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*. (ÑUATÍ 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].

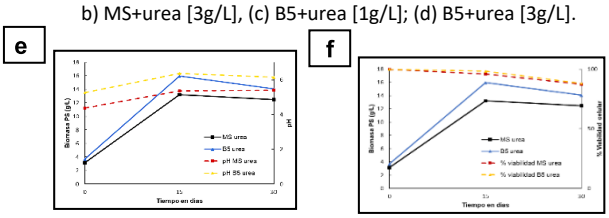


Fig. 2 Cinética de crecimiento en matraz agitado en medio MS+urea [1g/L] y B5+urea [1g/L]. (a) variación de pH del medio; (b) % viabilidad celular.

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.

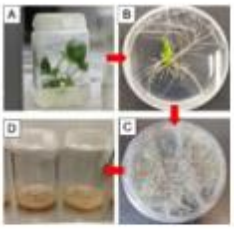


Fig. 1. Proceso de obtención de *hairy roots* en medio sólido (C)y líquido (D)

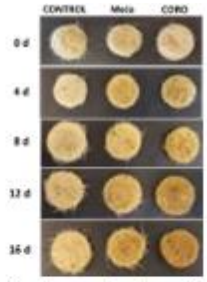


Fig. 3. Aspecto de los cultivos de *hairy roots* estimulados y sin estimular a lo largo del tiempo

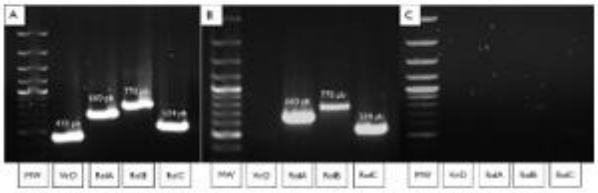


Fig. 2. Gel de electroforesis de los productos del PCR de *A. rhizogenes* (A), L1 de *hairy roots* (B) y raíces salvajes de de *C. asiatica* (C).

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).

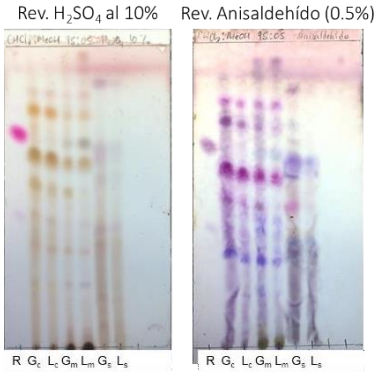


Fig. 1. Perfiles cromatográficos de los extractos **R**: Ácido ursólico; **G**: Cultivo con glucosa; **L**: Cultivo con lactosa; **c**: Extracto clorofórmico; **m**: Extracto metanólico;**s**: Extracto clorofórmico del sobrenadante @14 días de cultivo, 30 °C, 150 rpm

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. Pogrado 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%.

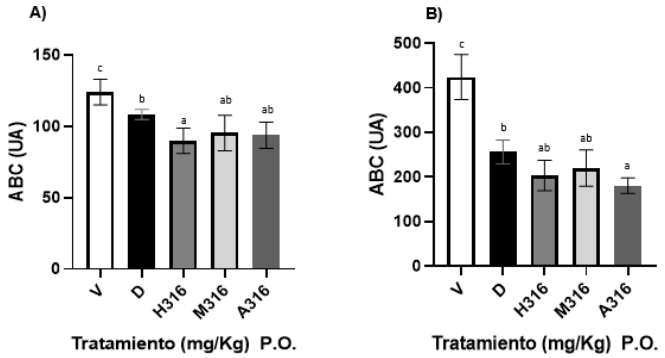


Fig 1. Efecto de la dosis de 316 mg/kg de los diferentes extractos. A) Fase 1, B) Fase 2.

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.

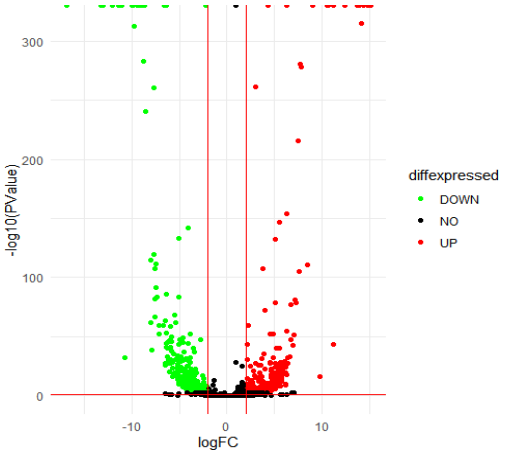


Fig. 1. Expresión diferencial de transcriptos de las poblaciones de Guanajuato y Tepoztlán de *Galphimia spp.*

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.

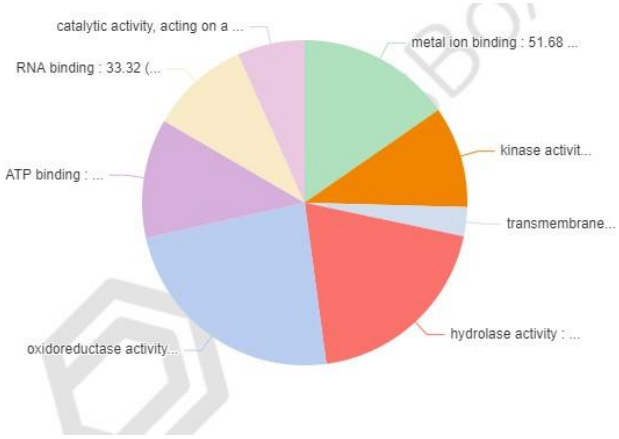


Fig. 2. Distribución de transcriptos en el nivel de ontología génica Función Molecular.

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.

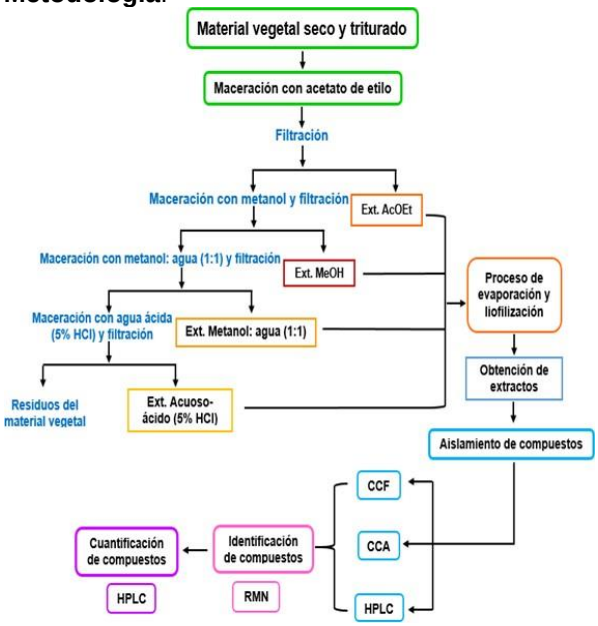


Figura 1. Diagrama de flujo de la metodología. Cromatografía en capa fina (CCF), cromatografía en columna abierta (CCA).

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.

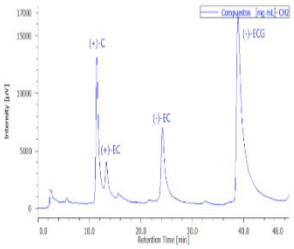


Figura 2.- Catequinas identificadas por HPLC en la corteza de *C. procera.*

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 K2HPO4, 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 CaCl2 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.

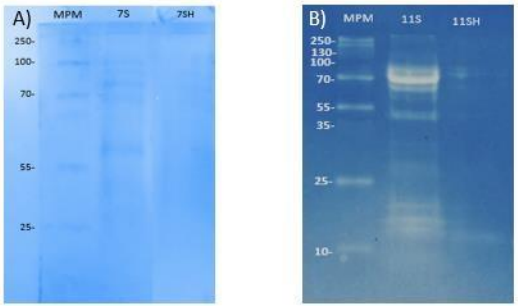


Fig. 1. A) Perfil electroforético de la extracción de globulinas 7S. MPM: marcador de peso molecular; 7S: Globulinas 7S; 7SH: Globulinas 7S hidrolizadas. B) Perfil electroforético de la extracción de globulinas 11S. MPM: marcador de peso molecular; 11S: Globulinas 11S; 11SH: Globulinas 11S hidrolizadas. 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.

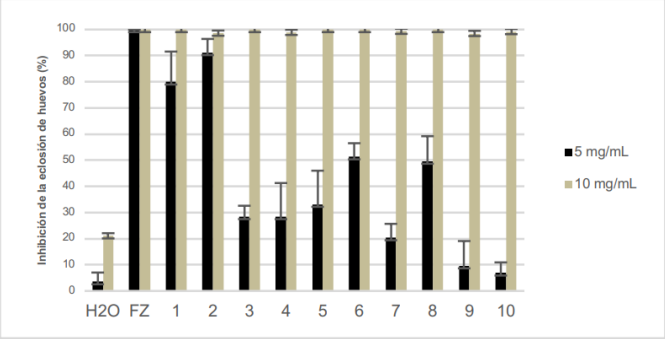


Fig. 1. Inhibición de la eclosión de huevos de *H. contortus* por efecto de distintos extractos de *P. djamor*. FZ:Fenbendazol.

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.

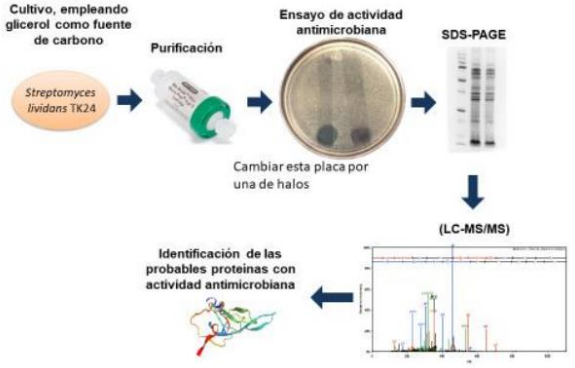
Pineda J, Sánchez J, González M, Zamilpa A, López M, Mendoza P, Cuevas J, Marcelino L. 2017. *J Med Food*. 20(12):1184-1192.

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).

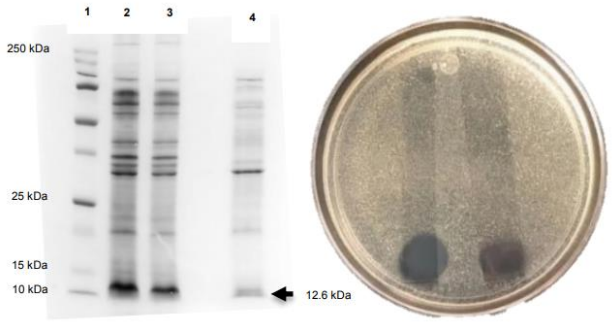


Fig. 1. Muestras seleccionadas en cada paso de purificación y ensayo de actividad antimicrobiana acoplado a un SDS-PAGE.

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.

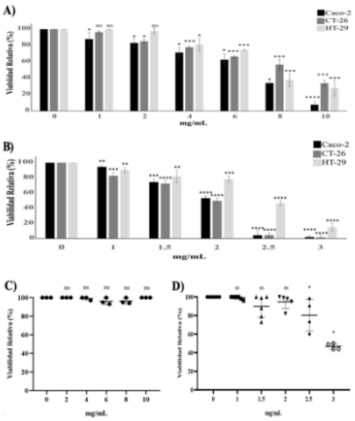


Fig. 1. Curvas de viabilidad de células de CRC y PBMCs tratadas con el extracto alcalino (A) y metanólico (B).

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 ($p \leq 0.05$). ANOVA mas unpaired T-test

Viabilidad de cisticercos a las 92hrs

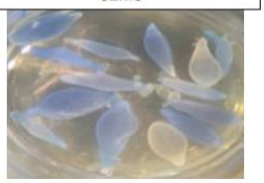


Figura 1. Los cisticercos teñidos de azul corresponden a cisticercos no viables.

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(i2l)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.

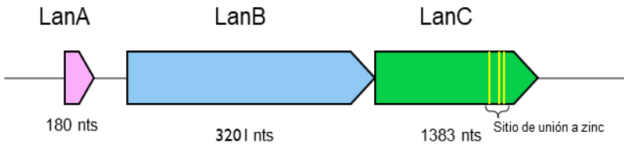


Fig. 1. Estructura del core biosintético del clúster 1.4 de *Embleya* sp. NF3.

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).

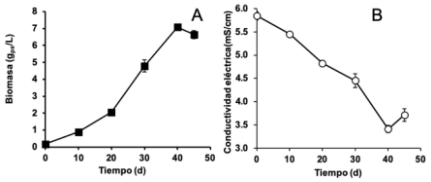


Fig. 1. Cinética de crecimiento de raíces de *Tecoma stans* con 0.1 mgL^{-1} de IBA durante 45 días. A) Biomasa y B) conductividad eléctrica del medio.

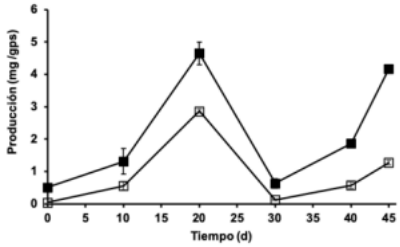


Fig. 2. Cinética de producción de verbascosido (cuadro relleno) e isoverbascosido (cuadro blanco) durante 45d.

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, resprectivamente) 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).

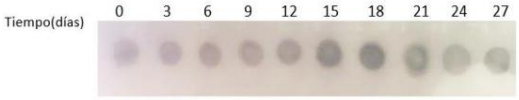


Figura 1. Inmunodetección de VP2 por Dot blot. Señal positiva detectada durante los 30 días de la cinética.

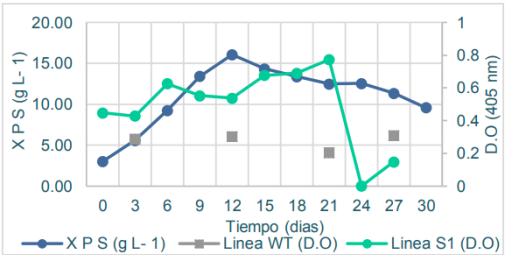


Fig. 2. Concentración celular (XPS) y expresión de proteína VP2 (D.O) en suspensión de la línea S1 de *D. carota* en matraz agitado de 250 ml.

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			Nivel alto	Nivel bajo
Uricasa	500 U/L	60 U/L		Tiempo incubación	30 min	5 min
4-AMP	28 mM	0.48mM		Xantina	197 µM	49 µM
EHSPT	20 mM	0.58mM		Xantina oxidasa	1.5 U/L	0.37 U/L
Buffer de fosfatos	100mM	20mM		Peroxidasa	1000 U/L	200 U/L
pH amortiguador	7.8	6.5		Ferrocianuro de potasio	50 µM	6 µM
				Temperatura	37 °C	30 °C

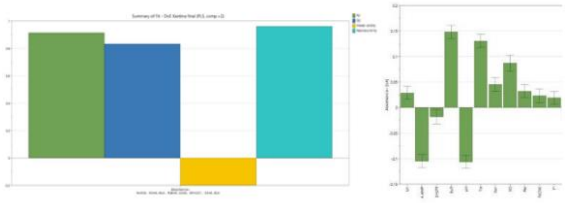


Fig. 1. a) Gráfica de ajuste b) Grafica de coeficientes.

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**).

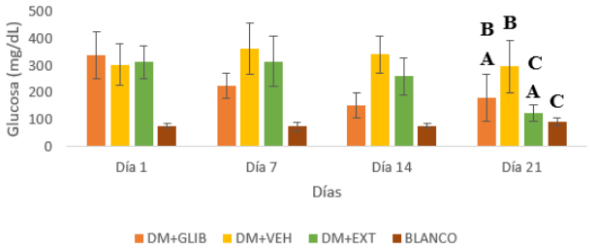


Fig. 1. Medición de glucosa durante la administración de los tratamientos

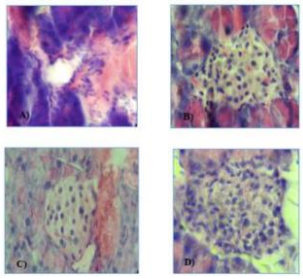


Fig. 2. Actividad pancreoprotectora del extracto HE de CP: A) DM+vehículo; B) DM+CP; C) sano; D) DM+glibenclamida.

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).

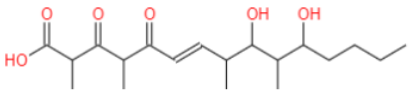


Fig. 2. Estructura química prevista por SeMPI 2.0 para la región 1.4.

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.

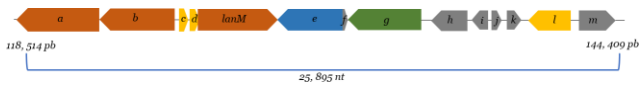


Fig. 1. Clúster biosintético putativo para un lantipéptido de clase II ubicado en el genoma de *Embleya* sp. NF3.

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*. (ÑUATÎ 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 *Ñuatî 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.

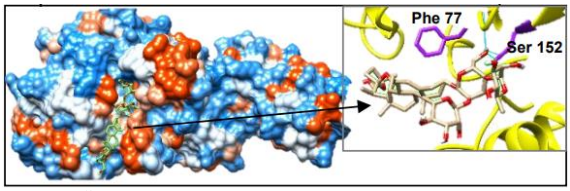


Fig. 1. Ñuatigenósido acoplado a LPH (ΔG°= -10.0 kcal.mol^{-1}).

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.

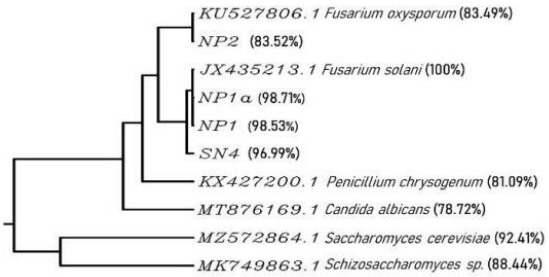


Fig. 1. Árbol filogenético de cepas de *Fusarium* aisladas de jales minero de Gto.

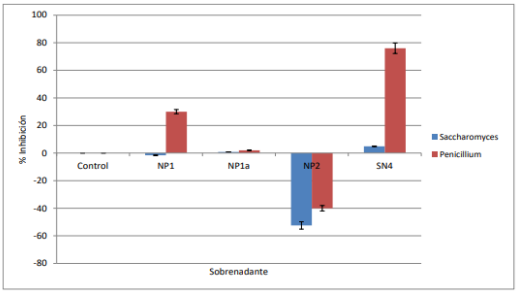


Fig. 2. Efecto de sobrenadantes de especies de *Fusarium* sobre el crecimientode hongos modelo.

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

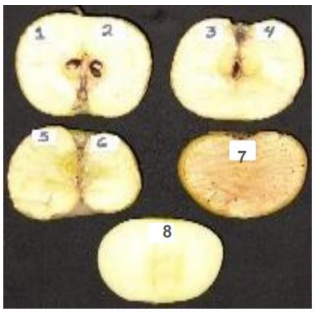


Figura. 1. Resultados de la evaluación antioxidante visual de los diferentes tratamientos.

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%.

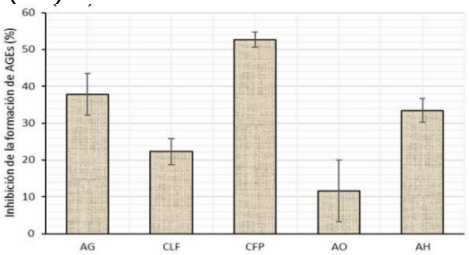


Fig. 1. Inhibición de la formación de AGEs *in vitro* producida por aminoguanidina (AG), ciclo leucil-fenilalanina (CLF), ciclo fenilalanil- prolina (CFP), ácido octadecanoico (AO) y ácido hexadecanoico (AH).

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	+	-	+	-	-

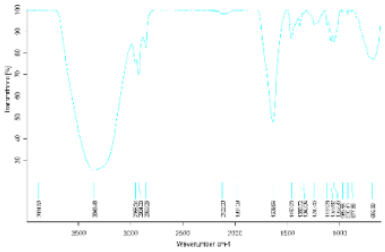


Fig. 1. Espectro infrarrojo del extracto de *Ganoderma lucidum* mexicano con metanol en el cual se observan bandas característicasde un glucósido cardiotónico (4).

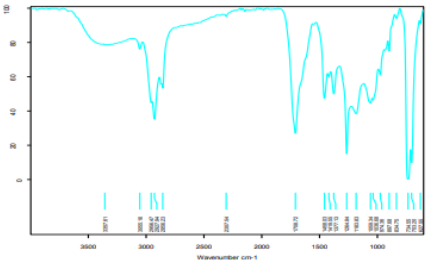


Fig. 2. Espectro infrarrojo del extracto de *Ganoderma lucidum* chinocon metanol en el cual se observan bandas características de un flavonoide (5).

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