Ambos extractos inducen citotoxicidad en células cancerosas, pero no en PBMCs; 3) Se requiere una menor concentración de extracto metanólico para inducir citotoxicidad en células cancerosas, en comparación con el extracto alcalino; 4) El extracto metanólico indujo una mayor liberación de DAMPs in vitro.

Agradecimiento. A CONACyT por el financiamiento del proyecto. Al Laboratorio de Inmunología y Virología de la UANL y al Centro de Biotecnología FEMSA del Tecnológico de Monterrey por permitirme usar sus instalaciones para el desarrollo del proyecto.

Bibliografía.

Quideau, S., Deffieux, D., Douat-Casassus, C. and Pouységu, L., 2011. Plant Polyphenols: Chemical Properties, Biological Activities, and Synthesis. Angewandte Chemie International Edition, 50(3), pp.586-621.

Antunes-Ricardo, M., Moreno-García, B., Gutiérrez-Uribe, J., AráizHernández, D., Alvarez, M., & Serna-Saldivar, S. (2014). Induction of Apoptosis in Colon Cancer Cells Treated with Isorhamnetin Glycosides from Opuntia Ficus-indica Pads. Plant Foods For Human Nutrition, 69(4), 331-336. doi: 10.1007/s11130-014-0438-5

Antunes-Ricardo, M., Hernández-Reyes, A., Uscanga-Palomeque, A., Rodríguez-Padilla, C., Martínez-Torres, A., & Gutiérrez-Uribe, J. (2019). Isorhamnetin glycoside isolated from Opuntia ficus-indica (L.) Mill induces apoptosis in human colon cancer cells through mitochondrial damage. Chemico-Biological Interactions, 310, 108734. doi: 10.1016/j.cbi.2019.108734

USO DE INSULINA VEGETAL (*Costus igneus*) LIOFILIZADA EN PRODUCTO DE REPOSTERÍA PARA PACIENTES CON DIABETES *MELLITUS* TIPO 2

Alejandra Aimeé Hernández Blanco1, Alaíde Jiménez Serna1, María Soledad Córdova Aguilar2. 1Centro de Investigación y Capacitación en Gastronomía – Universidad del Claustro de Sor Juana (UCSJ), Centro Histórico de la CDMX, 06080; 2Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología – UNAM.
ajimenezs@d.elclaustro.edu.mx

Palabras clave: Insulina vegetal, diabetes, liofilización

Introducción. Conocida como planta de insulina *Costus igneus* es una hierba medicinal de uso tradicional originaria del sudeste asiático. Contiene varios componentes fitoquímicos como esteroides, alcaloides, flavonoides, triterpenos, glucósidos y saponinas. (1) Sus hojas se utilizan como complemento alimenticio en el tratamiento de la Diabetes *mellitus*. Diversos estudios atribuyen que el consumo de extractos de las hojas de la planta tiene efecto antidiabético, a partir de la disminución de glucosa en sangre. (2)
El objetivo de la presente investigación es incorporar insulina vegetal liofilizada en un producto de repostería *Petit gateau* como alternativa de consumo para pacientes con Diabetes *mellitus*.

Metodología. Liofilización de hojas de la planta *Costus igneus*. Incorporación de la insulina vegetal liofilizada sobre la formulación ordinaria del producto. Sustitución de harina de trigo por harina de garbanzo. Estandarización del *Petit gateau* modificado (insulina vegetal liofilizada, harina de garbanzo y xilitol). Pruebas mecánicas: de textura (galleta) y reología (mousse), AQP y pruebas sensoriales (caracterización de atributos sensoriales y de preferencia).

Resultados. Se elaboró y estandarizó un *Petit gateau* ordinario bajo las siguientes condiciones: temperatura de horneado de 200°C por 15 minutos Las condiciones de liofilización de la insulina vegetal: congelamiento por 8 horas a -30°C, un secado primario a 37.77°C por 7 horas, un secado final a 32.22°C por 3 horas y una humedad en la hoja de 4.5%. Se sustituyó el 100% de la harina de trigo por harina de garbanzo y 100% de xilitol respecto a azúcar refinada en la galleta, en la mousse y en la gelée. Se incorporó 0.3% de insulina vegetal liofilizada en la mousse. Las condiciones de elaboración fueron las siguientes: temperatura de horneado de 200°C por 25 minutos. En la tabla No. 1 se observan los atributos sensoriales del producto modificado en donde destaca que la insulina vegetal no modifica ni la apariencia, aroma y sabor. Las pruebas mecánicas aplicadas a la galleta elaborada con harina de garbanzo reportaron mayor dureza y fracturabilidad con respecto a la galleta ordinaria.

Tabla 1. Atributos sensoriales del *Petit gateau* con incorporación de insulina vegetal liofilizada.

COLOR	OLOR	SABOR	TEXTURA
Galleta: Color café oscuro con puntos negros.	Galleta: Aroma ahumado y terroso.	Amargo, ácido, ligeramente dulce, notas ahumadas y frutales.	Galleta: crujiente y arenosa.
Mousse: Color café oscuro, con superficie brillante.	Mousse: Aroma intenso a cacao.		Mousse: Suave, aireada, esponjosa y cremosa.
Gelée: Color amarillo brillante.	Gelée: Aroma intenso a maracuyá.		Gelée: Suave, gelatinosa y acuosa.



Fig.1.*Petit gateau ordinario y* modificado con incorporación de hojas de insulina liofilizada.

Conclusiones. Se incorporó 0.3% de insulina vegetal en la mousse del *Petit gateau* como alternativa de consumo para personas con Diabetes *mellitus*. Este porcentaje se considera suficiente para regular el nivel de glucosa en sangre cuando se consume un producto de repostería como éste. La insulina vegetal no aporta sabor, textura o aroma diferente al producto, por lo que se propone la incorporación en otros productos de repostería.

Agradecimiento. Se agradece al Ing. César Rodríguez, por el apoyo con el proceso de liofilización delas hojas de la planta de insulina en el Centro de Desarrollo y Soporte INNOTEC SAS de CV y a la Dra. Deni Nava Arenas por el soporte técnico sensorial del proyecto.

Bibliografía.

Flowerlet M, Bimi V. (2019). *Int. J. Pharm. Sci. Rev. Res.* 54(2): 51-57.
Hegde, P, Rao H y Rao P. (2014). *Pharmacogn Rev.* 8(15): 67– 72.

CRECIMIENTO DE CALLOS Y CÉLULAS EN SUSPENSIÓN DE *Carica papaya* PARA ELDESARROLLO DE UN ANTIPARASITARIO

Cynthia Guzmán[1], Marisela Hernández[2], Nelly Villalobos[3], Anabel Ortiz [1], Edda Sciutto[2] María Luisa Villarreal[1]. [1] Centro de Investigación en Biotecnología. Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, Morelos, C.P 62210. [2] Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia[3], Universidad Nacional Autónoma de México, CDMX, C.P. 04510.
cyn_gume@yahoo.com.mx

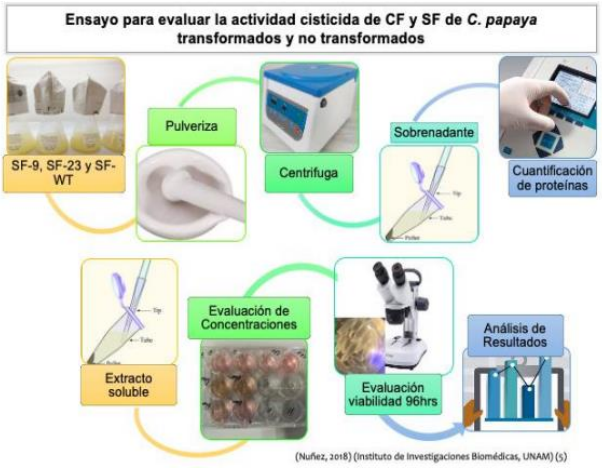
Palabras clave: Carica papaya, Callos friables, Células en suspensión

Introducción. De acuerdo con la OMS, las enfermedades parasitarias afectan a más de la quinta parte de la población (1). Considerando las limitaciones de los antiparasitarios actualmente disponibles y el impacto de los parásitos intestinales en la salud humana y animal, la búsqueda de nuevos antiparasitarios de origen natural ha cobrado gran interés a nivel mundial (2). Entre ellos se ha explorado el uso de la papaya (*Carica papaya*) (3). Diversas estrategias utilizando cultivos *in-vitro* han sido desarrolladas con el objetivo de incrementar el contenido de metabolitos activos incluyendo técnicas destinadas a introducir, multiplicar y regenerar material vegetal en condiciones controladas (4).

En el grupo de trabajo se generaron callos friables de *Carica papaya* transformados con ADN de *Taenia crassiceps* con los genes: KETc12 (línea CF-6), KETc1 (línea CF-9) y KETc7 (línea CF-23); así como callos no transformados (CF-WT); a partir de los cuales se establecieron las líneas transformadas de células en suspensión SF-6, SF-9, SF-23, así como la línea silvestre SF-WT.

En este trabajo se evaluó la eficiencia *in vitro* de las líneas de *C. papaya* transformados y no transformados sobre cisticercos de *T. crassiceps*

Metodología.



Resultados. En la Tabla 1. Se observan el efecto cisticida de las líneas de callos y suspensiones de *C. papaya* transformados y no transformados a una concentración de 10mg/mL.

Tabla 1. Evaluación del efecto cisticida con-extractos solubles de CF y SF de *C. papaya*

Extractos solubles	Número de cisticercos muertos
Medio RPMI	0^{a}
CF-WT	13.8 ± 1.79^{b}
CF-6	11.5 ± 1.14^{c}
CF-9	13.2 ± 1.48^{b}
CF-23	14.2 ± 0.84^{b}
SF-WT	14.7 ± 0.58^{b}
SF-6	ND
SF-9	13.6 ± 0.89^{b}
SF-23	13.8 ± 0.84^{b}

UE=15 cisticercos. Los valores son el promedio de cinco repeticiones ± DS . Diferentes letras indican diferencias estadísticamente sigificativas (p≤0.05). ANOVA mas unpaired T-test

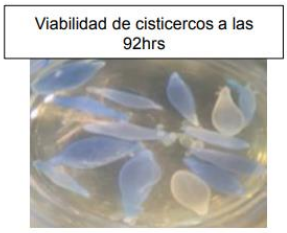


Figura 1. Los cisticercos teñidos de azul corresponden a cisticercos no viables.

Conclusiones. Se observó una alta capacidad cisticida 95%) sobre *T. crassiceps*, similar con todas líneas de *C. papaya* CF-9, CF-23, CF-WT y SF-9, SF-23, SF-WT utilizadas a una concentración de 10mg/mL.

Agradecimiento. Centro de Investigación en Biotecnología (CEIB-UAEM), al Instituto de Investigaciones Biomedicas (IIB- UNAM) y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada a CAGM (732070).

Bibliografía.

Sandoval J. (2012). Parasitosis Intestinal en países en vías de desarrollo. *Rev Méd HN*. 80(3), 89-90.
Luyando (2012). Recuperado 2018-06-12 de: http://mednatursagradafamilia.blogspot.com/2012/07/la-papaya.html. Med Nat.
Kaur (2017). Papaya performance under various growing conditions cv. Red Lady 786. Agric Resch Com Ctre. 37(4), 290-293.
Weathers P, Towler M, y Xu J. (2010)..App Micro Biotech, 85:1339–135
Núñez G, V(i2ll)alobos N, Herrera C, NavarreteJ, Méndez A, Martinez J.J, & Del Arenal P. (2018). *Paras Resch*, 117(8), 2543-2553.

EFECTO DE DOS AMINOALCOHOLES SOBRE LA EXPRESIÓN DE ADN METILTRANSFERASAS EN CÉLULAS DE CÁNCER DE MAMA MCF-7

David E. Dorantes Mugarte[1], Geovanny I. Nic-Can[2], Susana Rincón[3], Alejandro Zepeda Pedreguera[1], Leydi M. Carrillo Cocom[1]. [1]Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Ingeniería Química, Mérida, C.P. 97203, [2]CONACYT- Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Ingeniería Química, Mérida, C.P. 97203, [3]Tecnológico Nacional de México/I.T. Mérida, C.P. 97118,
leydi.carrillo@correo.uady.mx

Palabras clave: Aminoalcoholes, ADN metiltransferasas, Cáncer

Introducción. La reactivación de genes supresores de tumores que han sido silenciados por un mecanismo epigenético, como la metilación del ADN en la región promotora de los genes, sigue siendo un objetivo molecular atractivo para la terapia del cáncer. En sistemas experimentales, los inhibidores de ADN metiltrasferasas (DNMTi) han demostrado su capacidad para inhibir la hipermetilación, restaurar la expresión de genes supresores y ejercer efectos antitumorales en modelos de laboratorio in vitro e in vivo (1). Por ejemplo, esta actividad inhibidora se ha demostrado por compuestos aminoalcoholes o esteroidales como la diosgenina. Al respecto, recientemente se ha demostrado la actividad tóxica de los compuestos derivados de la diosgenina y el colesterol, 6β-fenilaminocolestán-3β, 5α-diol (C5) y (25R)-6β-fenilaminospirostan-3β, 5α-diol (C6), sobre células de cáncer (2). Por tal motivo, este trabajo tuvo por objetivo evaluar el efecto de los compuestos C5 y C6 sobre la expresión de las ADN metiltransferasas (DNMTs) en células de cáncer de mama MCF-7, confirmando la toxicidad que producen y la selectividad respecto a células sanas.

Metodología. Se determinó la toxicidad de los compuestos C5 y C6 sobre células MCF-7, utilizando como control células sanas de fibroblastos humanos (hFB). Las células fueron expuestas por 48 h a seis concentraciones (3.125, 6.25, 12.5, 25, 50 y 100 µM) de ambos compuestos. La técnica de tinción con cristal violeta fue utilizada para determinar la concentración celular viable respecto al control sin tratamiento (3). Los datos se utilizaron para calcular la concentración citotóxica media (CC50) y el índice de selectividad (IS) respecto a las células sanas. Por último, el análisis de expresión génica de las DNMTs (DNMT1, DNMT3A y DNMT3B) fue realizada a partir de las MCF-7 tratadas, evaluando las tres concentraciones más bajas de los compuestos C5 y C6. Para tal efecto, se utilizó la técnica de RT-qPCR utilizando el kit iTaq Universal SYBR Green Supermix (Bio-Rad).

Resultados. Se obtuvo que el C5 fue más tóxico para las células MCF-7, a partir de la concentración de 3.125 µM, en comparación con el efecto observado en las células hFB, las cuales fueron afectadas hasta la concentración de 12.5 µM. En el caso del C6, la línea celular hFB fue afectada a partir de la concentración de 6.25 µM y las MCF-7 a partir de los 3.125 µM. Las CC50 de cada compuesto y los IS se presentan en la Tabla 1. Estos resultados indican que el C5 es el más selectivo a las células de cáncer MCF-7.

Tabla 1. CC50 y IS de los aminoalcoholes sobre células hFB y MCF-7.

Compuesto	Línea celular	CC_{50} (µM)	IS
5	hFB	34.14	2.0
	MCF-7	16.26	
6	hFB	15.12	0.9
	MCF-7	16.44	

Por otra parte, se encontró que los genes DNMT1, DNMT3A y DNMT3B fueron regulados negativamente en las células MCF-7 expuestas a ambos compuestos, sin mostrar una dependencia lineal a la dosis (Tabla 2).

Tabla 2. Porcentaje de expresión de las DNMT de las células de MCF7 luego de la exposición a distintas concentraciones de los compuestos C5 y C6.

	Compuesto/Concentración (µM)					
	C5			C6		
	3.125	6.25	12.5	3.125	6.25	12.5
DNMT1	48.08%	105.28%	74.81%	13.09%	21.45%	21.36%
DNMT3A	6.81%	46.61%	34.50%	12.92%	26.02%	34.82%
DNMT3B	70.93%	61.05%	50.50%	7.45%	13.90%	47.70%

Conclusiones. Los resultados demuestran que ambos compuestos C5 y C6 son tóxicos. Además, ambos producen modificaciones en la expresión del ARNm de las DNMT en las células MCF-7. No obstante, es necesario realizar más pruebas para elucidar el mecanismo de acción, en particular del C5, con mayor selectividad y, por lo tanto, mayor potencial como antineoplásico

Agradecimiento. Los autores agradecen el apoyo del Programa Seeding Labs.

Bibliografía.

Gros, C. et al. (2012) "DNA methylation inhibitors in cancer: Recent and future approaches", Biochimie. Elsevier Masson SAS, 94(11), pp. 2280–2296. doi: 10.1016/j.biochi.2012.07.025. Soto-Castro, D. et al. (2017) "Solvent-free synthesis of 6βphenylamino-cholestan-3β,5α-diol and (25R)-6β-phenylaminospirostan3β,5α-diol as potential antiproliferative agents", Steroids. Elsevier, 126(August), pp. 92–100.

Feoktistova, M., Geserick, P. y Leverkus, M. (2016) "Crystal violet assay for determining viability of cultured cells", Cold Spring Harbor Protocols, 2016, pp. 343–346.

RELACIÓN ESTRUCTURA-ACTIVIDAD DE METABOLITOS ANTIINFLAMATORIOS DE *Galphimia* spp

Eleazar Álvarez León[1], César Millán Pacheco[2], María Luisa Villarreal[1], Alexandre T. Cardoso Taketa[1]. [1]Centro de Investigación en Biotecnología, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Avenida Universidad 1001, Colonia Chamilpa, Cuernavaca, Morelos 62210, México. [2]Facultad de Farmacia, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Avenida Universidad 1001, Colonia Chamilpa, Cuernavaca, Morelos 62210, México.
luisav@uaem.mx, ataketa@uaem.mx

Palabras clave: Antiinflamatorios, COX-1, COX-2, iNOS

Introducción. Los mediadores inflamatorios, prostaglandinas (PG), leucotrienos (LT) y tromboxanos (TX) son responsables de procesos patológicos y fisiológicos de la inflamación. Estos mediadores se generan a partir del ácido araquidónico (AA), un ácido graso poliinsaturado liberado del metabolismo de los fosfolípidos de membrana por la acción de las enzimas ciclooxigenasa (COX-1,-2) y lipoxigenasa (LOX-5)(1). Los antiinflamatorios no esteroideos (AINEs) presentan efectos secundarios y toxicidad a largo plazo(2). El objetivo del presente estudio es evaluar la actividad antiinflamatoria de los compuestos triterpénicos y ácidos galoilquínicos aislados de *Galphimia* spp. provenientes de poblaciones colectadas en los estados de Guerrero, Morelos, Querétaro y San Luis Potosí. En este estudio se realizarán bioensayos *in vitro*, estudios enzimáticos y acoplamiento molecular, para proponer una relación estructura-actividad.

Metodología. Hasta este momento, se realizó un estudio de acoplamiento molecular, empleando Smina con las funciones de scoring de Autodock Vina y Vinardo (4). Las enzimas COX-1(3LN1), COX-2(3KK6) e iNOS(3EAI) fueron recuperadas del Protein Data Bank (3). Todos los sistemas se prepararon en Chimera UCSF utilizando la herramienta Autodock Vina incluida, se realizaron 100 análisis independientes por ligando. La caja de muestreo de la COX-1 se centró en (-32.00, -42.54, -5.66) con dimensiones de 25x25x25 Å(4), COX-2 (30.80, -22.13, - 9.73), 30x30x30 Å(4) y la iNOS (123.01, 114.65, 36.36), 20x20x20 Å(4). Todos los ligandos se construyeron en MarvinSketch 20.16 y el confórmero con menor energía se utilizó como ligando inicial. El análisis de los resultados incluyo las energías mínimas de unión y los RMSD**.**

Resultados. Se realizó el análisis de 8,400 acoplamientos independientes de la indometacina, aminoguanidina, ácido linoleico, quercetina, galfiminas A, E, galfimidinas A, B y ácido tetragaloilquínico (ATGQ) de *Galphimia* spp. hacia la COX-1, -2 e iNOS. Para el análisis se realizó una validación del ligando co-cristalizado (celecoxib) de un 98 %, con una energía mínima de afinidad de -10.05 ± 0.05 Kcal/mol y un RMSD 0.32 ± 0.24 Å en la COX-1. El grupo sulfamida del celecoxib formó puentes de hidrógenos con los aminoácidos P518, S353, I517, Q192, S516 y L352 en el sitio de unión. Mediante los programas Smina y Vinardo el ATGQ presentó una mejor energía de afinidad a la proteína con -11.19 ± 0.32 y -10.70±1.05 Kcal/mol comparado con el celecoxib. El ATGQ formó puentes de hidrógeno con los aminoácidos V582, E347, Q350, S353, Q358, H581 y P583. En la validación del docking de la COX-2, el celecoxib presentó -10.64 ± 0.93 Kcal/mol y un RMSD de 0.70 ±0.03 Å (con respecto a la estructura cristalográfica) y el grupo sulfonamida formó puentes de hidrógenos con Q178, L338, R499, F504 en la COX-2, comparado con los triterpenos sigue siendo el de mejor afinidad a la proteína. Para la validación del protocolo de acoplamiento molecular de la iNOS, se realizó un redocking del ligando co-cristalizado en la iNOS que presentó una energía de unión de -9.68 ± 0.14 Kcal/mol y un RMSD de 1.02±0.30 Å, el ATGQ presentó una mejor energía de afinidad a la proteína con -10.54 ± 0.64, - 12.71 ± 0.29 y -14.29 ±1.34 Kcal/mol comparado con el ligando co-cristalizado y los triterpenos. Debido al gran número de grupos hidroxilos que presenta el ATGQ, le permitieron incrementar su afinidad a la COX-1 e iNOS, caso contrario al celecoxib y los triterpenos.

Conclusión. En el análisis de acoplamiento molecular**,** el ATGQ tuvo la mejor energía de unión teórica en la COX-1 e iNOS en comparación con las galfimidinas y galfiminas, mientras que el celecoxib presentó una mejor afinidad en la COX-2. Estos resultados teóricos sugieren que estos compuestos podrían presentar actividad antiinflamatoria en un modelo experimental.

Agradecimiento. Al Programa de Fortalecimiento Académico para Indígenas del CONACyT, por el apoyo # 291210 y la beca otorgada del doctorado # 782108.

Bibliografía.

Koontongkaew, S., & Leelahavanichkul, K. (2012). *Head and neck cancer. Rijecka: InTech*, 167-184.

Alessandri, A. L., Sousa, L. P., Lucas, C. D., Rossi, A. G., Pinho, V., & Teixeira, M. M. (2013). *Pharmacology & therapeutics*,139(2), 189-212.

Berman, H. M., Westbrook, J., Feng, Z., Gilliland, G., Bhat, T. N., Weissig, H., Shindyalov, I. N., & Bourne, P. E. (2000). *Nucleic Acids Research* 28(1), 235–242.

Trott, O., & Olson, A. J. (2010). *Journal of computational chemistry*, *31*(2), 455-461.

APLICACIÓN DE MINERÍA DE GENOMAS PARA LA DETECCIÓN Y SELECCIÓN DE UNCLÚSTER QUE CODIFIQUE PARA UN LANTIPÉPTIDO

Dora Onely Roblero Mejía; Beatriz Ruiz Villafán y Sergio Sánchez. Instituto de Investigaciones Biomédicas, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Circuito Mario de la Cueva s/n, C.U., Coyoacán, Ciudad de México, C.P. 04510.
dora_onely@hotmail.com

Palabras clave: Actinomicetos endófitos, Amphipterygium adstringens, actividad antimicrobiana

Introducción. La búsqueda de metabolitos secundarios con actividad antimicrobiana es una necesidad para hacer frente al alarmante aumento de la resistencia a losantimicrobianos comunes (**1**). Las actinobacterias endófitas de plantas terapéuticas, son una importante fuente potencial de moléculas bioactivas. Entre ellas, se destacan los lantipéptidos que están codificados por clústeres biosintéticos (**2**).

El objetivo de este proyecto fue explorar por medio de minería de genomas tres actinobacterias endófitas provenientes de la planta *Amphipterygium adstringens* para detectar y seleccionar un clúster que codifique para un lantipéptido con posible actividad antimicrobiana.

Metodología. Se analizaron los genomas de *Embleya* sp. NF3, *Actinoplanes* sp. TFC3 y *Streptomyces* sp. L06 por medio del programa antiSMASH v6.0 y BAGEL v4.0. Los genes de los clústeres seleccionados fueron caracterizados de manera bioinformática por medio de las herramientas: MUSCLE, BlastP, Pfam, InterPro Compute pI/Mw de Expasy y Phyre[2].

Resultados. En la Tabla 1 se muestra el número de clústeres detectados en el genoma de las actinobacterias endófitas que codifican para un lantipéptido.

Tabla 1. Clústeres asociados a la producción de lantipéptidos identificados con antiSMASH v6.0 y BAGEL v4.0

Actinobacteria endófita	Tamaño del genoma (pb)	Número de clústeres
Embleya sp. NF3	10 968 352	8
Actinoplanes sp. TFC3	6 546 651	0
Streptomyces sp. L06	6 887 193	1

De los 8 clústeres detectados en el genoma de *Embleya* sp. NF3, tres de ellos codifican para lantipéptidos de clase IV, uno de clase III, dos de clase II y dos de clase I. En el genoma del *Streptomyces* sp. L06 se detectó un clúster que codifica para un lantipéptido de clase III. De acuerdo con la literatura, los lantipéptidos de clase I y II, son los que comúnmente poseen actividad antimicrobiana (**3**). Elanálisis bioinformático de cada uno de los genes de los clústeres de lantipéptidos de clase I y II, reveló que el clúster denominado 1.4, posee los genes necesarios y completos para la biosíntesis del principio activo (Fig. 1). Adicionalmente, fue el lantipéptido con mayor número de modificaciones postraduccionales predichas, lo cual le confiere mayor resistencia frente a la degradación por proteasas (**4**). Esta resistencia le da la ventaja de que pueda ser expresado de manera heteróloga para ser caracterizado de forma estructural y bioquímica, así como evaluar su actividad antimicrobiana.

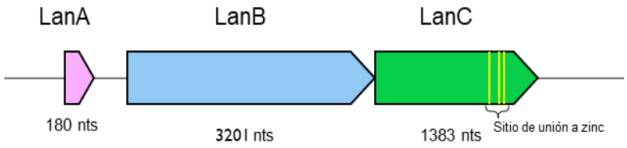


Fig. 1. Estructura del core biosintético del clúster 1.4 de *Embleya* sp. NF3.

Conclusiones. Los genomas de *Embleya* sp. NF3 y *Streptomyces* sp. L06 poseen clústeres que codifican para lantipéptidos, pero solo el genoma de *Embleya* sp. NF3 posee clústeres de clase I y II, los cuales se han reportado que ostentan actividad antimicrobiana.

Agradecimiento. Al Programa Nuevas Alternativas para el Tratamiento de Enfermedades Infecciosas (NUATEI) del Instituto de Investigaciones Biomédicas por el financiamiento del proyecto y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca de posgrado otorgada.

Bibliografía.

Banin E., Hughes D. y Kuipers O. P. (2017). Bacterial pathogens, antibiotics and antibiotic resistance. *FEMS Microbiol. Rev*. 41(3): 450-452.

Dinesh R., Srinivasan V., TE S., Anandaraj M. y Srambikkal H. (2017). Endophytic actinobacteria: diversity, secondary metabolism and mechanisms to unsilence biosynthetic gene clusters. *Crit. Rev. Microbiol.* 43(5): 546-566.

Repka L. M., Chekan J. R., Nair S. K., Van Der Donk W. A. (2017). Mechanistic understanding of lanthipeptide biosynthetic enzymes. *Chem. Rev.* 117(8): 5457-5520.

Ongey E. L., Neubauer P. (2016). Lanthipeptides: chemical synthesis versus in vivo biosynthesis as tools for pharmaceutical production. *Microb. Cell Fact*. 15(1): 1-16.

PRODUCCIÓN DE FENILETANOIDES GLUCOSILADOS A PARTIR DE RAíCES *in vitro* DE *Tecoma Stans*

Ariana A Huerta-Heredia [1,2], Edgar García-López [1,2], Jacqueline Capataz-Tafur[2], Daniel de J. Cisneros-Ríos[3], David Paniagua-Vega[4]. [1]Cátedras CONACyT-UNPA, [2]Instituto de Biotecnología, [3]División de Estudios de Posgrado. Universidad del Papaloapan. Av. Circuito Central No. 200 Col. Parque Industrial, CP. 68301, Tuxtepec, Oaxaca, México. [4]CONACyT-UANL. Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Medicina, Departamento de Química Analítica, Nuevo León, México. CP. 64460.
*aahuertahe@conacyt.mx

Palabras clave: Verbascósido, isoverbascósido, cultivo de raíces

Introducción. *Tecoma stans* es un árbol pequeño que también es conocido como "tronadora o saúco amarillo", se encuentra ampliamente distribuido a lo largo y ancho de nuestro país. En la medicina tradicional mexicana la raíz, tallo, hoja y flor son utilizados para el tratamiento de diversas enfermedades y su actividad biológica ha sido atribuida principalmente a la acumulación de alcaloides y fenólicos. El objetivo de este trabajo fue establecer el cultivo *in vitro* de raíces de *T. Stans* y evaluar la acumulación de compuestos fenólicos.

Metodología. El cultivo *in vitro* de raíces de *T. stans* en medio líquido se estableció a partir de raíces germinadas en medio MS (Murashige y Skoog., 1962). Después fueron transferidas a matraces Erlenmeyer con medio MS, suplementado con 3% (p/v) de sacarosa y 0.1 mgmL^{-1} de IBA. Las raíces se mantuvieron a condiciones de agitación y temperatura constantes con un fotoperiodo de 16h/8h (luz/oscuridad). Se realizó una cinética de crecimiento durante la cuál se cuantificó biomasa, conductividad y acumulación de fenólicos. Los compuestos fenólicos se extrajeron utilizando la metodología descrita por López y colaboradores en el 2009. La identificación y cuantificación de los compuestos fenólicos se realizó de acuerdo a la metodología descrita por Gupta et al. (2012).

Resultados. La biomasa máxima alcanzada fue de 7.08 gpsL^{-1} a los 40d (Fig. 1A). La velocidad de crecimiento de las raíces fue de 1.48 d^{-1}, con un tiempo de duplicación de 14 d. Además, se midió la conductividad eléctrica del medio de cultivo a lo largo de la cinética (Fig. 1B) y se encontró que existe una relación entre el incremento de biomasa y el decremento de la conductividad eléctrica (ΔBiomasa= 0.866Dec CE + 0.19, R^2=0.95). Se realizó la cuantificación de verbascósido e isoverbascósido durante la cinética de crecimiento, la máxima acumulación fue a los 20d de crecimiento. Alcanzando un máximo de 4.65mg/gps de verbascósido y 2.87 mg/gps de isoverbascósico (Fig 2).

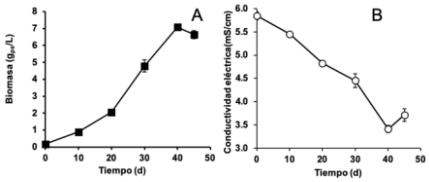


Fig. 1. Cinética de crecimiento de raíces de *Tecoma stans* con 0.1 mgL^{-1} de IBA durante 45 días. A) Biomasa y B) conductividad eléctrica del medio.

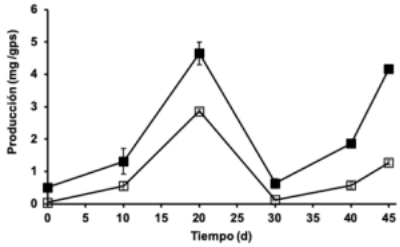


Fig. 2. Cinética de producción de verbascosido (cuadro relleno) e isoverbascosido (cuadro blanco) durante 45d.

Conclusiones. El cultivo de raíces en medio líquido de *T. stans* presume ser un sistema alternativo para la producción de feniletanoides glucosilados como lo son el verbascósido e isoverbascósido, los cuales presentan actividad biológica. Además, conocer la relación de conductividad y biomasa, nos permitirá hacer estudios en biorreactor.

Agradecimiento. Al Proyecto de Cátedra CONACyT (183958) "3212 Estudio integral de plantas medicinales para la producción y estandarización de fitoextractos".

Bibliografía.

López-Laredo, A. R., Ramírez-Flores, F. D., Sepúlveda-Jiménez, G., Trejo-Tapia, G. (2009). *In vitro Cellular and Developmental Biology – Plant.* 45(5): 550–558.
M Gupta, Saumyakanti S, Sohini M, Arup (2012). *IJPPR*. 4(3): 162- 167.

ESTABLECIMIENTO DE CULTIVOS EN SUSPENSIÓN DE *Daucus carota* PARA EL DESARROLLO DE VACUNAS CONTRA POLIOVIRUS

Mónica Morales Aguilar[1]; María Luisa Villarreal[1]; Sergio Rosales-Mendoza [2]; Anabel Ortiz-Caltempa[1]; Omayra Citlalli Bolaños-Martínez[2]. [1]Laboratorio de investigación en plantas medicinales, Centro de Investigación en Biotecnología (CEIB- UAEM); [2]Centro de Investigación en Biomedicina y Salud (CICSaB-UASLP); Cuernavaca, Morelos. 62209. moraaguifcb@gmail,com

Palabras clave: Poliomielitis, vacunas orales, cultivo in vitro de vegetales

Introducción. El poliovirus es uno de los agentes infecciosos en vías de erradicación a nivel mundial, actualmente Afganistán y Pakistán son los únicos países en donde el virus se mantiene endémico[1]; sin embargo, se considera que mientras haya un solo niño infectado, los niños de todos los países corren el riesgo de contraer la poliomielitis[2]. La OMS recomienda mantener elevados los niveles de cobertura de vacunación sistemática, así como buscar nuevas alternativas de vacunación efectiva y accesible para combatir infecciones provocadas por poliovirus. En los últimos años se han desarrollado técnicas para el aprovechamiento de cultivos vegetales con capacidad de producir vacunas a través de proteínas recombinantes [3,4]. Se reportó la transformación genética de *Daucus carota*, mediante co-cultivo con *Agrobacterium tumefaciens* utilizando el vector de expresión binario, donde se clonó el gen VP2[5].

El objetivo del presente trabajo es establecer cultivos *in vitro* de callos y células en suspensión de *Daucus carota*, con la capacidad de incrementar la producción de la proteína VP2, relevante para la inducción de respuesta inmune contra poliovirus.

Metodología. Los callos de la línea C1 y WT de *Daucus carota*, se cultivaron en medio MS y B5 sólido suplementado con 30 g/L de sacarosa, urea y 2,4-D y cinetina [2mg/L], Ph a 25°C. condición de luz constante, fotoperiodo (16hrs/8hrs) y oscuridad por 30 días. Se analizó las mejores condiciones de crecimiento para generar cultivos celulares en suspensión (Línea S1) siendo las siguientes: Medio B5 suplementado con 2,4-D y cinetina [2mg/L] y urea, inóculo de 10%, agitación de 120 rpm, luz constante (24µmol/m^2/s), a 25°C. Finalmente se realizó una cinética de crecimiento de células en suspensión de la línea S1, para obtener la mayor producción de biomasa y de la proteína VP2.

Resultados. Las mejores condiciones de crecimiento para callos de la línea C1 se observaron en los tratamientos de medio B5 y MS adicionados con fitorreguladores 2,4-D y cinetina (2mg/L, respectivamente) y con urea.

Durante la cinética de crecimiento de células en suspensión de la línea S1 el valor máximo de biomasa fue de 16.07gL^{-1} PS, lo que representa un aumento de 5.32 veces el tamaño del inóculo inicial, con una viabilidad del 96%.La inmunodetección determinada por Dot-blot confirmó la expresión de VP2 durante la cinética de crecimiento (**Figura 1**). Los datos obtenidos mediante ELISA indirecta revelaron diferencias significativas entre los valores de absorbancia emitidos por los extractos de la línea WT y la línea S1. Se observó que la expresión y producción de la proteína VP2 (línea S1) está relacionada con el crecimiento celular, debido a que VP2 fue incrementado conforme la biomasa aumentó (Figura 2).

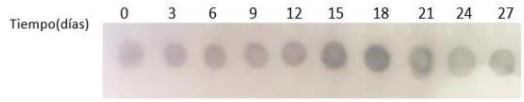


Figura 1. Inmunodetección de VP2 por Dot blot. Señal positiva detectada durante los 30 días de la cinética.

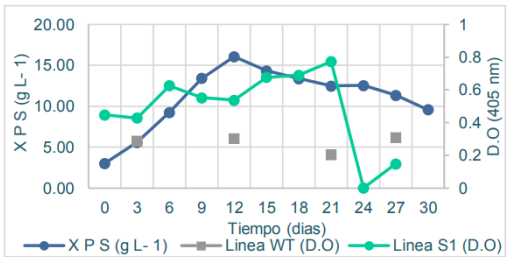


Fig. 2. Concentración celular (XPS) y expresión de proteína VP2 (D.O) en suspensión de la línea S1 de *D. carota* en matraz agitado de 250 ml.

Conclusiones. Se estableció por primera vez un cultivo de células en suspensión *in vitro* de *Daucus carota* transformado genéticamente que expresa la proteína VP2 del poliovirus (línea S1).

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y tecnología (CONACyT) por la beca otorgada a Mónica Morales Aguilar para realizar estudios de maestría (beca No 966345).

Bibliografía

Global Polio Erradication Iniciative, (2019). http://polioerradication.org World Health Organization. (2019). Poliomyelitis. https://www.who.int/es/newsroom/factsheets/detail/p oliomyelitis. Fischer R, Twyman RM, Schillberg S. (2003). Production of antibodies in plants and their use for global health. *Vaccine,* 21:820-825. https://doi.org/10.1016/s0264-410x(02)00607-2

Rosales-Mendoza, S., Nieto-Gómez, R., (2018). Green therapeutic Biocapsules: using plant Cells to orally deliver biopharmaceuticals. *Trends Biotecnol*. 36(10),1054-1067. https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2018.05.010

Bolaños-Martinez O.C., Govea-Alonso D., Cervantes-Torres J.,Hernández M., Fragoso G., Sciutto-Conde E.,Rosales-Mendoza S., (2020). Expression of immunogenic poliovirus Sabin type 1 VP proteins in transgenic tobacco, *Journal of Biotechnology,* Volume 322,10-20,ISSN 0168-1656. https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2020.07.007

OPTIMIZACIÓN DEL BIOENSAYO DE XANTINA OXIDASA

Julio Cesar Coronado Sánchez, Graciela Granados Guzmán, Noemí Waksman Minsky, Ricardo Salazar Aranda.
Departamento de Química Analítica, Facultad de Medicina, UANL. Monterrey, N. L. C.P. 64460. México.
ricardo.salazarar@uanl.edu.mx

Palabras clave: Optimización, Xantina oxidasa, Simplex Múltiple Descarte

Introducción. La xantina oxidasa es la enzima que se encarga de oxidar a la hipoxantina a xantina, y luego a ácido úrico, por lo que ha sido descrita como una de las principales fuentes citoplasmáticas de O_2 y del H_2O_2, jugando un importante papel en la regulación del estado redox celular, en la contribución al estrés oxidativo crónico y a la inflamación (1). Por la importancia de este blanco terapéutico se han descrito varios métodos para evaluar su actividad de forma directa e indirecta, a través de ensayos acoplados. Debido a la variedad de métodos existentes y las condiciones diferentes, es necesario optimizar las condiciones para obtener un método que sea homogéneo en todas las condiciones.

El objetivo del trabajo fue aplicar un diseño de experimentos para optimizar el método de xantina oxidasa.

Metodología. Se realizó una búsqueda bibliográfica de condiciones para cada variable, así como su acoplamiento a microescala. Se aplicó el diseño de experimentos Factorial Fraccionado usando el software MODDE PRO. A partir de los resultados de absorbancia se seleccionaron las variables que influyen significativamente en la respuesta. Finalmente se aplicó el Método Simplex de Múltiple Descarte (MSMD) para optimizar las condiciones de las variables más influyentes (2).

Resultados. A partir de 10 artículos publicados, se establecieron el nivel alto y bajo para cada variable del método (Tabla 1). Las variables y concentraciones definidas se ingresaron en un diseño factorial fraccionado $2^{1/8}$ generando 260 experimentos. Con los resultados se obtuvo una gráfica de ajuste y otra gráfica de coeficientes (Figura 1). Todas las variables influyen en el resultado, por lo que su optimización se realizó utilizando un MSMD. Se realizaron hasta 16 experimentos siguiendo las reglas del MSMD (Tabla 2). Después del experimento 16 se descartaron todos los experimentos, excepto el 11 que permaneció como el mejor en las últimas 5 corridas.

Conclusiones. El diseño factorial fraccionado $2^{1/8}$ es significativo y válido. En el MSMD la mejor absorbancia se obtuvo con las condiciones del experimento 11 en un tiempo de 30 min.

Agradecimiento. Este trabajo se realizó con el apoyo de los Proyectos PAICyT CN1470-20 y CN1917-21.

Tabla 1. Concentraciones finales definidas para cada variable.

	Nivel alto	Nivel bajo
Uricasa	500 U/L	60 U/L
4-AMP	28 mM	0.48mM
EHSPT	20 mM	0.58mM
Buffer de fosfatos	100mM	20mM
pH amortiguador	7.8	6.5

	Nivel alto	Nivel bajo
Tiempo incubación	30 min	5 min
Xantina	197 µM	49 µM
Xantina oxidasa	1.5 U/L	0.37 U/L
Peroxidasa	1000 U/L	200 U/L
Ferrocianuro de potasio	50 µM	6 µM
Temperatura	37 °C	30 °C

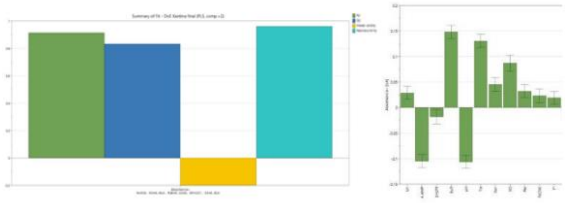


Fig. 1. a) Gráfica de ajuste b) Grafica de coeficientes.

Tabla 2. Experimentos del Método Simplex de Múltiple Descarte.

Exp	pH	4-AMP	EHSPT	Ferrocianuro	Peroxidasa	Uricasa	Buffer	Temperatura	Absorbancia
1	6.5	5	5	10	1000	50	50	30	0.764
2	6.5	5	5	50	500	50	100	37	1.223
3	6.5	5	25	10	500	112.5	50	37	1.003
4	6.5	5	25	50	1000	112.5	100	30	1.084
5	6.5	25	5	10	500	112.5	100	37	1.178
6	6.5	25	5	50	1000	112.5	50	30	1.001
7	6.5	25	25	10	1000	50	100	30	0.706
8	6.5	25	25	50	500	50	50	37	1.048
9	7.8	5	5	10	500	112.5	100	30	0.703
10	5.2	25	25	63.3	833.3	70.8	50	39.3	0.315
11	**6.5**	**5**	**5**	**63.3**	**333.3**	**133.3**	**50**	**39.3**	**1.485**
12	6.5	25	25	63.3	333.3	133.3	100	39.3	1.259
13	7.8	5	5	23.3	333.3	133.3	100	32.3	0.305
14	6.8	0	25	30	0	96.9	112.5	42.3	0.000
15	5.3	18.8	30	58.3	583.3	66.9	65.6	42.4	0.802
16	5.9	28.4	11.3	58.8	1062.5	95.9	41.4	32.5	0.733

Bibliografía

Ferrier, D.; Harvey R. (2011). Metabolismo del Nitrógeno. En: *Bioquímica*, Ed. Wolters Kluwer, España. 299.
Granados, G.; Castro, R.; Waksman, N. Salazar, R. (2014) JPPR, (2):1-13.

ACTIVIDAD HIPOGLUCEMIANTE Y PACREOPROTECTORA DEL EXTRACTO HIDROETANÓLICO DE HOJAS DE *Cucurbita pepo* EN RATONES DIABETIZADOS

Dr. Nahim Salgado Medrano [1,2]; Dra. María Luisa Villarreal Ortega[2]; Dr. Alexandre T. Cardoso Taketa[2]; Biol. Patricia Escobar Castañeda[1]; Karina Vianey Díaz Villeda[1]. [1]Laboratorio de Histología y Biología del desarrollo. Facultad de Ciencias Biológicas. UAEM. [2]Laboratorio de Investigación de Plantas Medicinales. Centro de investigación en Biotecnología. UAEM Cuernavaca, Morelos. C.P. 62209.
karina.diazv@uaem.edu.mx

Palabras clave: Hipoglucemiante, pancreoprotector, diabetes mellitus, Cucurbita pepo

Introducción. La diabetes mellitus (DM) es una de las enfermedades de mayor afectación en México y el mundo, y los residuos de plantas comestibles, parecen ser la alternativa más prometedora para la obtención de tratamientos efectivos, accesibles y sostenibles en tiempos del cambio climático. La especie vegetal *Cucurbita pepo* (*C. pepo*) ha demostrado poseer actividad antidiabética atribuida a pectinas presentes en las paredes celulares, polisacáridos como el α-(1→ 6)- glucano y α-(1→ 4)-galactano localizados en frutos, y de α, β, y γ tocoferoles visualizados en las semillas. Sin embargo, las partes aéreas de la planta parecen ser estructuras con alto potencial antidiabético de acuerdo con los reportes existentes sobre sus constituyentes (esteroides, saponinas, proteínas, glucósidos cardiotónicos, flavonoides y terpenoides) **(1)**.

Metodología. La actividad hipoglucemiante del extracto hidroetanólico de hojas de *C. pepo* fue determinada utilizando tres grupos de ratones hiperglucémicos (6n) (tratados con 300 mg•Kg^{-1} de extracto hidroetanólico de las hojas de *C. pepo*, 500 µg•Kg^{-1} de glibenclamida y 0.4 ml de Solución salina al 0.9% (vehículo), respectivamente) y un grupo de ratones normoglucémico (6n) **(2)**, a partir de los cuales los niveles de glucosa en sangre se monitorearon cada 7 días durante los 21 días del tratamiento. Por otro lado,la selección de páncreas al azar de cada uno de los grupos de ratones eutanizados permitió visualizar la acción pancreoprotectora de las hojas de la planta, mediante la observación de islotes pancreáticos íntegros y desintegrados por microscopía óptica a 40X y 100X utilizando la tinción de hematoxilina-eosina (H&E).En este sentido, todos los resultados obtenidos fueron expresados como medias ± SEM (media del error estándar) y la diferencia significativa de las medias fue analizada mediante el uso de ANOVA del programa estadístico Jamovi 1.6.23.0-macos.dmg.

Resultados. El extracto de *Cucurbita pepo* mostró actividad hipoglucemiante al día 21 del tratamiento (122.5±36.65 mg/dL), sin mostrar diferencia significativa (P<0.05) con el grupo normoglucémico (89.33±14.34 mg/dL) y el grupo tratado con glibenclamida *(*179.5±88.31 mg/dL*) (**Fig. 1**).* Por otro lado, la pancreoprotección del extracto hidroetanólico de hojas de *C. pepo* (60%), también se hizo visible al ser comparada con el grupo normoglucémico y los grupos hiperglucémicos utilizados. (**Fig. 2**).

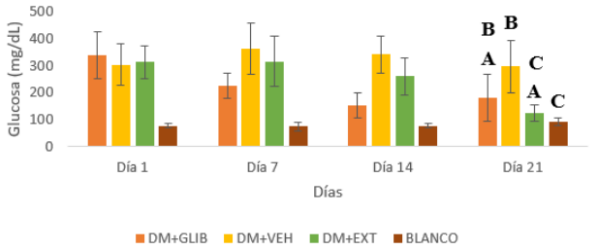


Fig. 1. Medición de glucosa durante la administración de los tratamientos

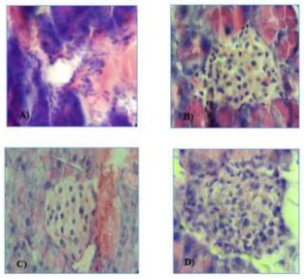


Fig. 2. Actividad pancreoprotectora del extracto HE de CP: A) DM+vehículo; B) DM+CP; C) sano; D) DM+glibenclamida.

Conclusiones. Se demostró por primera vez la actividad hipoglucemiante de las hojas de C. pepo y el efecto pancreoprotector de las mismas, con una efectividad superior a la del fármaco glibenclamida en ratones diabéticos.

Bibliografía.

Adnan, M., Gul, S., Batool, S., Fatima, B., Rehman, A., Yaqoob, S. & Aziz, M. A. (2017). A review on the ethnobotany, phytochemistry, pharmacology and nutritional composition of Cucurbita pepo L. *The Journal of Phytopharmacology*, *6*(2), 133- 139.

Rodrigues, B., Poucheret, P., Battell, M. L., & McNeill, J. H. (2018). Streptozotocin-induced diabetes: induction, mechanism (s), and dose dependency. In *Experimental models of diabetes* (pp. 3-17). Routledge.

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE UNA POLICÉTIDO SINTASA PARA EL DESCUBRIMIENTO DE UN METABOLITO CON POSIBLE ACTIVIDAD ANTITUMORAL

María Luisa Casanova, Saraí Bata, Sergio Sánchez, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, C.P 04510, luisacasanova94@gmail.com.

Palabras clave: Minería genómica, policétidos, antitumoral

Introducción. Mundialmente el cáncer es una de las causas principales de muerte y en su tratamiento se utilizan agentes citotóxicos para reducir el desarrollo y progresión de los tumores (1). Los productos naturales de origen microbiano son una alternativa para el descubrimiento de fármacos antitumorales novedosos. Las actinobacterias producen cerca del 45% de los metabolitos secundarios (MS) bioactivos descritos actualmente (2). De entre estos, los policétidos (PC) se han distinguido por su gran variedad de efectos terapéuticos. Esto ha motivado su evaluación sostenida como alternativas para el tratamiento de diversas enfermedades como el cáncer.

La síntesis de policétidos se lleva a cabo por enzimas multifuncionales llamadas policétido sintasas (PKS) (3).

Objetivo. Identificar un clúster biosintético potencialmente asociado a la producción de un policétido antitumoral en un actinomiceto endófito

Metodología. Analizar los genomas de *Embleya* sp.NF3,*Streptomyces* sp. L06 y *Actinoplanes* sp. TFC3 en antiSMASH v. 6.0 (4). Identificar los clústeres relacionados con PKS. Realizar alineamientos múltiples para determinar la posible funcionalidad de la PKS. Predecir la estructura putativa del PC por SeMPI 2.0 (5).

Resultados. Los resultados de la minería genómica parala búsqueda de PKS del tipo I, II y III mostraron que *Embleya* sp. NF3 tiene 6 BGC, *Actinoplanes* sp. TFC3 tiene 4 y *Streptomyces* sp. L06 cuenta solo con uno. Resalta la novedad de las PKS identificadas en *Embleya* sp. NF3, en particular la región identificada como 1.4 correspondiente a una PKS modular del tipo I (Fig 1). Cada módulo de la PKS consiste de una aciltransferasa (AT), la cetosintasa (KS) y la proteína acil-acarreadora (ACP), indispensables para el alargamiento del policétido.Finalmente, un dominio de tioesterasa (TE), cataliza la terminación de la biosíntesis del PC. Existen dominios adicionales como cetoreductasa (KR), deshidratasa (DH)y enoilreductasa (ER).



Fig. 1. Dominios presentes en los módulos de la PKS Tipo I dela región 1.4, consta de cuatro genes.

Se identificaron los aminoácidos catalíticos en todos los dominios y módulos, sugiriendo que todos son activos y participan en el proceso de biosíntesis del PC. La estructura putativa se puede predecir por los motivos GHSQG y YASH presentes en AT ya que indican la preferencia por el sustrato, el número de módulos que conforman la PKS y la presencia de dominios adicionales que suelen ser los causantes de la diversidad en laestructura química del PC (3).

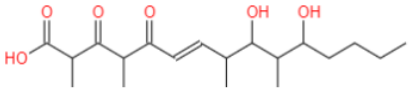


Fig. 2. Estructura química prevista por SeMPI 2.0 para la región 1.4.

Finalmente, plataformas como PASS Online (6) permitenpredecir la actividad putativa del compuesto basándose únicamente en la estructura química. Se encontró que laestructura del PC tiene una probabilidad del 83.7% de tener actividad biológica activa como antineoplásico. Unaextensión de este programa, CLC-Pred, permitió predecirque el compuesto tiene 89% de actividad en una línea celular de cáncer de mama.

Conclusiones. Se seleccionó la región 1.4 del genoma de *Embleya* sp. NF3 como posible candidato para la producción de un compuesto con actividad antitumoral. Elanálisis bioinformático de cada uno de los módulos del BGC sugieren que su funcionalidad no se vería comprometida. La estructura química prevista por herramientas bioinformáticas indica que probablemente tenga la actividad biológica buscada.

Agradecimiento. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la beca 776537 y grant AS1-9143. Al programa NUATEI y a DGAPA, PAPIIT IN-205519.

Bibliografía.

Guimarães T.C. et al. (2020) Antitumor microbial products by Actinomycetes isolated from different environments. En: *Microbial Technology for Health and Environment.* Arora P. Springer, Singapore. Pp. 113-160.

Salwan, R., & Sharma, V. (2020). *Microbiological Res*., 231, 126374

Singh, A., Chaudhary, S., Shankar, A., & Prasad, V. (2018). Polyketide and its derivatives. En *New and Future Developments in Microbial Biotechnology and Bioengineering: Microbial GenesBiochemistry and Applications*. Vijai G. Elsevier, Amsterdam. 219-227.

Blin, K., Shaw, S., Kloosterman, A. M., Charlop-Powers, Z., van Wezel, G. P., Medema, M. H., & Weber, T. (2021). *Nucleic Acids Res.*, *49*, W29–W35.

Zierep, P., Ceci, A., Dobrusin, I., Rockwell-Kollmann, S., Günther, S. (2021). *Metabolites*, 11(1), 13.

Filimonov D, Lagunin A., Gloriozova T., Rudik A., Druzhilovskii D., Pogodin P., Poroikov V. (2014). *Chemistry of Heterocyclic Compounds*, 50(3), 444-457.

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN CLÚSTER INÉDITO ASOCIADO A LAPRODUCCIÓN DE UN LANTIPÉPTIDO EN UN ACTINOMICETO ENDÓFITO

Carlos Adrián García Ausencio & Sergio Sánchez, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, 04510.
adrián28471@gmail.com

Palabras clave: Clúster biosintético, antimicrobianos, lantipéptidos

Introducción. La resistencia bacteriana los antibióticos es un problema de salud pública que se ha ido acrecentando en los últimos años. En contraparte, la investigación y desarrollo de nuevos antimicrobianos ha ido disminuyendo. Los lantipéptidos son compuestos producidos por diversos grupos microbianos que se han caracterizado por su actividad antibacteriana y su potencial uso en ambientes clínicos (1). Deben su nombre a la presencia de estructuras denominadas lantioninas y 3-metil lantioninas en su estructura péptídica, resultado de dos procesos postraduccionales característicos: deshidratación en los aminoácidos serina (S) y treonina (T), que genera los residuos modificados dehidroalanina (Dha) y dehidrobutirina (Dhb), respectivamente, y una posterior ciclación junto con el grupo tiol de los residuos de cisteína (C). Estas modificaciones se realizan sobre el péptido precursor denominado genéricamente como LanA, compuesto a su vez por un segmento de péptido líder (PL), encargado de dirigir el proceso biosintético y por un segmento *core*, donde se ubican los residuos modificados (2). De acuerdo con la maquinaria biosintética necesaria para generar el lantipéptido maduro, se suele dividir a estos compuestos en cuatro clases. En lo que respecta a los lantipéptidos de clase II, las modificaciones son realizadas por la enzima bifuncional LanM (3).

En este trabajo se plantea la búsqueda de un clúster biosintético (BGC) involucrado en la producción de un lantipéptido novedoso en el genoma de la actinobacteria endófita *Embleya* sp. NF3 aislada de la planta *Amphipterygium adstringes*.

Metodología. Utilizando el programa bioinformático AntiSMASH 5.1 se realizará la búsqueda de un BGC asociado a un lantipéptido en el genoma *Embleya* sp. NF3.

Resultados. Se predijeron seis clústeres putativos para lantipéptidos en el genoma de *Embleya* sp. NF3. Se prestó interés en el clúster 3 que putativamente produce un lantipéptido de clase II.

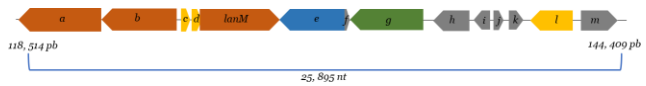


Fig. 1. Clúster biosintético putativo para un lantipéptido de clase II ubicado en el genoma de *Embleya* sp. NF3.

En el BGC se identificó a la enzima biosintética putativa LanM (*lanM*), y al péptido precursor LanA (gen *d*). En la secuencia de aminoácidos del LanA putativo se observó el sitio de doble glicina (GG/GS/GA) previo al sitio de corte del PL, encontrado comúnmente en la familia de lantipéptidos clase II (4). Se ubicaron cuatro residuos de S y cuatro residuos de T, potencialmente modificables en la secuencia.



Fig. 2. Secuencia del putativo propéptido LanA identificado en el clúster 3 de *Embleya* sp. NF3.

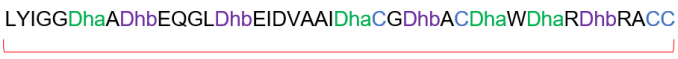


Fig. 3. Secuencia del propéptido LanA con las modificaciones postraduccionales putativas. Dha: dehidroalanina, Dhb: Dehidrobutirina.

Los genes a y b corresponden a sintetasas de péptidos no ribosomales (NRPS); el gen *e* corresponde a un transportador del tipo ABC donde no se detectó un dominio de proteasa encargado de escindir al péptido líder, por lo que es posible que este proceso se lleve a cabo por otro tipo de sistema de corte. El gen *g* se identificó como un regulador de respuesta de la familia LuxR, probablemente encargado de la regulación de la producción o inmunidad al lantipéptido. Al gen *l* se le agrupó como parte de la familia de los CYP450. El gen *h* se identificó como una quitosana. Por último, a los genes *c, f, i, j, k* y *m* no se les asignó alguna función putativa.

Conclusiones. Se identificó un clúster biosintético putativo novedoso involucrado en la producción de un lantipéptido clase II en el genoma de *Embleya* sp. NF3.

Agradecimiento. Agradezco al CONACyT por la beca de maestría para la realización de este proyecto y al programa NUATEI del Instituto de Investigaciones Biomédicas por el apoyo al proyecto de investigación.

Bibliografía.

Ríos, *et al*. (2016). *Microbiol Res*. 191: 51-80.
Van der Donk, W. & Nair, S. (2014). *Curr Opin Struct Biol.* 29: 58- 66.
Basi-Chipalu, S. (2016). *J. Sci. Technol.* 21(1): 119-128.
Chatterjee, C., Paul, M., Xie, L. & Van der Donk (2005). *Chem Rev*. 105(2): 633-684.

ENSAYO *IN SILICO* DE DOCKING MOLECULAR EN LA EVALUACIÓN DE UNA SAPONINA ESTEROIDAL AISLADA DE *SOLANUM SISYMBRIIFOLIUM LAM*. (ÑUATĨ PYTÃ) COMO POTENCIAL INHIBIDOR DE LIPASA PANCREÁTICA HUMANA Y PORCINA

Daniel Marecos, Marcelo López, Fátima Yubero, Universidad Nacional de Asunción - Departamento de Fisicoquímica de la Facultad de Ciencias Químicas, San Lorenzo 111421.
jorgemarecos0@gmail.com

Palabras clave: Lipasa Pancreática, in sílico, Docking Molecular

Introducción. Una estrategia terapéutica válida para el tratamiento de la obesidad es la inhibición de la Lipasa Pancreática (LP). El orlistat es el único fármaco aprobado por la FDA como inhibidor de LP en el tratamiento de la obesidad, pero debido a sus efectos secundarios (esteatorrea, nefrotoxicidad y otros) hoy se buscan alternativas de igual o mejor efectividad (1). Estudios previos reportan actividad inhibitoria de diversas saponinas sobre LP (2). *Solanum sisymbriifolium Lam.*, es una planta medicinal conocida en Paraguay por su nombre guaraní como ***Ñuatĩ pytã***, de cuyas raíces se ha aislado una saponina esteroidal, denominada ñuatigenósido, con actividad antihipertensiva demostrada *in vivo* y de actividad inhibitoria sobre LP aún desconocida (3).

El objetivo de este trabajo fue evaluar por la técnica de docking molecular la interacción entre los ligandos de ñuatigenósido y ñuatigenina sobre LP humana (LPH) y porcina (LPP) como potenciales inhibidores de estas lipasas.

Metodología. Fueron realizados docking ciegos, empleando como ligandos ñuatigenina y orlistat descargados desde la base de datos PubChem y el ñuatigenósido modelado con el software Avogadro. Las estructuras cristalizadas 3D de LPH y LPP fueron descargadas desde la base de datos Protein Data Bank (PDB) cuyos ID son 1LPB y 1ETH respectivamente (4). Los resultados de docking molecular fueron expresados en función a los siguientes parámetros; energía libre de unión (ΔG°), desviación cuadrática media (RMSD), constante de disociación (Kd), y eficiencia de ligando (EL) (5). Los parámetros de docking molecular para las interacciones ligando-lipasas se compararon con los obtenidos para el orlistat.

Resultados. En la figura 1 se muestra el resultado de docking molecular del ñuatigenósido con LPH, cuyo acoplamiento fue el más favorable entre los ensayados.

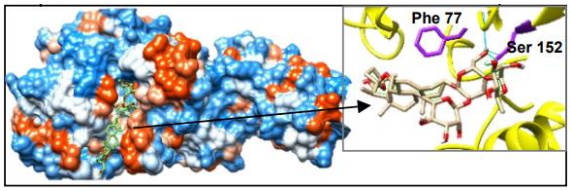


Fig. 1. Ñuatigenósido acoplado a LPH (ΔG°= -10.0 kcal.mol^{-1}).

De acuerdo con los parámetros de RMSD de la Tabla 1, se encontraron 2 sitios probables de unión para los ligandos, uno en el sitio activo de las lipasas (RMSD = 0) y otro en la región C-terminal (RMSD ≠ 0). Si bien los valores Kd indican una mayor interacción de los ligandos con las lipasas con relación al orlistat, nótese que los valores de EL fueron menores en el caso del ñuatigenósido. Para la ñuatigenina los valores de EL fueron mayores, lo que indica una mejor interacción de la sapogenina con ambas lipasas.

Tabla 1. Resultados del docking molecular ensayados para cada una de las Lipasas con los respectivos ligandos.

Lipasas (ID-PDB)	Ligandos	ΔG°/ kcal.mol^{-1}	RMSD	Kd/ 10^{-6}	EL/ kcal.mol^{-1}
LPH (1LPB)	Orlistat	-7.2	0.0	5.29	0.206
	Ñuatigenósido (saponina)	-10.0	0.0	0.05	0.161
		-9.4	30.4	0.13	0.152
	Ñuatigenina (sapogenina)	-8.0	0.0	1.37	0.258
		-8.1	34.8	1.16	0.261
LPP (1ETH)	Orlistat	-7.6	0.0	2.69	0.217
	Ñuatigenósido (saponina)	-9.2	0.0	0.18	0.148
		-9.3	34.5	0.15	0.150
	Ñuatigenina (sapogenina)	-8.0	0.0	1.37	0.258
		-7.6	30.7	2.69	0.245

Conclusiones. De acuerdo con los resultados obtenidos el ñuatigenósido y la ñuatigenina, saponina y sapogenina respectivamente, podrían ser potenciales inhibidores de LPH y LPP.

Agradecimiento. Agradecemos a los desarrolladores de los softwares libres: Autodock Vina (The Scripps Research Institute), UCSF Chimera y Avogadro 1.2.0.

Bibliografía

Kumar A., Chauhan S. (2021). *Life Sciences*. vol (271): 119115 https://doi.org/10.1016/j.lfs.2021.119115

Marrelli M., Conforti F., Araniti F., Statti G. (2016). *Molecules*. vol (21): 1404 https://doi.org/10.3390/molecules21101404

Ibarrola D.A. et al. (2011). *Phytomedicne*. vol (18): 634-640. https://doi.org/10.1016/j.phymed.2011.01.012

Wiyaya M., Subandi S. (2020). *IOP Conf. Ser.: Mater. Sci. Eng*. vol (833): 012053 https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1757-899X/833/1/012053/pdf

Macleod-Carey D., Solis-Céspedes E., Lamazares E., Mena-Ulecia K. (2020). *Saudi Pharmaceutical Journal*. vol (28): 582-592. https://doi.org/10.1016/j.jsps.2020.03.010

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE *Fusarium sp.* PRODUCTORAS DE PIGMENTOS Y COMPROBACIÓN DE SU EFECTO SOBRE EL CRECIMIENTO DE OTROSHONGOS

Ingrid Monserrat Gallegos Olmos, Juan Francisco Sánchez López y María Celina Luna Ríos. Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Guanajuato. Silao, 36275.
francisco999@hotmail.com

Palabras clave: Fusarium, pigmentos, actividad antifúngica

Introducción. El género *Fusarium* puede producir diversos metabolitos secundarios como pigmentos. Se ha encontrado que los pigmentos tienen actividad antifúngica, anticancerígena y antibacteriana. Por lo general, los pigmentos se derivan de las rutas biosintéticas de los policétidos (López et al., 2011; Kwon et al., 2007). En el presente trabajo se aislaron cepas de *F. solani* y *F. oxysporum*, a partir de jales mineros de Guanajuato, Gto., las cuales presentaron actividad antifúngica y pigmentación.

Metodología. *Aislamiento e identificación*. Las muestras analizadas se obtuvieron de dos jales mineros del municipio de Gto.: Monte de San Nicolás (SN) y Campo Nieto Piña (NP). Las muestras de jal fueron sembradas en medio sólido YPG pH 4.5 con AgNO3 1 mM, seleccionando a aquellas colonias que produjeran pigmentos sobre el medio. De las colonias aisladas se identificó la morfología colonial y celular, así como se realizó su identificación molecular mediante PCR con el gen ribosomal 5.8S. *Análisis del efecto antifúngico.* Se tomaron sobrenadantes de cultivos de las cepas aisladas y se probó su efecto antifúngico sobre los organismos modelo *Penicillium chrysogenum* y *Saccharomyces cerevisiae*.

Resultados. Se aislaron cuatro cepas con la morfología característica de especies de *Fusarium* (NP1, NP1a,NP2 y SN4). Las cepas NP1 y NP1a y SN4 presentaron un 98.53%, 98.71% y un 96.99%de similitud con *F. solani*, mientras que la cepa NP2 presentó un 83.52% de similitud con *F. solani*, y un 99.61% de similitud con *F. oxysporum* (figura 1). En la figura 2, se observa el efecto de los sobrenadantes provenientes de las cuatro cepas de *Fusarium* analizadas. Las cepas NP1, NP1a y SN4, no presentaron efecto sobre el crecimiento de *S. cerevisiae*, mientras que sobre el crecimiento de *P. chrysogenum* el efecto se observó en forma diferenciada: siendo de 0%, 30% y 76% para las cepas NP1a, NP1 y SN4, respectivamente. El sobrenadante de NP2 presentó un 52% y un 40% de estimulación sobre el crecimiento de *S. cerevisiae* y *P. chrysogenum*, respectivamente.

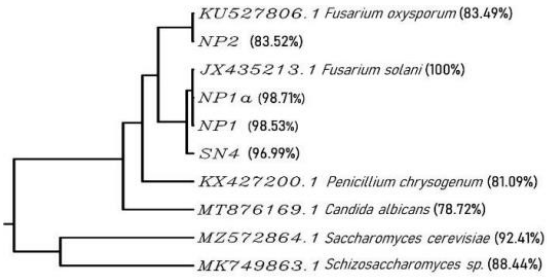


Fig. 1. Árbol filogenético de cepas de *Fusarium* aisladas de jales minero de Gto.

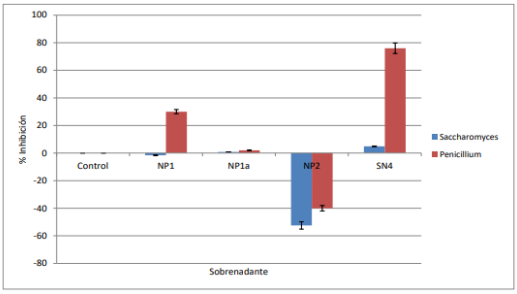


Fig. 2. Efecto de sobrenadantes de especies de *Fusarium* sobre el crecimientode hongos modelo.

Conclusiones. A partir de jales mineros se aislaron cepas de *Fusarium* productoras de pigmentos, en cuyos sobrenadantes se detectó un efecto diferenciado sobre el crecimiento de *S. cerevisiae* y *P. chrysogenum*.

Agradecimiento. Al Instituto Politécnico Nacional (SIP 20211282).

Bibliografía.

Kwon, H.R., Son, S.W., Han H.R., Choi, G.J.,Jang, K.S., Choi, Y.H., Sunog, L., Sung, N.D., & Kim,
J.C. (2007). *The Plant Pathology Journal.* 23 (4): 318-321.
López, I., Leyva, E., & García R.F. (2011). *RevistaMexicana de Ciencias Farmacéuticas.* 42: 6-17.

ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE DE SERUMS FACIALES Y ACEITES ESENCIALES

Rita Barreto González[1], Ma. de Lourdes Acosta-Urdapilleta[2], Elba Cristina Villegas Villarreal[3], [1]Maestría en Plantas Medicinales y Hongos, Centro de Investigación en Biotecnología, UAEM. [2]Laboratorio de Micología, Centro de Investigaciones Biológicas, UAEM. [3]Laboratorio de Estructura y Función de Proteínas, Centro de Investigación en Biotecnología. Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, Morelos 62209.
rita.barreto@uaem.mx

Palabras clave: Aceites esenciales, limón, romero, rosa

Introducción. Un antioxidante es una sustancia que retrasa significativamente o evita el daño celular provocado por los radicales libres (1). Existen una gran variedad de antioxidantes naturales entre ellos vitaminas, polisacáridos, fenoles y pigmentos. El oxígeno al reaccionar con los fenoles que se encuentran en las frutas produce quinonas, dañando la piel de la fruta, por que se liberan enzimas como polifenol oxidasa (PPO), que al actuar como catalizador acelera la reacción de oxidación (2). El uso de productos antioxidantes en la piel expuesta al medio ambiente tiene como objetivo evitar resequedad, hiperpigmentación, aparición de arrugas y protegerla de la oxidación. Para este fin se recomienda el uso de serums o sueros antioxidantes en vez de las cremas debido a que las moléculas presentes en la formulación del serum penetran más rápidamente en la dermis que las cremas, por lo tanto, sus efectos se aprecian a corto plazo. En este trabajo se elaboraron tres diferentes serums, el primero adicionando con aceite de romero, el segundo con un extracto acuoso antioxidante preparado con el cuerpo fructífero del hongo *Pycnoporus* sp., y el tercero sin antioxidantes, además con aceites esenciales de Rosas (A. Rosas), Romero (A. Romero) y Limón (A. limón).

El objetivo del trabajo fue evaluar la actividad antioxidante de los serums y los tres aceites esenciales Rosas, Romero y Limón.

Metodología. Las determinaciones de antioxidantes en el A. Romero y extracto acuoso de *Pycnoporus* sp., se realizaron por los métodos de DPPH y ABTS con un valor medio de 50.35 y 35.21 % de inhibición respectivamente (5). Estos valores fueron equiparados en cuanto contenido de antioxidantes para elaborar los serums y evaluarlos. En el ensayo de oxidación visual se utilizaron manzanas verdes Goldencita, los serums y aceites esenciales de rosas, limón y romero. Las manzanas fueron lavadas a chorro de agua, se cortaron por la mitad y se les aplicaron 2 mL de cada serum untando con un abatelenguas sobre la parte frontal de la superficie de cada manzana estéril. Los tratamientos investigados fueron: 1. Serum A. de Romero, 2. Serum Extracto acuoso de *Pycnoporus*, 3. Serum Control negativo 4. A. de Rosas, 5. A. de Romero, 6. A. de Limón, 7. Control negativo a 72 horas, 8. Control negativo a 0 horas. (Tabla 1). Para evitar contaminación por insectos se colocaron los tratamientos en un contenedor de malla que permitió el intercambio gaseoso.

Resultados. Se puede observar en la figura 1, que los tratamientos 1, 2, 3 y 4 presentaron actividad antioxidante hasta las 72 horas de exposición. Destacando el serum 3 sin adición de antioxidantes, que funciono como una película antioxidante, siendo un resultado muy interesante. Sin embargo, los tratamientos 5 y 6 correspondientes a A. de Romero y limón mostraron una ligera oxidación. El tratamiento a tiempo cero no presento oxidación en contraste con la muestra a las 72 horas que presento una abundante coloración café.

Tabla 1. Tratamientos evaluados.

Tratamiento	Tiempo de exposición horas	Volumen de muestra mL
1. Serum Aceite de Romero	72	2
2. Serum Extracto de *Pycnoporus*		
3. Serum Control negativo		
4. Aceite de Rosas		
5. Aceite de Romero		
6. Aceite de Limón		
7. Control negativo 7	72	0
8. Control negativo 8	0	0

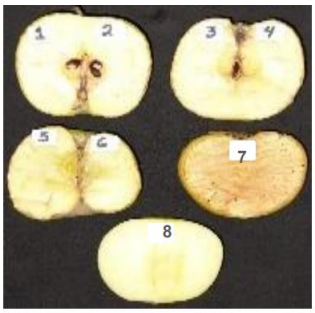


Figura. 1. Resultados de la evaluación antioxidante visual de los diferentes tratamientos.

Conclusiones. Los resultados visuales del efecto antioxidantes ejercidos sobre manzana muestran que los serums 1 y 2 inhibieron la oxidación. El serum 3 funciono como una película antioxidante. El tratamiento 4 con aceite de rosas fue el tratamiento que presento en exposición al ambiente mayor actividad antioxidante. Sin embargo, se requiere otro tipo de ensayo para evaluar los efectos en la piel facial.

Bibliografía.

Avello M., Suwalsky M. (2006). Radicales libres, antioxidantes naturales y mecanismos de protección. *Atenea* 494,161-172.

Sugumaran M, Lipke H (1983). «Quinone methide formation from 4-alkylcatechols: a novel reaction catalyzed by cuticular polyphenol oxidase». *FEBS Letters* 155 (1): 65-68.

Wojdylo A., Oszmiański J., Czemerys R. (2007). Antioxidant activity and phenolic compounds in 32 selected herbs. *Food Chemistry*; 105: 940–949.

Meza Velázquez, J.A.; Lozano de González, P.; Esparza Rivera, J. R.; Meza Velásquez, (2007) Inhibición del oscurecimiento enzimático y cambios texturales en manzana Golden delicious tratada con jugo de piña. *Revista Chapingo Serie Zonas Áridas,* vol. VI, núm. 1, pp. 1-7.

Barreto G. Rita, Acosta-Urdapilleta ML y Villegas Villarreal Elba. 2021. Evaluación de la actividad antioxidante de extractos acuososde *Pycnoporus*. 1ra. Reunión de estudiantes de la maestría en investigación y desarrollo de plantas meicinales, CEIB/UAEM Cuernavaca, Morelos, 29 y 30 de abril 2021.18.

SPHINGOMONAS SP. UNA BACTERIA ENDÓFITA DE *PIPER AURITUM*, PRODUCE INHIBIDORES DE LA FORMACIÓN DE PRODUCTOS FINALES DE GLICACIÓN AVANZADA

Lory Sthephany Rochín Hernández, Luis Bernardo Flores Cotera. Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, CDMX, CP.07360.
lfcotera@cinvestav.mx

Palabras clave: Endófitos, antiAGEs, ciclodipéptidos

Introducción. En la actualidad, existe una necesidad de encontrar nuevas alternativas de tratamiento para un gran número de enfermedades no transmisibles que amenazan la salud mundial. Entre estas enfermedades se encuentran la diabetes y sus complicaciones (nefropatías, retinopatías, cardiopatías, etc.), enfermedades neurodegenerativas (Alzheimer y Parkinson), diferentes tipos de cáncer y otras enfermedades propias del envejecimiento. Interesantemente, la patogénesis y progresión de dichas enfermedades se han relacionado con la formación y acumulación excesiva de productos finales de glicación avanzada (AGEs) y la interacción con sus receptores (RAGEs) (1). Los AGEs son compuestos heterogéneos cuya formación inicia con la glicación no enzimática de proteínas (reacción de Maillard). La acumulación y transformaciones subsecuentes de AGEs pueden provocar alteraciones en la función, conformación y tiempo de vida media de las proteínas, activar cascadas de señalización celular irregulares, provocar estrés oxidativo, entre otras cosas (2). Se ha propuesto que compuestos que inhiban la formación y acumulación de AGEs podrían representar una posible alternativa para el desarrollo de nuevos tratamientos para estas enfermedades.

Los microorganismos endófitos, en su mayoría, hongos y bacterias que colonizan los tejidos y órganos internos de las plantas sin causar daño aparente, representan una fuente potencial de compuestos bioactivos de interés ambiental, industrial y farmacéutico, entre ellos antidiabéticos, anticancerígenos, antioxidantes etc. (3). El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial de una bacteria endófita de *Piper auritum* como fuente de compuestos inhibidores de la formación de AGEs.

Metodología. La bacteria endófita (L3a-1) de *Piper auritum* aislada anteriormente en el grupo de trabajo (4) fue identificada a nivel de género por medio de la secuenciación del gen 16S rDNA. A partir de cultivos (48 h) en medio S-7 a 22°C se prepararon extractos de acetato de etilo. El extracto crudo fue fraccionado por cromatografía en placa preparativa (PLC) usando como fase móvil un sistema acetona/cloroformo/hexano (50:45:5). Posteriormente, las fracciones fueron recuperadas y sometidas a análisis de GC-MS y comparadas con la base de datos del NIST para la identificación putativa de sus compuestos. La actividad antiAGEs del extracto, fracciones y compuestos puros fue evaluada mediante el método BSA-glucosa (5) usando aminoguanidina (AG) como control positivo.

Resultados. La bacteria L3a-1 fue identificada como *Sphingomonas* sp. (GenBank ID MK521049.1). El extracto crudo de acetato de etilo de *Sphingomonas* sp. inhibió 68.5±9.2% la formación de AGEs, *in vitro*. El fraccionamiento por PLC resultó en 3 fracciones activas (>85% de inhibición de formación de AGEs) con Rfs de 0.27, 0.36 y 0.55. De acuerdo con el análisis de GC-MS, *Sphingomonas* sp. produce ciclo fenilalanil-prolina (CFP), ciclo leucil-fenilalanina (CLF), ciclo fenilalanin-valina, ciclo alanil-prolina, ciclo prolin-prolina, ácido hexadecanoico (AH), ácido octadecanoico (AO), ácido vaccenico y 3-metil undecano. Los compuestos más abundantes, los ciclodipéptidos CFP y CLF y los ácidos grasos AH y AO fueron adquiridos comercialmente y evaluados a una concentración de 0.05 mM por su actividad antiAGEs (Figura 1). La CFP inhibió la formación de AGEs en 52.6±2.1% mejor que el control positivo (AG) el cual inhibió 37.8±5.7%.

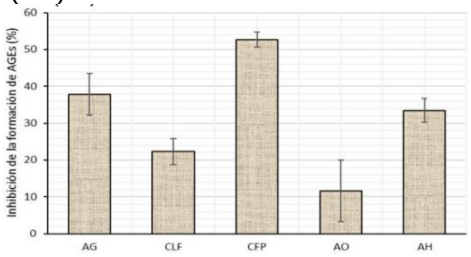


Fig. 1. Inhibición de la formación de AGEs *in vitro* producida por aminoguanidina (AG), ciclo leucil-fenilalanina (CLF), ciclo fenilalanil- prolina (CFP), ácido octadecanoico (AO) y ácido hexadecanoico (AH).

Conclusiones. *Sphingomonas* sp., endófito de *Piper auritum*, produce compuestos inhibidores de la formación de AGEs *in vitro.* Entre ellos, CFP, CLF, AO y AH podrían ser algunos de los responsables de la actividad antiAGEs en las fracciones.

Agradecimiento. Al CONACYT por el apoyo económico otorgado a través de la beca 710433/5860112.

Bibliografía.

Zeng, C., Li, Y., Ma, J., Niu, L. y Tay, F. (2019). *Trends Endocrinol. Metab.* 30(12): 959-973.

Singh, R., Barden, A., Mori, T. y Beilin, L. (2001). *Diabetologia*, 44(2), 129-146.

Strobel, G. y Daisy, B. (2003). *Microbiol Mol Biol Rev.*67(4), 491-502

Neira, G.A. (2015). *Actividades hipoglucemiante, antioxidante y antiglicación de hojas y endófitos de Piper auritum* [Doctorado]. CINVESTAV.

Brownlee, M., Vlassara, H., Kooney, A., Ulrich, P., y Cerami, A. (1986). *Science*, 232, 1629-1632.

EVALUACIÓN DE LAS MOLÉCULAS BIOACTIVAS DE LOS EXTRACTOS DE *GANODERMALUCIDUM* MEXICANO Y CHINO

Guadalupe Belberia Espinosa Méndez, Verónica Rodríguez Soria, Beatriz Pérez Armendáriz, Lydia María Pérez Diaz y Daniel Nava López, Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla, Facultad de Biotecnología, Puebla CP 72160.
guadalupebelberia.espinosa@upaep.edu.mx

Palabras clave: Ganoderma lucidum, metabolitos bioactivos, extractos

Introducción. Se estima que existen 1.5 millones de hongos distribuidos en todo el mundo, aproximadamente 2000 de ellos son seguros para la salud humana, de los cuales 300 tienen propiedades medicinales y presentan propiedades farmacológicamente activas (1). A través de la investigación se ha descubierto que el hongo de *Ganoderma lucidum* posee diversos metabolitos bioactivos los cuales han sido ampliamente utilizados en la medicina tradicional china durante miles de años (2). En el presente trabajo se evaluaron las moléculas bioactivas de los hongos de *Ganoderma lucidum* mexicano y chino mediante pruebas fitoquímicas y espectroscopia de infrarrojo para identificar sus diferencias.

Metodología. Mediante maceración simple se obtuvieron los extractos del hongo de *Ganoderma lucidum* mexicano y chino con diclorometano y metanol, posteriormente a estos extractos se les realizaron pruebas fitoquímicas (3) para identificar los principales metabolitos secundarios presentes. Finalmente, estos extractos fueron procesados por espectroscopía de infrarrojo para identificar sus diferencias estructurales.

Resultados.

Tabla 1. Resultados de las pruebas fitoquímicas a los extractos de *Ganoderma lucidum* de origen mexicano y chino

Extracto/Prueba	Alcaloides	Saponinas	Flavonoides	Glucósidos	Triterpenos
Ganoderma lucidum mexicano + diclorometano	+	-	-	+	+
Ganoderma lucidum mexicano + metano	+	-	-	+	+
Ganoderma lucidum chino + diclorometano	+	-	+	+	-
Ganoderma lucidum chino + metano	+	-	+	-	-

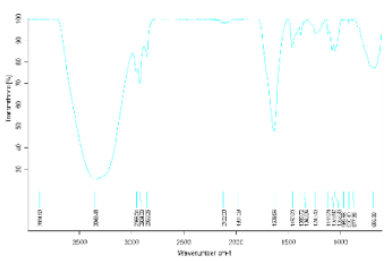


Fig. 1. Espectro infrarrojo del extracto de *Ganoderma lucidum* mexicano con metanol en el cual se observan bandas característicasde un glucósido cardiotónico (4).

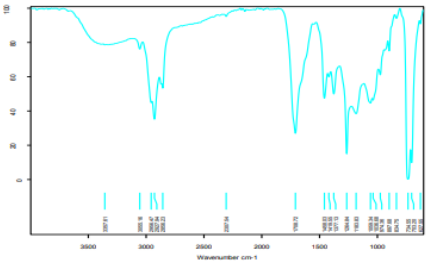


Fig. 2. Espectro infrarrojo del extracto de *Ganoderma lucidum* chinocon metanol en el cual se observan bandas características de un flavonoide (5).

Conclusiones. Los extractos de *Ganoderma lucidum* mexicano arrojaron en las pruebas fitoquímicas presencia de alcaloides, glucósidos y triterpenos, el espectro IR del extracto metanólico presenta bandas características de un glucósido cardiotónico de acuerdo con lo reportado por otros autores. Para el caso de los extractos de *Ganoderma lucidum* chino se observó presencia de alcaloides, flavonoides y glucósidos, en el espectro IR del extracto metanólico se identificó la presencia de un flavonoide de acuerdo con las bandas características mencionadas en la bibliografía. Lo que nos lleva a concluir que existen diferentes metabolitos bioactivos presentes en los extractos de *Ganoderma lucidum* mexicano y chino debido a su lugar de origen.

Agradecimiento. Agradezco al Concejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca No. 1001574 otorgada para realizar la maestría en Biotecnología en la facultad de Biotecnología, UPAEP.

Bibliografía.

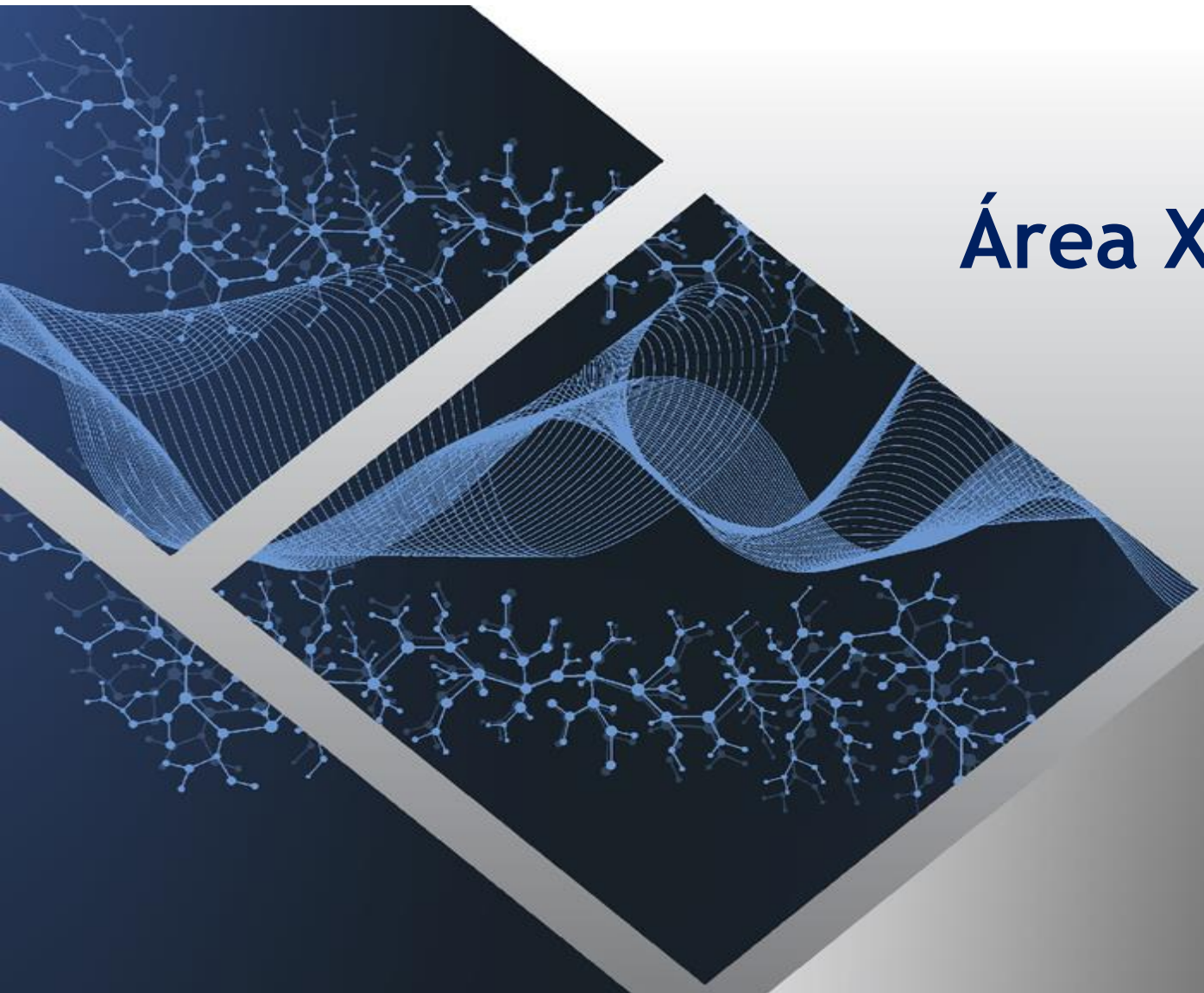
Ahmad, M. F. (2018). *Biomedicine and Pharmacotherapy,* 107(August): 507–519.

Guo, W. L., Pan, Y. Y., Li, L., Li, T. T., Liu, B., & Lv, X. C. (2018) *Food and Function*, 9(6): 3419–3431.

Rivas-Morales, C., Oranday-Cárdenas, M. A., Verde-Star, M. J., Morales-Rubio, M. E., Espinosa-Leal, C., & Garza-Padrón,
R. A. (2016) Metodología científica para el estudio de plantas medicinales. *Investigación en plantas de importancia médica*. Rivas-Morales, C., Oranday-Cárdenas, M. A., Verde-Star, M. J., OmniaScience, México, 1-37.

Joseph, S., Sabulal, B., George, V., Smina, T. P., & Janardhanan, K. K. (2009). *Scientia Pharmaceutica*, 77(1): 111–121.

Cuesta Rubio, O. Márquez Hernández, I. Campo Fernández,
M. (2015) *Introducción a la Caracterización Estructural deFlavonoides*. Machala, Ecuador : Universidad Técnica de Machala. 37-38



Área XIV

Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos

Contenido

NUEVO ENFOQUE UTILIZANDO SISTEMAS DE DOS FASES ACUOSAS EN CULTIVO 3D PARA LA DIFERENCIACIÓN NEURONAL DE CÉLULAS MADRE
Karolina Chairez-Cantu, Mirna González-González, Marco Rito-Palomares 458

GENERACIÓN DE ANDAMIOS DE POLI-3-HIDROXIBUTIRATO (P3HB) CON POTENCIAL APLICACIÓN EN INGENIERÍA TISULAR
Sandra García-Cerna, U. Abdallah Sánchez-Pacheco, José Manuel Rojas García, Bernardo Fabián Campillo Illanes, Angélica Meneses-Acosta, Carlos F. Peña-Malacara 459

BIORREACTOR ELECTRICO PARA SU APLICACIÓN EN INGENIERÍA DE TEJIDO CARDIACO
Emmanuel Francisco Solano, Raúl Martínez Memijes, Brayans Becerra Luna, Alvaro R Lara, Eduardo Peña Mercado, Nancy G Viveros Moreno, Mario García-Lorenzana, Nohra E. Beltrán Vargas 460

OPTIMIZACIÓN DEL AISLAMIENTO DE LINFOCITOS T DE SANGRE PERIFÉRICA PARA TERAPIA CELULAR ADOPTIVA
Mario A. Téllez-González, Angélica Meneses Acosta, Paul Mondragón-Terán 461

EFECTO DEL α-TOCOFEROL Y DEL L-ÁCIDO ASCÓRBICO EN LA DIFERENCIACIÓN NEURAL DE CÉLULAS TRONCALES EMBRIONARIAS DE RATÓN (CTEr)
Téllez-González MA, Pérez-Müeller MA, Martínez-Rodríguez AF, Santillán-Cortez D., Góngora-Rodríguez JMA, Mondragón-Terán P. 462

NUEVO ENFOQUE UTILIZANDO SISTEMAS DE DOS FASES ACUOSAS EN CULTIVO 3D PARA LA DIFERENCIACIÓN NEURONAL DE CÉLULAS MADRE

Karolina Chairez-Cantu, Mirna González-González, Marco Rito-Palomares Tecnologico de Monterrey, Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Monterrey, 64710
mrito@tec.mx.

Palabras clave: Sistemas de dos fases acuosas, cultivos 3D, células madre.

Introducción. Los sistemas de dos fases acuosas (SDFA) son una técnica de extracción líquida-líquida que involucra la combinación polímero-polímero o polímerosal. Las principales aplicaciones han sido la recuperación y purificación de biomoléculas de interés (1). Sin embargo, los cultivos 3D usando SDFA surgieron como un nuevo enfoque biotecnológico para fines de ingeniería de tejidos. Su construcción consiste en el encapsulamiento de las células madre en gotas del polímero 1, las cuales se distribuyen a lo largo de un sustrato junto con el polímero 2, generando patrones específicos (2). Su principal ventaja es la construcción de nichos celulares en donde un microambiente es generado mimetizando condiciones in vivo más acertados (3). Los cultivos 3D usando SDFA se clasifican en: monocultivo, patrón de exclusión, co-cultivo y micropatrones celulares (4). El objetivo del presente trabajo es mejorar la construcción de cultivos 3D usando SDFA para la diferenciación de células madre pluripotentes inducidas (iPSCs) hacia el linaje neural.

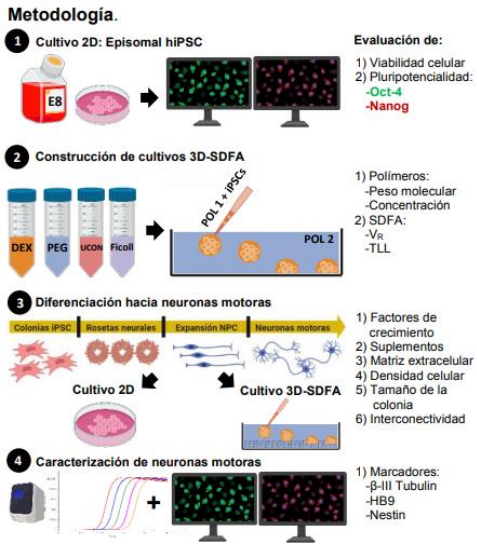


Fig. 1. Estrategia experimental esquematizada y parámetros a evaluar en cada etapa del proyecto.

Resultados. Se espera que los cultivos 3D usando SDFA presenten mayor eficiencia de diferenciación que los cultivos 2D, debido a que existe una mayor interacción entre célulacélula y célula-sustrato (Fig. 2)

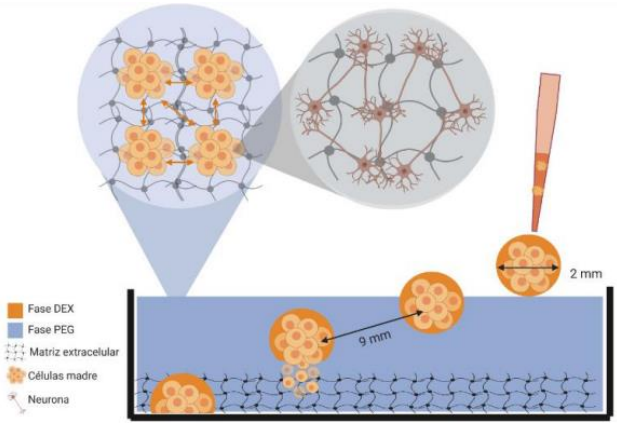


Fig. 2. Construcción de cultivos 3D usando SDFA para la diferenciación neuronal a partir de células madre.

Conclusiones. Los cultivos 3D usando SDFA surgen como una estrategia para superar las limitantes de los cultivos 2D y cultivos 3D a base de andamios celulares, ya que no sólo incrementan la expansión celular sino la eficiencia diferenciación. Además, presentan la ventaja de ser fácilmente escalables y robustos a cualquier linaje celular, representando un paso más cerca para la transición de terapias celulares como tratamiento a enfermedades degenerativas hacia la clínica.

Agradecimiento. Los autores agradecen al Grupo de Investigación de Enfoque Estratégico de Bioingeniería y Medicina Regenerativa de la Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud del Tecnológico de Monterrey. KCC agradece a CONACyT por su beca nacional (845212).

Bibliografía.

1. Rito-Palomares M, Benavides J. (2017). General concepts and definitions of aqueous two-phase systems. Aqueous two-phase systems for bioprocess development for the recovery of biological products. Barbosa-Cánovas GV. Springer, EUA. 1- 18.
2. Teixeira AG, Agarwal R, Ko KR, Grant-Burt J, Leung BM, Frampton JP. (2018). Adv Healthc Mater. 7
3. González-González M, Rito-Palomares M. (2020). J Chem Technol Biotechnol. 95:8-10.
4. Chairez Cantu K, González-González M, Rito-Palomares M. (2021). J Chem Technol Biotechnol. 96(1):8-13.

GENERACIÓN DE ANDAMIOS DE POLI-3-HIDROXIBUTIRATO (P3HB) CON POTENCIAL APLICACIÓN EN INGENIERÍA TISULAR

Sandra García-Cerna a , U. Abdallah Sánchez-Pacheco a , José Manuel Rojas García b , Bernardo Fabián Campillo Illanes c , Angélica Meneses-Acosta a , Carlos F. Peña-Malacara d a Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UEAM), Facultad de Farmacia, Cuernavaca C.P. 62209. b Centro de Investigación y Asistencia Técnica del Estado de Querétaro (CIATEQ), Estado de México C.P. 52004. c Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Instituto de Ciencias Físicas (ICF), Cuernavaca C.P. 62210 d Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Instituto de Biotecnología (IBT), Cuernavaca C.P. 62210
angelica.menesesa@uaem.edu.mx ; carlos.pena@ibt.unam.mx

Palabras clave: Ingeniería tisular, andamios, Poli-3-hidroxibutirato (P3HB).

Introducción. Actualmente la pérdida de tejidos, fallas orgánicas, enfermedades de la piel y demás casos clínicos constituyen uno de los problemas más frecuentes, devastadores y costosos en los países desarrollados. Para ello se buscan alternativas para solventar estos problemas, siendo la ingeniería tisular una de ellas (1,2,3). El objetivo del presente trabajo fue desarrollar andamios de P3HB por impresión 3D para evaluar su biocompatibilidad con células epidérmicas (queratinocitos de la línea HaCaT), como modelo potencial que permita la formación de un tejido funcional.

Metodología. El presente trabajo se dividió en tres etapas: (i) Recuperación por el método de ruptura y extracción con etanol-acetona de P3HB producido por la cepa mutante OPNA de Azotobacter vinelandii, cultivada en un biorreactor en lote de 350 L; (ii) Generación del filamento de P3HB y construcción de andamios y (iii) Caracterizaciónn de la llínea celular HaCaT y su bioevaluación con los andamios de P3HB.

Resultados. Se obtuvo un biopolímero con las características fisicoquímicas mostradas en la Tabla 1.

Tabla 1. Caracterización fisicoquímica del P3HB.

Producto	Pureza (%)	Peso molecular (kDa)	Ángulo de contacto
Control (Hipoclorito/ cloroformo) 	99±0.3	416±68	100°
Etanol/ acetona 	93±1.0	1,750±98	70°

Con el material recuperado por el método de ruptura y extracción con etanol-acetona, se logró generar un filamento flexible para la construcción de andamios por impresión 3D, sin y con poros (entre 70 y 100 µm) (Figura 1).

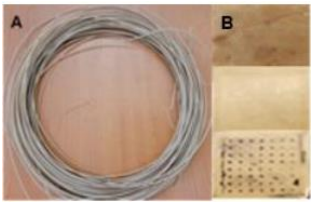


Figura 1. A) Filamento del biopolímero obtenido por el método etanolacetona, B) Andamios de P3HB sin y con poros por impresión 3D

La cinética de crecimiento de la línea celular HaCaT en medio DMEM-F12 y 10 % SFB mostró que los queratinocitos tuvieron un tiempo de duplicación de 32 h y µ=0.021 h-1 , valores que coinciden con lo reportado para esta línea celular. Las pruebas de biocompatibilidad mostraron que las células proliferaron de manera homogénea en la superficie del andamio sin poros (Figura 2 C), en comparación con el andamio con poros (Figura 2 B) y con el andamio control generado por electrohilado (Figura 2 A), en los cuales las células proliferaron de manera heterogénea.

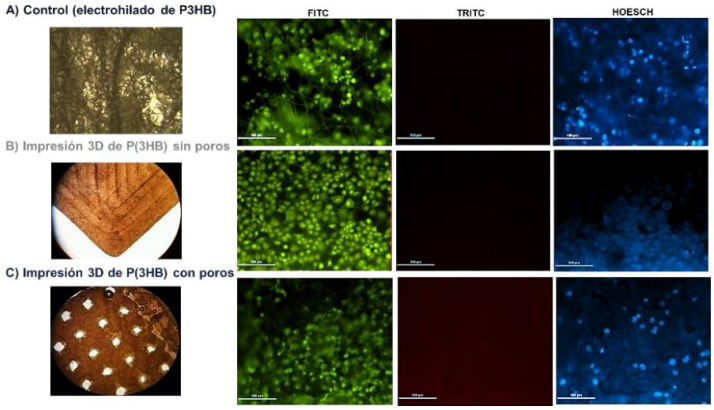


Figura 2. Biocompatibilidad de células HaCaT con andamios de P3HB

Conclusiones. Con el P3HB recuperado mediante el método etanol-acetona se logró generar un filamento con las características idóneas para el desarrollo de andamios por impresión 3D. Estos permitieron el crecimiento homogéneo de las células HaCaT, indicando el potencial de su aplicación en ingeniería tisular para el desarrollo de un tejido funcional.

Agradecimientos. Recursos autogenerados FF-UAEM 2020 y proyecto PAPIIT IG200219. A la UAEM y el IBT-UNAM, así como a la beca CONACYT No. 966686

Bibliografía.

1. Falke G.F., Atala A. (2000). Arch Argent Pediatr. 98(2):103 114.
2. Nolan K., Millet Y., Ricordi C., Stabler C. L. (2008). Cell Transplantation. 17:241-243.
3. Yan W. C., Davoodi P., Vijayavenkataraman S., Tian Y., Cheng Ng W., Fuh J. Y. H., Robinson K., S., Wang C. H. (2018). Adv. Drug Deliv. Rev. 132:270- 295.

BIORREACTOR ELECTRICO PARA SU APLICACIÓN EN INGENIERÍA DE TEJIDO CARDIACO.

Emmanuel Francisco Solano, Raúl Martínez Memijes, Brayans Becerra Luna, Alvaro R Lara R., Eduardo Peña Mercado, Nancy G Viveros Moreno, Mario García-Lorenzana, Nohra E. Beltrán Vargas, Departamento de Procesos y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Cuajimalpa, Ciudad de México, C.P. 05300
nbeltran@cua.uam.mx

Palabras clave: biorreactores, ingeniería de tejidos, estimulación eléctrica.

Introducción. De acuerdo con la OMS, la enfermedad isquémica del corazón es la principal causa de muerte en el mundo, responsable del 16 % del total de muertes a nivel mundial [1]. La ingeniería de tejido cardiaco (ITC) busca generar tejido cardiaco in vitro apto para reemplazar o reparar daños en el corazón tras un infarto al miocardio. Para lo cual la ITC hace uso de una fuente celular, un soporte o andamio y un sistema de cultivo: biorreactor. El biorreactor permite proporcionar e imitar un ambiente fisiológico cardiaco donde el tejido está expuesto a tensiones mecánicas y corrientes eléctricas y cuenta con un suministro constante de nutrientes y oxígeno. Los estímulos eléctricos promueven la comunicación célulacélula y un mejor manejo del calcio [2] y la circulación del medio de cultivo permite aumentar la transferencia masa en el constructo [3]. El objetivo de este trabajo es construir y caracterizar un biorreactor eléctrico para el crecimiento de cardiomiocitos en andamios de alginato-quitosano (0.75- 1.25% p/v).

Metodología. El biorreactor cuenta con un reservorio para el medio de cultivo, mangueras para llevar el medio a la cámara de cultivo, una bomba peristáltica que controla el flujo del medio y la cámara de cultivo con 2 electrodos para poder estimular el constructo. El estimulador eléctrico diseñado basa su operación en un microcontrolador que permite ajustar el voltaje, la corriente, la frecuencia de operación y el ancho del pulso de estimulación. Se calculó el flujo de operación del sistema de acuerdo al tamaño del constructo, el esfuerzo cortante, el número de Reynolds y del Módulo de Thiele como indicadores de la transferencia de masa. Se extrajeron cardiomiocitos de ratas neonatales y se cultivaron en andamios de alginato-quitosano con nanopartículas de oro recubiertas de alginato (NpAu + Alg). Se sembró 1.5 millones de células por andamio. Los andamios se colocaron en placas de 96 pozos con 100 µl de medio suplementado (M-199 + FBS al 10% + SH al 5% + 1% de penicilina/estreptomicina). Se revisaron las cajas cada 24 h y se hizo cambio de medio, manteniendo los cultivos por 3 días. Posteriormente se pasaron al biorreactor por 4 días más. Los constructos fueron procesados mediante técnica histológica estandar y fueron teñidos con H-E.
De cada bloque se realizaron 10 cortes transversales de 3 µm de espesor. Para medir el área celular (µm2), se seleccionaron 2 cortes por laminilla de los cuales se digitalizaron 3 zonas del campo de visión en cada uno con un aumento general ×100 para obtener 6 fotomicrografías por constructo.

Resultados. El flujo de operación del reactor se estableció en función de la cantidad de células a sembrar. Se calculó un flujo de 0.105 ml/min que corresponde a un número de Reynolds y módulo de Thiele de Re= 0.928 y Φ=7, respectivamente. Estos parámetros indican que el régimen predominante de transferencia de masa es la difusión y que hay limitaciones de transferencia de masa interna en el constructo. Por lo que se aumentó el flujo a 0.5ml/min (Re= 4.4, Φ~7). Las células fueron estimuladas eléctricamente con valores de voltaje y frecuencia reportados en diversos trabajos de generación de tejido cardiaco 3V, 3Hz y 5 V, 1 Hz [3]. Se generaron esferoides de mayor tamaño al estimular los constructos con 5V y 1Hz, con células de mayor actividad y más funcionales que los constructos obtenidos en cultivos estáticos y en cultivos en el biorreactor estimulado con 3V y 3 Hz.

Conclusiones. Fue posible construir y caracterizar un biorreactor eléctrico para crecimiento de células cardiacas, identificando las condiciones de operación para garantizar el adecuado paso de nutrientes al constructo. La estimulación eléctrica promueve y favorece el crecimiento de células cardiacas en andamios de alginato-quitosano.

Agradecimiento. El proyecto fue financiado por la Secretaría de Educación, Ciencia, Tecnología e Innovación (SECTEI) de la Ciudad de México.

Bibliografía

[1] W. H. O., (2020). The top 10 causes of death, World Health Organization.
[2] Stoppel W., Kaplan D., y Black D. (2016). Advanced drug delivery reviews. Vol. (96): 135-155.
[3] Valls-Margarit, et al. (2019). Stem cell reports. Vol. (13): 207- 220.

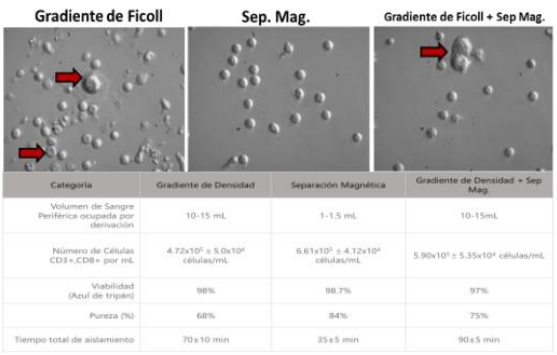
OPTIMIZACIÓN DEL AISLAMIENTO DE LINFOCITOS T DE SANGRE PERIFÉRICA PARA TERAPIA CELULAR ADOPTIVA.

Mario A. Téllez-González1,2 Angélica Meneses Acosta1 , Paul Mondragón-Terán2 , 1Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Facultad de Farmacia, Cuernavaca Morelos,C.P.62209 2Centro Médico Nacional 20 de noviembre ISSSTE, Laboratorio de Medicina Regenerativa, CDMX C.P. 03300

Palabras clave: Cultivo primario, Linfocitos T, químicamente definido

Introducción. Las células CAR-T son linfocitos T diseñados quiméricamente para expresar un receptor quimérico que se dirige a una proteína diana en el rol de antígeno específico, siendo una inmunoterapia dirigida que ha logrado inducir remisiones moleculares en pacientes con neoplasias hematológicas resistentes a la quimioterapia (1). La terapia celular con CAR-T requiere de un elevado número de linfocitos T modificados por lo que el proceso de aislamiento para establecer sistemas de cultivo in vitro es crucial para la investigación básica, diagnóstico clínico y búsqueda de posibles blancos terapéuticos. Objetivo. Estandarización de un procedimiento normal de operación rápido, eficaz y seguro para aislamiento, cultivo y expansión clonal de linfocitos T provenientes de sangre periférica.

Metodología. Se realizó la extracción de sangre periférica por punción venosa de donadores sanos, a través de consentimiento informado, mediante el sistema Vacutainer® con tubos de heparina sódica como anticoagulante. A partir de este punto, se realizó una comparativa entre tres métodos de aislamiento (Gradiente de densidad (1), separación magnética (2) y gradiente de densidad más separación magnética). Una vez encontrado el método de aislamiento con mayor pureza y viabilidad. Se evaluó el uso de un medio químicamente definido (Inmunocult) contra el medio convencional (RPMI 1640 con 10% de FBS). La caracterización fenotípica fue mediante la técnica de citometría de flujo (CD3+ y CD8+).



Categoría	Gradiente de Densidad	Separación Magnética	Gradiente de Densidad + Sep Mag.
Volumen de Sangre Periférica ocupada por derivación	10-15 mL	1-1.5 mL	10-15mL
Número de Células CD3+,CD8+ por mL	$4.72x10^5 \pm 5.0x10^4$ células/mL	$6.61x10^5 \pm 4.12x10^4$ células/mL	$5.90x10^5 \pm 5.35x10^4$ células/mL
Viabilidad (Azul de tripán)	98%	98.7%	97%
Pureza (%)	68%	84%	75%
Tiempo total de aislamiento	70±10 min	35±5 min	90±5 min

Fig. 1. Comparación entre los métodos de aislamiento. Microfotografías a 40X

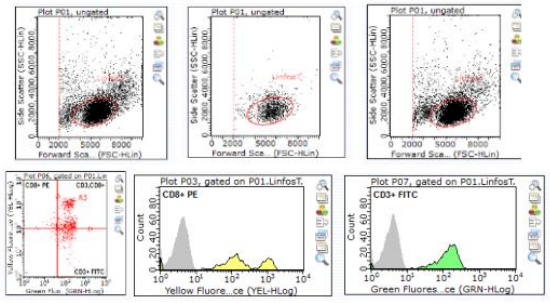


Fig. 2. Caracterización Fenotípica de linfocitos T CD3+,CD8+

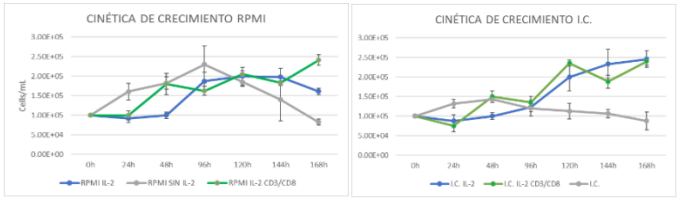


Fig. 3. Cinéticas de crecimiento a 166h de cultivo con el uso de medio con suero fetal bovino y medio químicamente definido, con IL2 (20 U/mL) y activación clonal a las 24h.

Conclusiones. La viabilidad de los tres métodos de aislamiento es mayor al 96% sin embargo mediante el método por separación magnética se obtiene una pureza del 84% mientras que por gradiente de densidad más separación magnética se obtiene un 75% y por gradiente de densidad un 60%. La fase de crecimiento exponencial de los cultivos celulares controles es de 0-48h en medio Inmunocult y de 0- 96h en medio RPMI, por otro lado en cultivo con 20U/mL de IL2 se observa una fase exponencial de 96h-144h en medio Inmunocult y de 48-96h en medio RPMI. Para la condición de cultivo celular con expansión clonal a las 48h, se observó un comportamiento similar en los dos medios de cultivo llegando a una concentración final de $2.4x10^5$ células por mililitro en ambas condiciones.

Agradecimiento. Téllez-González quisiera agradecer a CONACYT por la beca otorgada durante este periodo.

Bibliografía.

(1) Cummins D & Gill S. (2018) Leukemia & lymphoma, 59(7), 1539-1553
(2) Cardle I., Cheng L., Jensen C., & Pun H. (2020). Acc. Chem. Res. 53(9), 1724-1738.
(3) Alack K., Weiss A., Krüger K., Höret M., Schermuly R. Frech T. & Mooren C. (2020). Scientific reports, 10(1), 1-18

EFECTO DEL α-TOCOFEROL Y DEL L-ÁCIDO ASCÓRBICO EN LA DIFERENCIACIÓN NEURAL DE CÉLULAS TRONCALES EMBRIONARIAS DE RATÓN (CTEr)

Téllez-González MA1 , Pérez-Müeller MA1 , Martínez-Rodríguez AF1 , Santillán-Cortez Daniel1 , Góngora-Rodríguez JMA1 , Mondragón-Terán P 1 . 1Centro Médico Nacional 20 de noviembre ISSSTE, Laboratorio de Medicina Regenerativa, CDMX C.P. 03300
mario.atg91@gmail.com.mx

Palabras clave: antioxidantes, diferenciación neural, CTEr, E14Tg2a

Introducción. Las células troncales embrionarias de ratón (CTEr ,línea celular E14Tg2a); son células pluripotentes, que puden especializarse a cualquier linaje celular de las 3 capas embrionarias por señalizaciones bioquímicas definidas y parcialmente caracterizadas (1). Entre estas señalizaciones se encuentra la actividad funcional de antioxidantes, moléculas que inhiben o retardan reacciones REDOX, evitando daños intracelulares provocados por radicales libres (2). Objetivo. Se evaluó el impacto de la adición de α-tocoferol y Ácido ascórbico (L-AA) en medios de diferenciación neural (NDiff 227 y RHB-A) a partir de E14Tg2a como modelo de estudio.

Método. Las céluas E14Tg2a se mantuvieron en estado de pluripotencia celular durante el proceso de expansión (3). Diferenciación Neural: Para los controles, se usaron placas de cultivo (pretratadas con gelatina, laminina o matrigel) de pozos de 3.8cm^2 con densidad celular de 1.5x10^4 células•cm^{-2} y medio de mantenimiento (NDiff ó RHB-A) durante 192 h de cultivo. Experimental: En las placas pretratadas como el control, se le adicionó α-tocoferol y L-AA al medio de cultivo. Por inmunofluorescencia se evaluó la expresión de βIII-tubulina y la evidencia de núcleos por expresión de DAPI.

Resultados. A 192 hde cultivo de diferenciación neural a partir de células E14Tg2a en matriz de Laminina y Matrigel puede apreciarse una mayor expresión de βIIItubulina Vs la matriz de gelatina y el medio de diferenciación NDiff.

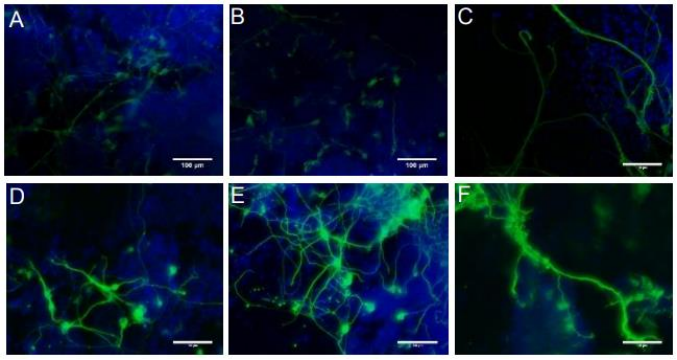


Fig. 1. Efecto de pretratamiento en placas de cultivo, presentando las composiciones armónicas de expresión βIII tubulina y Dapi. Diferenciación en medio NdiFF 227(D,H,L; matriz de gelatina, laminina y matrigel respectivamente) Diferenciación con medio RHB-A (P,T,X; matriz de gelatina, laminina y matrigel respectivamente)

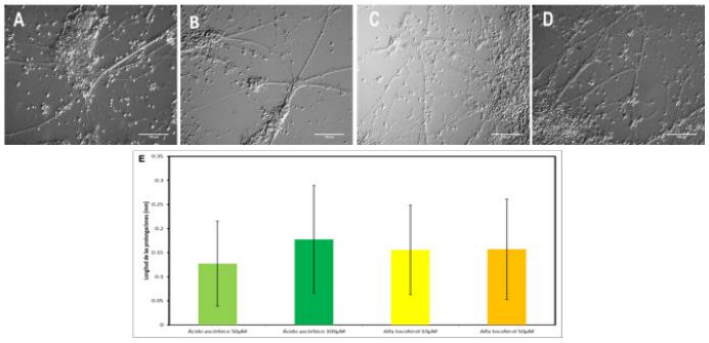


Fig. 2. Evaluación del uso de antioxidantes mediante la medición de longitudes de axones, A-D imágenes ejemplificativas de concentraciones, E) Conteo de número de axones por área (ácido ascórbico 50µM, 100 µM y α-tocoferol 10 µM, 50 µM).

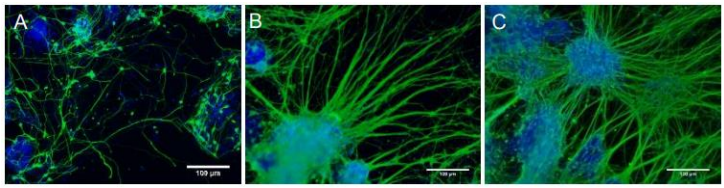


Fig. 3. Efecto del uso de antioxidantes en la neurogénesis de células E14Tg2a en medio de cultivo RHB-A y matriz de laminina. A) Control B) Ácido ascórbico (50 µM) y C) alfa-tocoferol (50 µM).

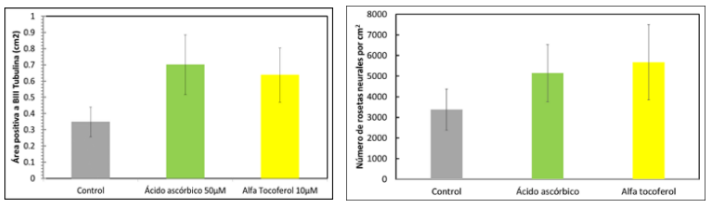


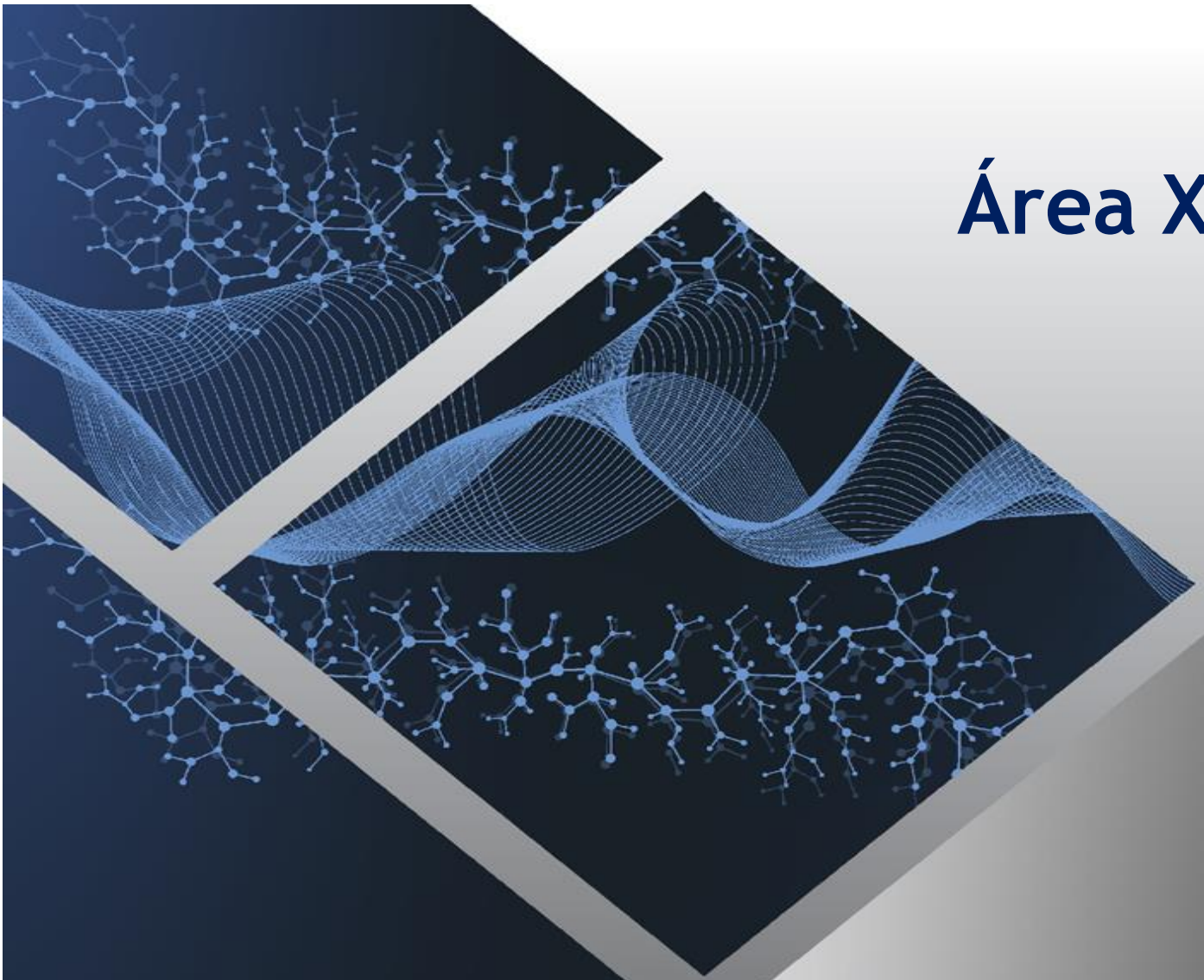
Fig.4. Análisis estadístico del tamaño de axón y número de rosetas por cm^2 debido al efecto de la exposición de antioxidantes.

Conclusiones. La adición de alfa tocoferol y ácido ascórbico durante el proceso de diferenciación neural, propicia un aumento en el número de rosetas neurales, así como la longitud de axones.

Agradecimiento. Al CMN 20 de Noviembre-ISSSTE, a la EdyN-ISSSTE, PMT agradece los fondos de INFRACONACYT2012/188458, y financiamiento E015.

Bibliografía.

1. Betschinger, J. (2017). JML. 429(10):1441-1458.
2. Halliwell, B., & Gutteridge, J. M. (1995). FRB&M.18(1): 125-126.
3. Mondragón-Teran P., Lye G., Veraitch F.(2009). Biotechnol Prog. 25(5):1480-8



Área XV

Biotecnología, cadena productiva y sociedad

Contenido

EVALUACIÓN DE LA SUSTENTABILIDAD AGRÍCOLA EN LOS PUEBLOS ORIGINARIOS DE HIDALGO - MÉXICO
Yaxk'in Coronado, Mayra de la Torre, Doris Arianna Leyva 465

HIDROCARBUROS EN MÉXICO: DESARROLLO, CONTAMINACIÓN, BIOTECNOLOGÍA Y DERECHO A UN AMBIENTE SANO
Manuel Alejandro Lizardi Jiménez, Violeta Mendezcarlo Silva 466

MICROPLÁSTICOS, UN ÁREA DE OPORTUNIDAD PARA LA BIOTECNOLOGÍA. PERCEPCIÓN SOCIAL DE LOS PLÁSTICOS Y MICROPLÁSTICOS EN MEXICO
Cecilia Hernández Alvarez, Carolina Peña Montes, Dolores Reyes Duarte, Luis Alberto Peralta Peláez 467

EVALUACIÓN DE LA SUSTENTABILIDAD AGRÍCOLA EN LOS PUEBLOS ORIGINARIOS DE HIDALGO - MÉXICO

Yaxk'in Coronado, Mayra de la Torre, Doris Arianna Leyva.Unidad Regional Hidalgo, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo. San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo, 42163.
Yaxkin.coronado@ciad.mx.

Sustentabilidad agrícola. Indicadores de sustentabilidad, productividad agrícola.

Introducción. La sustentabilidad en el ámbito agrícola, involucra el mejoramiento de la salud de los productores y consumidores, la estabilidad del medio ambiente, beneficios a largo plazo de los agricultores y tomar en cuenta las necesidades de las generaciones presentes y futuras[2]. En el estado de Hidalgo el uso de aguas residuales para la agricultura es un problema grave de salud, sin embargo ha impulsado el desarrollo económico de los agricultores de la región del Valle del Mezquital a costa de los recursos naturales de la región. Una evaluación de la sustentabilidad de manera integral entre los sistemas de riego y temporal de la región, determinará los puntos críticos a incidir para incrementar la sustentabilidad de la región y favorecer el desarrollo sustentable de las comunidades originarias en el estado de Hidalgo.

Metodología. En el periodo de enero a febrero de 2020 se recolectó información socioeconómica y ambiental de las prácticas agrícolas, de los productores de los municipios de Ixmiquilpan y El Cardonal (Figura 1). Se realizó un análisis de la sustentabilidad, para cada municipio por medio de la metodología MESMIS[1] y una selección de 32 indicadores de sustentabilidad para la región.

Resultados. Se logró obtener indicadores de sustentabilidad en los aspectos económicos, sociales y ambientales. Identificando suficiencia en segmentos como la equidad, y diversidad de los sistemas agrícolas, pero profundas deficiencias en adaptabilidad y autogestión de los recursos en la región.

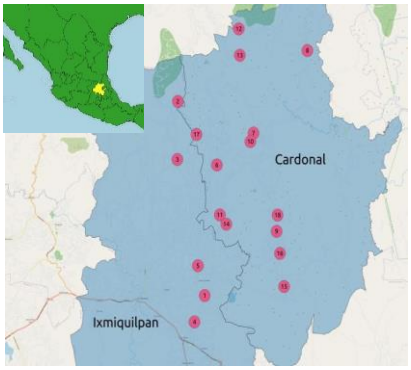


Fig. 1. Ubicación geográfica de las comunidades estudiadas para los municipios de Ixmiquilpan y El Cardonal en el estado de Hidalgo.

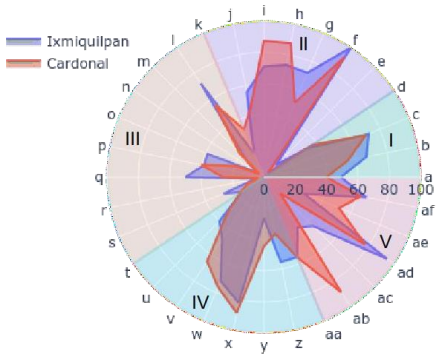


Fig. 2. Diagrama de Ameba de los indicadores de sustentabilidad para los municipios de Ixmiquilpan y El Cardonal. Los sectores corresponden a los atributos de sustentabilidad en la metodología MESMIS.

Los atributos de la sustentabilidad son: I) Productividad, II) Estabilidad, resiliencia, confiabilidad,III) Adaptabilidad, IV) Equidad y V) Auto-seguridad y Auto-gestión. Comparando los sistemas agrícolas de Ixmiquilpan (riego) y El Cardonal (temporal) (figura 2).

Conclusiones. Este trabajo establece una evaluación de la sustentabilidad para regiones agrícolas de riego de aguas residuales respecto a la agricultura de temporal. La falta de adaptabilidad en los municipios de Ixmiquilpan y El Cardonal, es independiente del componente económico de la productividad, debido a un grave problema de migración en la zona. El manejo de los recursos naturales es clave para el aumento de la productividad agrícola. El fortalecimiento de la resiliencia de los agricultores requiere la formación de organizaciones, para la autogestión y una combinación de conocimiento tradicionales y tecnologías para un desarrollo sustentable de los pueblos originarios.

Agradecimiento. PRODETER, CONACYT Cátedras.

Bibliografía.

1. Peréz-Serrano D., Cabirol N., Martínez-Carvantes C. & Rojas- Oropeza M. (2021) Mesquite management in the Mezquital Valley: A sustainability assessment based on the view point of the Hñähñú indigenous community.*Env.Sust.Ind.,10, 100113*.

2 Sarandón, SJ. (2002). The development and use of indicators to evaluate the sustainability of agroecosystems. In. Agroecology. The path to sustainable agriculture American Scientific Editions, USA. 393-414.

HIDROCARBUROS EN MÉXICO: DESARROLLO, CONTAMINACIÓN, BIOTECNOLOGÍA Y DERECHO A UN AMBIENTE SANO

Manuel Alejandro Lizardi Jiménez[1], Violeta Mendezcarlo Silva [2] , [1] CONACYT-Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Facultad de Derecho, MDH, LGAC "Estudios Sociales" San Luis Potosí, SLP. C.P. 78210.
[2] Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Facultad de Derecho C.P. 78210
E-mail: chamarripas@yahoo.com.mx

Palabras clave: Hidrocarburos, Biotecnología, Derechos Humanos

Introducción. La industria petrolera está ligada al desarrollo de México y ha tenido un impacto importante en la reorganización de la economía mexicana y su sector de hidrocarburos, especialmente en la tutela de los Derechos Humanos (1). En ese marco, la biotecnología (2, 3, 4, 5) propone alternativas de remediación y efectivización del derecho humano al ambiente sano. El objetivo de este trabajo es analizar el vínculo de la industria de los hidrocarburos con la contaminación asociada y la Biotecnología como remediación desde la perspectiva de derechos humanos.

Metodología. Transdiciplinaria entre la Biotecnología y los Derechos Humanos. Busca de bases de datos. Se tomaron muestras (NMX-AA-014-1980 1) de11 cenotes de Quintana Roo (2), en ríos y lagunas de Veracruz (1) (en zonas no petroleras) y en la huasteca potosina (4).Se analizó por cromatografía de gases la presencia de hidrocarburos. Se utilizaron consorcios microbianos para evaluar su capacidad hidrocarbonoclasta en biorreactores de tipo airlift y columna de burbujas (5).

Resultados. Ser una recopilación histórica del impacto de los hidrocarburos en México (Tabla 1). Los derrames más importantes acompañan los descubrimientos de los macro campos petroleros en la Sonda de Campeche en los 70´s. Más aún, nuestro grupo ha documentado que en zonas no petroleras (Fig. 1). Se encontraron hidrocarburos alifáticos y aromáticos en todas las regiones estudiadas y a lo largo del tiempo estudiado. La tabla 1 y la Fig. 2 resume algunos de los principales derrames y los hallazgos de nuestro grupo.

Tabla 1. Derrames petroleros y hallazgos principales de hidrocarburos en cuerpos de agua

Año	Lugar	Hallazgos principales, concentración
Desde 1979	Sonda de Campeche	Derrames petroleros, entre los mayores Ixtoc y Yum (560 000 000 L)
2019-2020	Quintana Roo, Veracruz, San Luis Potosí.	En (mg L^{-1}): Naftaleno (5), fenantreno (10), benzo (a) pireno (9), hexadecano (9), Hexatriacontano (2790), tetracontano (2730) Eicosano (622), heneicosano (3971)



Fig. 1. Derrames en México y zonas de nuestro trabajo de investigación círculos con borde en negro SLP, en verde Quintana Roo y Yucatán, y en rojo Veracruz y Puebla.

Los hidrocarburos pueden ser carcinogénicos y de toxicología variada. No está garantizado el Derecho a un ambiente sano consagrado en el artículo cuarto constitucional y en diversos marcos regulatorios en México y en tratados internacionales. Nuestro grupo de trabajo ha desarrollado alternativas de remediación para degradar más de 20 000 mg L^{-1} en 14 días. Las propuestas biotecnológicas que ha desarrollado nuestro grupo: 3 consorcios microbianos y diversos biorreactores capaces de degradar los hidrocarburos en las concentraciones encontradas.

Agradecimiento. En memoria al Dr. Mariano Gutiérrez-Rojas.

Conclusiones. Derrames petroleros e hidrocarburos en cuerpos de agua constituyen un problema complejo para la efectivización de los Derechos Humanos. El uso de biorreactores para remediar agua contaminada por hidrocarburos es factible. Para el cumplimiento de los deberes específicos del Estado mexicano en el sentido de proteger. Nuestro grupo ayudó a que el Caribe Mexicano fuese declarado Área Natural Protegida en 2017.

Bibliografía.

1. Ulloa Castrillón. (2020). *Rev. Fac. Der. Méx*, 70(276-1)
2. Narciso-Ortiz, L., Coreño-Alonso, A., Mendoza-Olivares, D., Lucho Constantino, C. A., Lizardi-Jiménez, M. A. (2020). *Environ. Sci. Poll. Res.* 27(18), 23035-23047.
3. Medina-Moreno, S. A., Jiménez-González, A., Gutiérrez-Rojas, M., Lizardi-Jiménez, M. A. (2014). *Rev. Mex. Ing. Quím*, 13(2), 509-516. 4. Sandoval-Herazo, E. J., Espinosa-Reyes, G., Vallejo-Perez, M. R., Flores-Ramirez, R., Pérez-Vazquez, F., García-Cruz, N. U., Lizardi Jiménez, M. A. (2020). *Rev. Mex. Ing. Quím.* 19(Sup. 1), 101-110. 5. Castañeda, M. R., Isidoro, P. Á., Lango, F., Lizardi-Jiménez, M. A. (2020). *Environ. Poll.* 266 (1) 115171.

MICROPLÁSTICOS, UN ÁREA DE OPORTUNIDAD PARA LA BIOTECNOLOGÍA. PERCEPCIÓN SOCIAL DE LOS PLÁSTICOS Y MICROPLÁSTICOS EN MEXICO.

Cecilia Hernández Alvarez[1], Carolina Peña Montes[2], Dolores Reyes Duarte[3], Luis Alberto Peralta Pelaez[4] [1]Maestría en Ciencias en Ingeniería Bioquímica, TecNM-ITV; [2]TecNM-ITV-UNIDA Laboratorio de Genética Aplicada; [3]Depto. de Procesos y Tecnología, UAM-Cuajimalpa; [4]TecNM-ITV-UNIDA Laboratorio de Ingeniería Ecológica Ambiental y Ciencias; luis.pp@veracruz.tecnm.mx

Palabras clave: Encuesta, microplásticos, impacto

Introducción. En la década de 1970 se publicaron los primeros informes del impacto de los desechos plásticos en los océanos (1,2). No es sino hasta los inicios del siglo XXI que se ponen de manifiesto las consecuencias ecológicas que tienen los plásticos sobre la biodiversidad. Esta situación despierta el interés de la comunidad científica por investigar no solo la presencia de estos materiales, sino también de las partículas que se derivan de ellos por la intemperización, conocidas como microplásticos (<5mm); sus efectos sobre la biodiversidad, a través del consumo de alimentos y agua contaminados con los mismos, así como sus afectaciones en la salud humana. La biotecnología también en este campo nos brinda herramientas para disminuir la presencia de microplásticos y plásticos a través del uso de enzimas o el desarrollo de materiales alternativos biodegradables. Sin embargo, como primera etapa para combatir la presencia de microplásticos en la biodiversidad es necesario el apoyo y conocimiento social sobre el problema. El presente trabajo tiene como objetivo conocer la percepción que tienen los mexicanos sobre el uso, manejo y disposición de los residuos plásticos y sus derivados, así como sobre las leyes o procedimientos aplicados para combatir la contaminación derivada de los mismos.

Metodología. Se diseñó un cuestionario de 15 reactivos relacionados con diferentes aspectos del consumo de plástico desde su uso hasta la disposición final. Dicho instrumento se aplicó a través de “Google Forms” por redes sociales durante un período de 40 días (6 de diciembre de 2020 al 20 de enero del 2021). Para la recolección de datos de tipo no probabilístico, se realizó un muestreo aleatorio simple bajo una muestra pseudoaleatoria. Se calculó el tamaño de la muestra bajo variables de tipo cualitativo para poblaciones finitas y así obtener datos significativos (4,5).

Resultados. El total de encuestados fue de 1613, distribuidos en las 32 entidades federativas del país, donde el 64% fueron mujeres y el 36% hombres, con respecto a la edad, el grupo mayoritario fue entre los 18 y 29 años (41%), seguido del grupo de 40 a 49 años (17%). En cuanto al uso de plásticos, el 49% reportó que utiliza plásticos diariamente y sólo un 13% los utiliza con poca frecuencia. Con respecto donde los utilizan, el 83% mencionó que en los empaques. Con respecto a la separación de basura el 40% no la realiza. Sin embargo, el 50% sabe qué son los microplásticos (Fig. 1) y el 82% de los encuestados sabe que los residuos plásticos terminan en todos los ecosistemas y los afectan. En cuanto a los materiales biodegradables que prefieren utilizar, el 52% dijo el bambú. Por último, con respecto a la disposición de la gente para cambiar sus hábitos de consumo y utilización de los plásticos para contribuir a la disminución de residuos, el **97%** está dispuesta e incluso hicieron propuestas para ello.

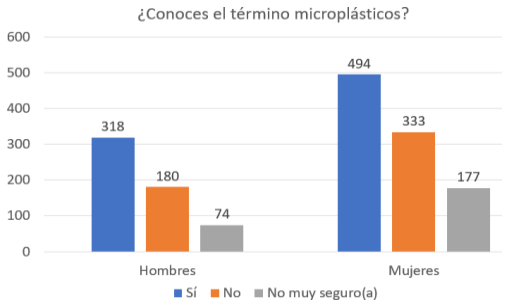


Fig. 1. Conocimiento sobre microplásticos

Conclusiones. La población que respondió la encuesta no cuenta con hábitos para separar los desechos plásticos, siendo la mala gestión de residuos plástico un tema de preocupación. Sin embargo, la población muestra un gran interés para cambiar esta situación. Considera necesario el uso de materiales biodegradables para la fabricación de plásticos, la separación de la basura plástica para su reciclaje; así como la aplicación de leyes que disminuyan el uso de plásticos todo el país.

Agradecimiento. CHA agradece a CONACYT por la beca de maestría 990771 y por el proyecto A1-S-47929. Al TecNM por el proyecto 8343.20-P.

Bibliografía.

1. Carpenter EJ *et al.* (1972) *Science,* 178(4062), 749-750.
2. Colton JB *et al.* (1974) *Science.* 185 (4150), 491-497.
3. Andrady AL (2011) *Marine Pollution Bulletin*. 62, 1596-1605.
4. Hernández-Sampieri R (2014) *Metodología de la investigación.* Toledo-Castellanos MA. Mc Graw Hill, México. 170-191.
5. Aguilar-Barojas S (2005). Fórmulas para el cálculo de la muestra en investigaciones de salud. Salud en Tabasco. Méx.11(1-2), 333-338.



Sociedad Mexicana de
Biotecnología y Bioingeniería

XIX CONGRESO NACIONAL
DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOINGENIERÍA

Programa
27 de Septiembre

Sala 1

INAUGURACIÓN / 8:50

9:00 - Conferencias Plenarias

Área VIII: Biotecnología farmacéutica

Horario	Ponencia
9:00	**Innovaciones para el fortalecimiento del desarrollo de vacunas en el mundo: aprovechando las lecciones de COVID-19** Prof. María Elena Bottazzi
9:35	**Sesión de preguntas & respuestas**

9:50 - Conferencias Plenarias

Área II: Biotecnología enzimática y biocatálisis

Horario	Ponencia
9:50	**NANORREACTORES enzimáticos para fines terapéuticos y otras nanocosas** Dr. Rafael Vázquez Duhalt
10:35	**Sesión de preguntas & respuestas**

10:40 - Conferencias Plenarias

Plenaria Área III: Biotecnología agrícola, vegetal y marina

Horario	Ponencia
10:40	**Non-transgenic genome editing approaches using CRISPR for precision plant breeding and plant biotechnology** Dr. Daniel Voytas
11:25	**Sesión de preguntas & respuestas**

RECESO / 11:30

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área I: Covid 19

Horario	Ponencia
12:00	**Vigilancia genómica y programación de variantes de SARS-CoV-2** Dr. Alfredo Herrera Estrella
12:15	**Validación de un método de biodetección molecular sin amplificación del SARS-CoV-2 para pruebas COVID-19 en masa** Dra. Tatiana Fiordelisio
12:30	**Sistema de inteligencia epidemiológica para el seguimiento de la evolución de la pandemia causada por COVID-19 en México** Dra. Rosa María Gutiérrez Ríos
12:45	**Avances en el desarrollo del candidato vacunal polivalente Cinvestav NG19m** Dra. Beatríz Xoconostle Cázares
13:00	**Encauzando nuestro grupo de investigación para coadyuvar en la lucha contra la COVID-19** Dr. Tonatiuh Ramírez Reivich
13:15	**Sesión de Preguntas y Respuestas**

RECESO / 13:30

13:30 - **Simposio Simultáneo**

Área II: Biotecnología enzimática y biocatálisis

Horario	Ponencia
15:30	**Importancia del uso de las enzimas en la producción de bioetanol de segunda generación** Dra. Carmina Montiel Pacheco
15:50	**Biocatálisis sólido-gas para la producción de aromas naturales** Dr. Sergio Huerta Ochoa
16:10	**Despliegue de enzimas en E. coli para la catálisis de sustratos complejos** Dr. Antonio de León Rodríguez
16:30	**Diseño de enzimas redox con potencial biotecnológico: de la computadora al tubo de ensayo** Dra. Marcela Ayala Aceves
16:50	**Sesión de Preguntas y Respuestas**

Sala 2

12:00 - **Charlas Técnicas**

Horario	Ponencia
12:00	**Escalabilidad para aplicaciones en fermentación y cultivo celular – 0.3L y más allá** Dr. Fernando Bautista Reyes
12:45	**Fibro Chromatography: Ultrafast purification platform addressing mAb purification bottlenecks** M. en C. Rafael Fernandez Santos

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

Área III: Biotecnología agrícola, vegetal y marina

Horario	Ponencia
15:30	**Uso de CRISPR para aumentar tolerancia a sequía en cultivos agrícolas** Dra. Beatríz Xoconostle Cázares
15:50	**Impact of plant biotechnology on the development of new products and health** Dr. Amit Dhingra
16:15	**Biotecnología de microalgas verdes para la producción de proteínas recombinantes, biocombustibles y lípidos de alto valor agregado** Dra. Virginia Herrera
16:40	**Sesión de Preguntas y Respuestas**

Sala 3

12:00 - **Charlas Técnicas**

Horario	Ponencia
12:00	**La importancia de las células Vero en el desarrollo de vacunas** Mae. Javier Alexis Fregoso
12:45	**Control de calidad integral de las vacunas** M. en C. Israel Aguilar Carmona

RECESO / 13:30

15:30	**Tissue specific 3D Bioprinting using ready-to-use TissueFab™ bioinks** Dr. Kevin Dicker
16:15	**Uso de Interferometría de Biocapa (BLI) en ensayos Biofísicos de proteínas** M. en C. Hector Leonardo García Xolalpa



Sociedad Mexicana de
Biotecnología y Bioingeniería

XIX CONGRESO NACIONAL
DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOINGENIERÍA

Programa
28 de Septiembre

Sala 1

9:00 - **Conferencias Plenarias**

Área IV: Biotecnología alimentaria

Horario	Ponencia
9:00	**Enzymes as biotechnological tools in food processing** Dr. Prospero Di Pierro
9:45	**Sesión de preguntas & respuestas**

9:50 - **Conferencias Plenarias**

Área V: Biotecnología ambiental

Horario	Ponencia
9:50	**La ruta a seguir en México para la biotecnología ambiental** Dr. Francisco J. Cervantes
10:30	**Sesión de preguntas & Respuestas**

10:40 - **Conferencias Plenarias**

Área VI: Bioenergía y biocombustibles

Horario	Ponencia
10:40	**Aplicación del concepto de biorrefinería a procesos biológicos de tratamiento de aguas residuales** Dr. Marcelo Zaiat
11:20	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

RECESO / 11:30

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área XI: Ciencias ómicas y edición de genomas

Horario	Ponencia
12:00	**Aproximación Metagenómica en la Biotecnología Marina** Dra. Liliana Pardo López
12:25	**Empleo y alcances de la metabolómica en la Biotecnología, Biomedicina y Microbiología ambiental** Dr. Aldo Moreno Ulloa
12:50	**Sobre metabolitos secundarios o productos naturales: ¿Falsas promesas de las ciencias ómicas o soluciones reales para combatir pandemias?** Dr. Francisco Barona Gómez
13:15	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

Área IV: Biotecnología alimentaria

Horario	Ponencia
15:30	**Proteínas alimentarias como fuente de péptidos bioactivos** Dr. David Betancur Ancona
15:55	**Emulsiones estructuradas, retos para su uso como vehículos de liberación de compuestos bioactivos** Dr. Alberto Gallegos Infante
16:20	**Microencapsulación de ingredientes alimenticos y su aplicación industrial** Dr. Carlos Regalado González
16:45	**Sesión de Preguntas & Respuesta&**

Sala 2

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área VII: Biopolímeros y biomateriales

Horario	Ponencia
12:00	**Modificación química y aplicaciones de biopolímeros y biomateriales en el Centro de Investigación en Química Aplicada** Dr. Enrique Saldívar Guerra
12:25	**Fosfatidilcolina modificada para preparar nanoemulsiones acarreadoras de bioactivos** Dr. Hugo Sergio García Galindo
12:50	**Evaluación de la macro, micro y nano-estructura de biomateriales** Dr. Gustavo Fidel Gutiérrez
13:15	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

Área VI: Bioenergía y biocombustibles

Horario	Ponencia
15:30	**Aplicaciones de los líquidos iónicos próticos como solventes de bajo costo y alto rendimiento en el marco de una biorefinería** Dr. José Antonio Pérez Pimienta
15:45	**Optimización de la elongación microbiana para la producción de precursores de biocombustibles líquidos** Dra. Sofía Esquivel Elizondo
16:00	**Avances en la digestión anaerobia de residuos agroindustriales** Dr. Hugo Oscar Méndez Acosta
16:15	**Avances y perspectivas de la producción de biohidrógeno a partir de hidrolizados enzimáticos de bagazo de agave** Dr. Elías Razo
16:30	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

Sala 3

12:00 - **Charlas Técnicas**

Horario	Ponencia
12:00	**Rapid process development for the production of SARS-CoV-2 spike proteins** Dr. Jort Altenburg
12:45	**Nuevas fronteras y desarrollo de medios de cultivo innovadores relacionados con la fabricación de vacunas virales** D en C Mariana Curcio Lopes

RECESO / 13:30

15:30	**Avanzando en el Análisis Epidemiológico del COVID- 19 en Aguas Residuales** Dr. Sócrates Avilés
16:15	**Plasmid Manufacturing: Challenges in Platform Development** Dra. Ana Martini



Sociedad Mexicana de
Biotecnología y Bioingeniería

XIX CONGRESO NACIONAL
DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOINGENIERÍA

Programa
29 de Septiembre

Sala 1

9:00 - **Conferencias Plenarias**

Área VII: Biopolímeros y biomateriales

Horario	Ponencia
9:00	**Disolventes eutéticos: una plataforma atractiva en polimerizaciones mediadas vía enzimática** Dr. Gabriel Luna Barcenas
9:40	**Sesión de preguntas & respuestas**

9:50 - **Conferencias Plenarias**

Área I: COVID-19

Horario	Ponencia
9:50	**Challenges of developing, producing and delivering COVID-19 vaccines to the world** DRA. MELANIE SAVILLE
10:25	**Sesión de preguntas & respuestas**

10:40 - **Conferencias Plenarias**

Área IX: Biotecnología microbiana

Horario	Ponencia
10:40	**Updating the DBTL cycle for standardized synthesis of complex compounds using synthetic microbial consortia** Dr. Juan Nogales
11:20	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

RECESO / 11:30

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área VIII: Biotecnología farmacéutica

Horario	Ponencia
12:00	**Análisis de productos biotecnológicos: avances y retos** Dra. Mabel Rodríguez
12:30	**La termoinducción en la producción de proteínas recombinantes terapéuticas en *Escherichia coli*** Dr. Mauricio Alberto Trujillo Roldan
12:55	**Desarrollo de anticuerpos para uso terapéutico y diagnóstico. Enfrentando a la pandemia desde el IPN** Dra. Mayra Pérez Tapia
13:20	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

Área XIV: Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos

Horario	Ponencia
15:30	**Efecto de la infección del virus Zika en una línea celular neural troncal humana** Dra. Claudia Guadalupe Castillo Martin del Campo
16:00	**Bioprocesos de Células Progenitoras Endoteliales Humanas: Derivación, Especialización, Expansión y Futuras Aplicaciones Terapéuticas** Dr. Paul Mondragón Terán
16:25	**Estrategias bioingenieriles no convencionales para la recuperación y cultivo de células madre** Dra. Mirna Alejandra González González
16:50	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

Sala 2

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área IX: Biotecnología microbiana

Horario	Ponencia
12:00	**Ingeniería de las vías metabólicas reductivas y la resistencia a ambientes ácidos *Saccharomyces cerevisiae:* hacia la producción de ácido succínico** Dr. Luis Caspeta Guadarrama
12:30	**Ingeniería de la vía del shikimato en cepas de *Escherichia coli* PTS$^-$: de 0 a 60 g/L** Dr. Adelfo Escalante Lozada
12:50	**Estrategias de diseño para canalizar recursos celulares a funciones sintéticas** Dr. Jose Utrilla Carreri
13:20	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

Área X: Bioingeniería y fermentaciones

Horario	Ponencia
15:30	**Pharma and Biopharma challenges impacting Manufacturing** Dr. Martin Griot
15:50	**From Research & Development to Manufacturing: An overview of the activities and teams established to industrialize liquid fermentation-based processes** Dr. J. Antonio Rocha Valadez
16:10	**La Biotecnología como herramienta diferenciadora en el desarrollo de productos biorracionales: perspectiva desde las fermentaciones sólidas** Dr. Francisco Javier Vicente Magueyal
16:30	**La experiencia de Fermic S.A. de C.V. en Transferencia de Tecnología y Escalamiento de Procesos de Fermentación** Biol. Carlos Roberto Gutiérrez Dra. Cristina Dezi
16:50	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

Sala 3

12:00 - **Charlas Técnicas**

Horario	Ponencia
12:00	**Resolución de problemas en bioprocesos - Del pre-cultivo a la producción** Dr. Fernando Bautista Reyes
12:45	**Fine-Tuning the Antibody-Based Molecule Workflow: Strategies to address common challenges** Fernando Carmona

RECESO / 13:30

15:30	**Innovative Developments in CHO Cell Expression Technologies and Cell Culture Media for Upstream Process Development and Biomanufacturing** Dr. Michael Cunningham
16:15	**Columnas monoliticas y su uso en la purificación en vacunas** M. en C. Carlos Giroshi Bando Campos



Sociedad Mexicana de
Biotecnología y Bioingeniería

XIX CONGRESO NACIONAL
DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOINGENIERÍA

Programa
30 de Septiembre

Sala 1

9:00 - Conferencias Plenarias

Área X: Bioingeniería y fermentaciones

Horario	Ponencia
9:00	**The Concept of the Scale of the Cell; Damage from Fluid Dynamic Stress** Prof. Alvin Nienow
9:40	**Sesión de preguntas & respuestas**

9:50 - Conferencias Plenarias

Área XI: Ciencias ómicas y edición de genomas

Horario	Ponencia
9:50	**Entendiendo la biología del desarrollo temprano en vertebrados: una visión CRISPR-Cas** Dr. Miguel Ángel Moreno Mateos
10:30	**Sesión de preguntas & respuestas**

10:40 - Conferencias Plenarias

Área XII: Bioinformática

Horario	Ponencia
10:40	**Machine Learning and Metagenomes** Prof. Robert Edwards

RECESO / 11:30

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área XII: Bioinformática

Horario	Ponencia
12:00	**Acechando a los factores transcripcionales de las arqueas. En busca de pistas funcionales y estructurales** Dr. Ernesto Pérez Rueda
12:20	**Characterizing the effect of genetic variants within promoters with distal enhancer functions** Dra. Alejandra Medina Rivera
12:40	**Antisense-acting and trans-acting riboswitches** Dr. Enrique Merino
13:00	**Pangenómica microbiana: herramientas bioinformáticas y estrategias analíticas** Dr. Pablo Vinuesa
13:20	**Sesión de Preguntas y Respuestas**

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

Área V: Biotecnología ambiental

Horario	Ponencia
15:30	**Aire limpio en nuestras ciudades: una visión integral** Dra. Beatriz Cárdenas González
15:50	**Cuerpos de agua en el Golfo de México. Una problemática ambiental de la zona del estado de Tabasco** Dra. Maria Refugio Castañeda Chávez
16:05	**Sitios contaminados: identificación, caracterización y alternativas de remediación** Dra. María Teresa Alarcón Herrera
16:20	**Tratamiento de aguas agroindustriales altamente concentradas y recuperación simultánea de recursos bajo el concepto de biorrefinería** Dr. Germán Buitrón Méndez
16:35	**Sesión de Preguntas y Respuestas**

Sala 2

12:00 - **Simposio Simultáneo**

Área XIII: Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos

Horario	Ponencia
12:00	**Gain of function of the myo-inositol pathway compensates for decreased function of other routes to ascorbate synthesis** Prof. Argelia Lorence Quiñones
12:30	**Quimiotaxonomía de Clusia spp. y el uso de herramientas de deduplicación para el estudio fitoquímico de Clusia Flava** Dr. Luis Manuel Peña Rodríguez
12:50	**Plantas medicinales y descubrimiento de fármacos: avances y oportunidades en México y en el mundo** Dr. Ashutosh Sharma
13:10	**Sesión de Preguntas y Respuestas**

RECESO / 13:30

15:30 - **Simposio Simultáneo**

15:30	**Biotecnología, sociedad, industria y desarrollo sostenible (Agaves, Frutales y Lácteos)**	Dr. Elhadi Yahia Dr. Alfonso Gardea Béjar Dr. Hugo Sergio García Galindo Dra. Anne Gschaedler Ing. Vianey del Río Garza Dra. Joaline Pardo Núñez Dra. Amelia Farres Dr. José Luis Dávalos Flores Dra. María Patricia Chombo Morales
16:30	**Mesa de discusión**	

Sala 3

12:00 - **Charlas Técnicas**

Horario	Ponencia
12:00	**Escalamiento del cultivo de glóbulos rojos para transfusión** Dr. Joan Sebastian Gallego Murillo
12:45	**Herramientas y aproximaciones generales de ingeniería genética** M. en C. Monserrat Meinger

RECESO / 13:30

15:30	**Usando PCR digital de gotas (ddPCR) para detectar la variación del número de copias de transgenes y dosis alélicas en caña de azúcar** Dr. Jershon López
16:15	**Sistemas de edición genética CRISPR/Cas9 en líneas celulares** M. en C. Carlos Terrón

Sociedad Mexicana de
Biotecnología y Bioingeniería



XIX CONGRESO NACIONAL
DE BIOTECNOLOGÍA Y BIOINGENIERÍA

Programa
1° de octubre

Sala 1

9:00 - **Conferencia Plenaria Especial**

Horario	Ponencia
9:00	**Preventing the next pandemic: Vaccine Diplomacy in a Time of Anti-Science** Prof. Peter Jay Hotez
9:40	**Sesión de preguntas & respuestas**

9:50 - **Conferencia Plenaria**

Área XIII: Biotecnología de productos naturales y descubrimiento de nuevos fármacos

Horario	Ponencia
9:50	**How not to miss your markers? Similarity and differential spectroscopy, good alternative methods** Prof. Jan Schripsena
10:30	**Sesión de preguntas & respuestas**

10:40 - **Conferencia Plenaria**

Área XIV: Biotecnología de células troncales, terapia celular e ingeniería de tejidos

Horario	Ponencia
10:40	**Scaffolds for stem cells: the role of electricity** Dr. Frederico Castelo Ferreira
11:20	**Sesión de preguntas & respuestas**

RECESO / 11:30

12:00 - **Conferencia Plenaria**

Área XV: Biotecnología, cadena productiva y sociedad

Horario	Ponencia
12:00	**Asociatividad, una estrategia para la integración económica** Antropólogo Eduardo Ibarra Thennet
12:30	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

12:50 - **Conferencia Miembro de Honor**

Horario	Ponencia
12:50	**El eslabón fructana** Dr. Agustín López Munguía
13:20	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

13:25 - **Premios**

Premios Sartorius, Yakult y Applikon

Dra. Beatriz Ruiz Villafán

Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM

13:55 - **Conferencia de Clausura: Premio Carlos Casas Campillo 2020**

Bioindicadores en aguas residuales: de la resistencia a antibióticos al SARS- CoV-2

Dr. Julián Carrillo Reyes, UNAM

14:25	**Sesión de Preguntas & Respuestas**

CLAUSURA / 14:35



www.smbb.com.mx