



Área 06

Bioinformática y oómicas





Área 06 – Bioinformática y oómicas

Memorias

Contenido

<p>Identificación de las comunidades microbianas presentes en lixiviados de <i>Sargassum spp.</i> del caribe mexicano durante la degradación de lignina Jorge Arturo Domínguez Maldonado, Sara Solís Pereira, Anuar Ahmed Magaña Álvarez, Francisco Javier García Villalobos, Gabriel Lizama Uc y Raúl Tapia Tussell</p>	83
<p>Diferencias de la microbiota de la piel del pene en hombres yucatecos VPH positivos Diego Garza González, César De los Santos, Jesús Gómez, María-González, Aileen O'Connor</p>	84
<p>Análisis metagenómico de la rizósfera de <i>Argemone mexicana L.</i> José Germán Serrano-Gamboa, Felipe A. Vázquez-Flota</p>	85
<p>Estudio de la relación del genoma y su metabolismo para entender los procesos de infección y/o producción de metabolitos de <i>Xanthomonas spp.</i> José Luis Villalpando-Aguilar, Itzel López-Rosas, Ernesto-Perez-Rueda</p>	86
<p>Análisis metagenómico del efecto de dos bioherbicidas y atrazina sobre el microbioma bacteriano del suelo Valladares-López, Perlita del Mar, Rodríguez-Ávila, Norma Laura y Soto-Barajas, Milton Carlos</p>	87
<p>Estudio de la inhibición de la acetil-coenzima A carboxilasa por lipopéptidos cíclicos por análisis <i>in silico</i> Victor Alfonso Chan-Pech, Karina Roxana Ake-Ake, Lizbet Beatriz Yan-Chi, Filiberto Ortiz-Chi, Dany Alejandro Dzib-Cauich, Luis Alfonso Can-Herrera, Rosa Yazmin Us-Camas, Emmanuel Chí-Gutiérrez y Nubia Noemi Cob-Calan</p>	88
<p>Análisis de la diversidad microbiana de diferentes kefires de México Flor A. Hoil Centeno Silvia Tenorio Salgado, Alejandra Vega Magaña, Luis Jave Suárez, Sara Solís Pereira, Víctor Moo Huchin, Enrique Sauri Duch, Gabriel Lizama Uc</p>	89
<p>REAXYS[®], inteligencia artificial para análisis de relaciones estructura actividad biológica como estrategia de alfabetización informacional universitaria Thadeus S. León Castillo, Rosa María Hernández García, Ruth López Alcántara, José Efraín Ramírez Benitez, Ariadna Garza-Ortiz</p>	90



<p>Obtención de modelos 3d de un peptido de <i>Rickettsia rickettsii</i> acoplado a moléculas del HLA II Karla Arroyo Solís, Carlos Peña Bates, Juan José Arias León, Fernando Puerto Manzano, Karla Dzul Rosado</p>	91
<p>Identificación molecular y diferencias de bacterias probióticas aisladas de una variante de la bebida tradicional fermentada “balché” Tania Montejo Santos, Raquel Amor Morales Jiménez, Minerva Aurora Hernández Gallegos, Nelly Cristina Aguilar Sánchez, Angélica Alejandra Ochoa Flores, Paulina Estrada de lo Santos, José Rodolfo Velázquez Martínez.</p>	92
<p>Efecto de diferentes dietas con probióticos en la caracterización microbiana en un sistema de cultivo de <i>Litopenaeus vannamei</i> suplementado con bioflocs Roberto Vázquez Euán, Estefanía Garibay Valdez, Luis R. Martínez Córdova, Kadiya Calderón</p>	93
<p>Perfil metabolómico de tejidos indiferenciados de dos grupos varietales de chayote (<i>Sechium edule</i> (JACQ). SWARTZ) elicitados con metil jasmonato Ivonne N. Bravo Ruíz., Eliel Ruíz May., Juan L. Monribot Villanueva., José A. Guerrero Analco., María T. González-Arno, Carlos A. Cruz-Cruz</p>	94



IDENTIFICACION DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS PRESENTES EN LIXIVIADOS DE *Sargassum spp.* DEL CARIBE MEXICANO DURANTE LA DEGRADACION DE LIGNINA

Jorge Arturo Domínguez Maldonado¹, Sara Solís Pereira²; Anuar Ahmed Magaña Álvarez³, Francisco Javier García Villalobos³, Gabriel Lizama Uc² y *Raúl Tapia Tussell¹

1.- Centro de Investigación Científica de Yucatán A. C. Calle 43 No. 130 x 32 y 34, Chuburná de Hidalgo; CP 97205, Mérida, Yucatán, México.

2.- Instituto Tecnológico de Mérida, Av. Tecnológico km. 4.5 S/N C.P. 97118 Mérida, Yucatán México.

3.- Dirección de Gestión Tecnológica, Centro de Investigación Científica de Yucatán, Calle 43 # 130, Col. Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yucatán, 97200, México

*Autor de correspondencia Correo electrónico: rtapia@cicy.mx

Palabras clave: Sargazo pelágico, comunidad Microbiana, lixiviados

Introducción. El *Sargassum spp.* contiene polímeros estructurales ricos en azúcares, sin embargo, se han reportado algunos problemas en las algas debido a materiales recalcitrantes, como polifenoles, fibras celulósicas y lignina, que dificultan su biodegradabilidad [1]. Anteriormente se han utilizado tratamientos para eliminar estos polímeros recalcitrantes en sargazo con el objetivo de mejorar la producción de biocombustibles[2]. Sin embargo, hasta el momento no se ha realizado un estudio de las comunidades microbianas involucradas en la degradación de sargazo. El objetivo de este trabajo fue determinar las comunidades microbianas asociadas a los lixiviados producidos durante la degradación de sargazo.

Metodología. Para la generación de lixiviados, se tomaron 300 g de sargazo fresco y se colocaron en reactores cónicos de 1500 mL. Estos reactores se mantuvieron a temperatura ambiente (28 ± 2 °C) durante 150 días, posteriormente se realizó la extracción de ADN genómico en los lixiviados obtenidos a los 0, 30, 90 y 150 días. El ADN se envió a secuenciar por la plataforma Illumina MI-Seq en Macrogen, Korea. El análisis estadístico se realizó en STAMP V.2 (Statistical analysis of taxonomic and functional profiles).

Resultados. La Figura 1 muestra los phyla más representativos y el comportamiento de la comunidad microbiana dentro del lixiviado de *Sargassum spp.* en el tiempo. Al inicio el phylum dominante fue *Crenarchaeota* con un 81% de abundancia, seguido por *Euryarchaeota* con un 10%, sin embargo, hubo cambios importantes en el tiempo, después de 150 días la presencia mayoritaria fue el phylum de *Cyanobacteria* con un 71% de abundancia relativa, seguido del grupo de las *proteobacterias* con un solo el 16% de abundancia. Esto se observa en el análisis de componentes principales el cual agrupa los días 30 y 90 en una categoría muy distante del inicio

(Figura 2).

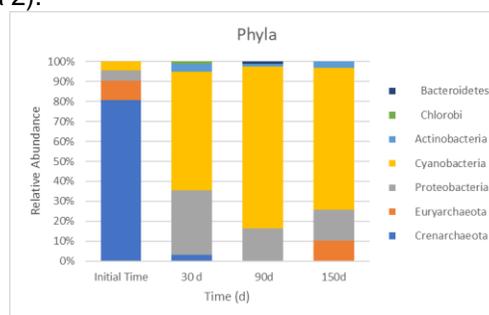


Fig. 1. Abundancia relativa de los principales filos de la comunidad microbiana en los lixiviados de sargazo.

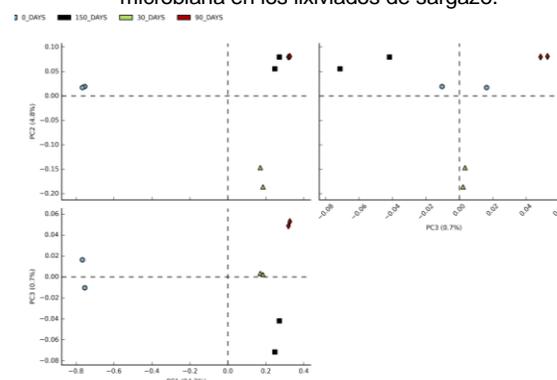


Fig.2 Análisis de componentes principales, para los filos representativos de *Sargassum spp.*

Conclusiones. La comunidad microbiana del sargazo se modifica con el tiempo. Este hallazgo es la primera pauta para entender el mecanismo de degradación de sargazo y de sus polímeros estructurales. Esta información servirá el aprovechamiento de la comunidad bacteriana en lixiviados y para la toma de decisiones en el manejo de esta biomasa.

Bibliografía.

1. A. J. Ward, D. M. Lewis, and F. B. Green, "Anaerobic digestion of algae biomass: A review," *Algal Research*, vol. 5, no. 1, pp. 204–214, 2014, doi: 10.1016/j.algal.2014.02.001.
2. R. Tapia-Tussell *et al.*, "Biological pretreatment of mexican caribbean macroalgae consortiums using Bm-2 strain (*Trametes hirsuta*) and its enzymatic broth to improve biomethane potential," *Energies*, vol. 11, no. 3, 2018, doi: 10.3390/en11030494.



DIFERENCIAS DE LA MICROBIOTA DE LA PIEL DEL PENE EN HOMBRES YUCATECOS VPH POSITIVOS

Diego Garza González¹, César De los Santos¹, Jesús Gómez², María-González², Aileen O'Connor¹

¹Centro de Investigación Científica de Yucatán (Unidad de Biotecnología), Mérida, 97205. ²Centro de Investigaciones Regionales Dr. Hideyo Noguchi (Laboratorio de virología), Mérida, 97225.

Autor de correspondencia: aileen@cicy.mx

Palabras clave: Infecciones de transmisión sexual, microbiota genital, relaciones virus-microbiota

Introducción. Se ha demostrado que las interacciones entre los virus y la microbiota pueden incrementar la capacidad de los virus de infectar células (1). En este contexto, el estudio de los virus y su posible interacción con la microbiota local cobra importancia para distintas enfermedades de naturaleza viral. El Virus del Papiloma Humano (VPH) es virus de transmisión sexual más común y agente etiológico del 99% de los cánceres cervicouterinos. En el 2021 en México se portaron 9,439 casos y 4,335 muertes de cáncer cervicouterino (2). No obstante, en el caso de los hombres, el 90% son asintomáticos y eliminan el virus después de 24 meses (3). Estas diferencias nos hacen preguntarnos si la microbiota es parte de los factores que pudieran explicar por qué algunos hombres desarrollan infecciones persistentes. El objetivo de este trabajo es identificar si existe una asociación entre la microbiota del pene y el VPH.

Metodología. Se colectaron muestras de piel y mucosa del pene de 44 hombres (17 VPH- y 27 VPH+) entre las edades de 21 a 45 años. Se extrajo el ADN total a las muestras usando un kit comercial. Se secuenció amplificando la región V4 del gen 16S en un Illumina Miseq. Las secuencias se procesaron usando el software DADA2. Para comparar los perfiles de la comunidad microbiana entre los grupos de VPH+ y VPH- se estimaron las métricas de diversidad alfa con el software iNEXT. Se realizó una prueba de Wilcoxon para describir cambios estadísticamente significativos.

Resultados. Las métricas de diversidad mostraron que la riqueza de especies ($q=0$) no difiere entre los grupos evaluados. Sin embargo, se observan incrementos significativos en las especies comunes ($q=1$) entre los grupos VPH+ y VPH- (Piel: 6.2 ± 0.8 vs 8.8 ± 0.9). De estos cambios en la comunidad se puede inferir que grupos taxonómicos poco representativos incrementaron su abundancia. La estructura tuvo el mismo patrón de incremento de abundancias; pero también se observó la disminución de otros grupos comunes presentes en los VPH-. Particularmente, a nivel de Orden se observó una menor proporción de *Lactobacillales*, así como una mayor abundancia de *Veillonellales-Selenomonadales*, en el grupo VPH+. Adicionalmente, se halló una microbiota core de las muestras, es decir presente en todas las muestras. Sin embargo, este core no tuvo variación significativa entre

los grupos VPH+ y VPH-.

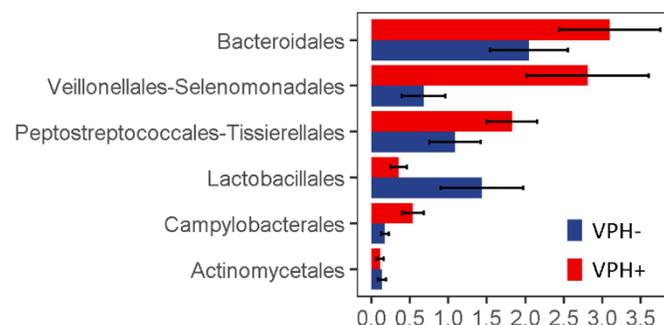


Fig. 1. Abundancias relativas a nivel de Orden

Conclusiones. Las métricas de diversidad apuntan a cambios en el perfil de la comunidad microbiana entre el grupo VPH- y VPH+. La microbiota core no varía significativamente entre los grupos evaluados. El orden *Veillonellales-Selenomonadales* es blanco para plantear hipótesis de correlaciones.

Agradecimiento. Al CONACyT por el financiamiento de la beca de doctorado otorgada al primer autor (CVU: 932984) y del proyecto Ciencia de Frontera (No. 87172).

Bibliografía

- Robinson C. M., & Pfeiffer, J. K. (2014). Viruses and the Microbiota. *Annual Review of Virology*, 1(1), 55–69
- Bruni L, Albero G, Serrano B, Mena M, Collado JJ, Gómez D, Muñoz J, Bosch FX, de Sanjosé S. (2021) ICO/IARC Information Centre on HPV and Cancer (HPV Information Centre). *Human Papillomavirus and Related Diseases in Mexico*.
- Giuliano, A. R., Lee, J. H., Fulp, W., Villa, L. L., Lazcano, E., Papenfuss, M. R., Abrahamsen, M., Salmeron, J., Anic, G. M., Rollison, D. E., & Smith, D. (2011). Incidence and clearance of genital human papillomavirus infection in men (HIM): A cohort study. *The Lancet*, 377(9769), 932–940



ANÁLISIS METAGENÓMICO DE LA RIZÓSFERA DE *Argemone mexicana* L.

José Germán Serrano-Gamboa, Felipe A. Vázquez-Flota

Centro de Investigación Científica de Yucatán A.C., Unidad de Bioquímica y Biología Molecular de Plantas, Mérida, Yucatán, México. 97205

Correspondencia: felipe@cicy.mx

Palabras clave: Argemone mexicana, Metagenoma, rizósfera

Introducción. *Argemone mexicana* L., (Papaveraceae) es una planta silvestre utilizada en la medicina tradicional. Esta planta contiene más de 30 alcaloides bencilisoquinolínicos que se acumulan diferencialmente a través de sus órganos y tejidos (1). Se ha detectado la presencia de sanguinarina, un alcaloide tipo benzofenantridina que tiene una notable actividad antimicrobiana, antiviral y citotóxica (2). Esto pudiera ocurrir mediante la participación de proteínas de transporte tipo ABC (ATP-Binding Cassette). El presente trabajo tiene como objetivo investigar el efecto de los exudados de la raíz de *A. mexicana* sobre la diversidad taxonómica del microbioma asociado a la rizósfera en comparación con el suelo adyacente.

Metodología. Se separó el sistema radicular completo de plantas maduras, colectadas de un predio urbano, recuperando el suelo en contacto con el tejido (rizósfera) y adherido a la superficie (rizoplano). Paralelamente, se tomó una porción de suelo a una distancia libre de la influencia de la planta (> 30 cm). Se extrajo ADN metagenómico (ADNm) del suelo colectado de acuerdo con la metodología reportada por Rojas-Herrera (3). El ADNmg se secuenció por el método de escopeta en la plataforma NovaSeq PE150. Las lecturas crudas se procesaron por calidad, ensamblaron y anotaron taxonómica y funcionalmente empleando diversas bases de datos (4,5).

Resultados. Se recuperó ADNmg íntegro (**Fig. 1**) con suficiente calidad (**Cuadro 1**) que pudo ser procesado adecuadamente para su secuenciación. zona de influencia de la raíz de *A. mexicana*.

Cuadro 1. Concentración y pureza del ADNmg estimado mediante NanoDrop200

Muestra	Conc. (ng/μl)	OD 260/280
RH1	116.3	1.61
RH2	121.2	1.62
RH3	124.3	1.59
RH4	103.2	1.64
BS1	54.8	1.61
BS2	25.8	1.58
BS3	42.1	1.62
BS4	68.3	1.58



Fig. 1. Electroforesis en gel de agarosa al 1% y tinción con bromuro de etidio de las extracciones de ADNmg. Las muestras etiquetadas como RH corresponden a la rizósfera y BS al suelo adyacente.

Del análisis metagenómico se mostrará la composición y abundancia taxonómica a distintos niveles (dominio, phylum, género y especie) de la rizósfera, así como del suelo adyacente y se discutirá en función de la presencia de alcaloides en la

Conclusiones. El metagenoma permitirá contar con un catálogo de especies microbianas asociadas a la rizósfera de *Argemone mexicana*, así como determinar el efecto de los alcaloides excretados sobre la riqueza y diversidad de la microbiota asociada.

Agradecimiento. El presente trabajo se realizó con fondos del proyecto CONACYT CB-2016- 0285887. El autor J.G. Serrano-Gamboa recibió un apoyo como ayudante de investigador SNI-III.

Bibliografía

- Laines-Hidalgo, J. I., Muñoz-Sánchez, J. A., Loza-Müller, L., & Vázquez-Flota, F. (2022). *Moleculas*, 27(4).
- Loza-Muller, L., Shitan, N., Yamada, Y., & Vázquez-Flota, F. (2021). *Planta*, 254(6):1-8.
- Rojas-Herrera, R., Narváez-Zapata, J., Zamudio-Maya, M., & Mena-Martínez, M. E. (2008). *Molecular Biotechnology*, 40(1):13-17.
- Menzel, P., Ng, K. L., & Krogh, A. (2016). *Nature communications*, 7(1):1-9.
- Buchfink, B., Reuter, K., & Drost, H. G. (2021). *Nature methods*, 18(4):366-368.



ESTUDIO DE LA RELACIÓN DEL GENOMA Y SU METABOLISMO PARA ENTENDER LOS PROCESOS DE INFECCIÓN Y/O PRODUCCIÓN DE METABOLITOS DE *Xanthomonas spp.*

José Luis Villalpando-Aguilar¹, Itzel López-Rosas², Ernesto-Perez-Rueda¹

¹Instituto de Investigaciones Aplicadas en Matemáticas y en Sistemas, Unidad Mérida - UNAM, Sierra Papacal, Chuburná, Yucatán, 97302. ²CONACYT-Colegio de Postgraduados, Campus Campeche, Sihochac, Champotón, Campeche, 24450.

villalpandojoseluis30@gmail.com

Palabras clave: Xantomonas, genoma, modelo metabólico.

Introducción. *Xantomonas* es un género de bacterias gram-negativa perteneciente a las gammaproteobacterias, que se ha relacionado con más de 400 diferentes enfermedades en trigo, yuca, arroz, cítricos, tomate, pepino, y lechuga. Este género está ampliamente distribuido alrededor del mundo y produce una gran pérdida de cultivos. A la fecha, se describen alrededor de 35 especies subdivididas en subespecies (pv.) (1). Por lo tanto, el estudio de este género de bacterias tiene importancia en la producción de alimentos y en la producción de un exo-polisacárido o *xantana* con gran valor industrial, para lo cual el aprovechamiento de la información del genoma y la relación con su metabolismo podrían sugerir estrategias de control o mejoras en la ruta de biosíntesis de dicho exo-polisacárido (2).

Metodología. A partir del servidor de NCBI fueron obtenidos los genomas en formato fasta del género *Xanthomonas spp*; los cuales fueron ordenados y alineados en el Software BRIG para obtener el mapa comparativo genómico. El genoma de *X. campestris* fue utilizado para crear el modelo metabólico utilizando METANEXT(3) y fue visualizado en el servidor de Fluxer(4).

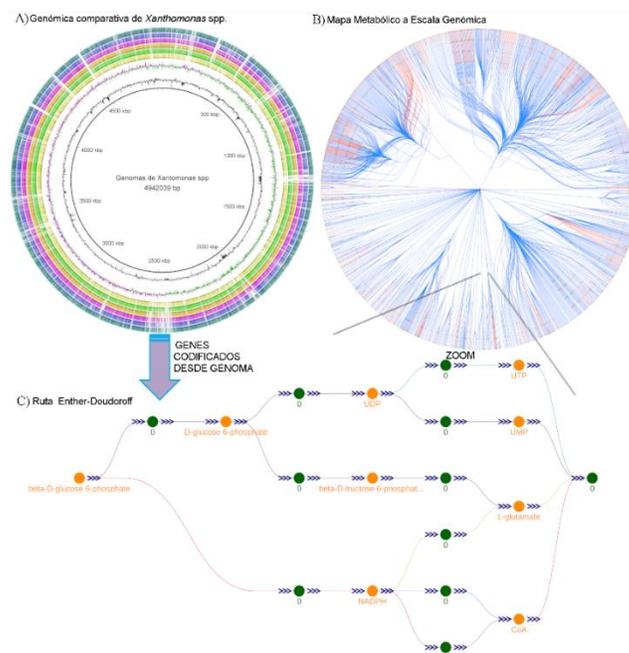


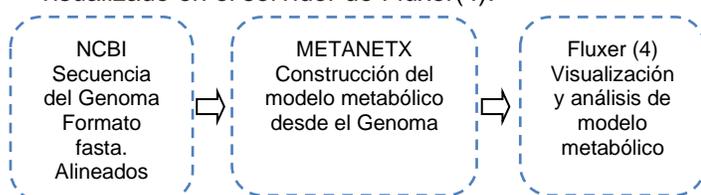
Fig. 1. Mapa comparativo de genomas de *Xanthomonas spp.* B) Mapa metabólico a escala genómica de *Xanthomonas campestris*; se presenta el % GC (rojo) y GC Skew (negro). C) Ruta metabólica Entner-Doudoroff.

Conclusiones. Esta aproximación permite observar la complejidad genómica y su traducción a enzimas a nivel metabólico dentro del género *Xanthomonas spp.*

Agradecimiento. Al proyecto CONACYT 320012, Comparación funcional y Predicción de rutas metabólicas utilizando algoritmos genéticos, programación dinámica y Cadenas ocultas de Markov. Responsable: Dr. Ernesto Pérez-Rueda.

Bibliografía.

- 1-Timilsina, S., et al. (2020). *Nature Reviews Microbiology*, 18(8), 415-427.
- 2-Candido da Silva, L. C., et al. (2017). (pp. 385-422). Academic Press.
- 3-Moretti, S., et al. (2021). *Nucleic Acids Research*, 49(D1), D570-D574.
- 4-Hari, A., & Lobo, D. (2020). *Nucleic Acids Research*, 48(W1), W427-W435.
- 5-Schatschneider, S., et al. (2014). *Molecular BioSystems*, 10(10), 2663-2676.



Resultados.

En primera instancia realizamos una comparación de diferentes genomas de *Xantomonas* (Figura 1): *X. campestris* (genoma referencia) *X. albilineans* (amarillo); *X. arbuticola* (verde); *X. axonopodis* (naranja); *X. citri* (rosa); *X. orizae* (azul) y *X. phaseoli* (verde). En el modelo metabólico de *Xanthomonas campestris* se presentan 1558 metabolitos y 2294 reacciones, se muestran el flujo de las reacciones que van en sentido y anti-sentido al punto central del mapa, el cual muestra un acercamiento a las reacciones del mapa metabólico. Se muestra como ejemplo el paso de la ruta *Entner-Doudoroff* de beta-D-glucosa-6-fosfato hasta CoA, para la maduración de poliprenol que forma parte de la pared celular (5).



ANÁLISIS METAGENÓMICO DEL EFECTO DE DOS BIOHERBICIDAS Y ATRAZINA SOBRE EL MICROBIOMA BACTERIANO DEL SUELO

Valladares-López, Perlita del Mar¹, Rodríguez-Ávila, Norma Laura^{1§} y Soto-Barajas, Milton Carlos¹.

¹Tecnológico Nacional de México, Campus Instituto Tecnológico de Chiná. Calle 11 s/n entre 22 y 28. Chiná, Campeche, México. CP: 24520. [§]Autor de correspondencia: norma.ra@china.tecnm.mx

Palabras clave: microbioma del suelo, efecto alelopático, herbicida.

Introducción. En el Estado de Campeche es común el uso de agroquímicos convencionales que pueden llegar a perturbar el equilibrio del suelo y modificar sus características biológicas y fisicoquímicas. Una de las alternativas más sustentables y respetuosas con el medio ambiente es el uso de productos naturales (Cuartas-Muñoz y García-Vergara, 2017). En estudios previos se reportó la eficacia de los extractos alelopáticos de *Metopium brownei* (MB) *Viguiera dentata* (VD) para el control de malezas (López-Vadillo, 2021), sin embargo, poco se conoce respecto al efecto que estos extractos pudieran tener sobre la microbiota del suelo.

El objetivo de este estudio fue analizar el estado de los microbiomas bacterianos presentes en suelos tratados con herbicidas elaborados con extractos crudos de *M. brownei* y *V. dentata* solos o combinados con el herbicida de síntesis química atrazina,

Metodología. Se secuenció el ADN metagenómico de muestras de suelo a las que se le aplicaron 12 tratamientos consistentes en combinaciones de los extractos de MB, VD y atrazina. Se llevó a cabo el análisis bioinformático utilizando Dada2 y Uclust desde Qiime v.1.9.1. y la base de datos de Zymo, de ZymoBIOMICS ® para la asignación taxonómica. Se realizó una revisión bibliográfica de la función en el suelo o las plantas de los taxones de microorganismos identificados, con lo cual se construyó una base de datos. Se analizaron los mapas de calor obtenidos a nivel de género, describiendo la abundancia y diversidad en los tratamientos. Posteriormente se realizó la asignación funcional de los taxones más abundantes.

Resultados. Los suelos que presentaron la mayor diversidad de taxas fueron los rizosféricos tomados de áreas tratadas con atrazina y extractos de VD, AMAX_VD_R y AMIN_VD_R. La menor diversidad se observó en suelos no rizosféricos (AMIN_VD_NR y AMAX_NR). Así mismo, los tratamientos en cuya composición estuvieron presentes extractos de *M. brownei*, presentaron mayores valores de abundancia para los taxones más significativos. *Gaiellales* y *Acidobacteria* resultaron los grupos más abundantes, seguidos de *Variibacter*, *Acidimicrobiales*, *Solirubrobacterales*, *Bacillus*, *Rubrobacter* y *Arthrobacter*, todos ellos con función benéfica para el desarrollo de suelos y cultivos. Por otro lado, *Microvirga*, *Geodermatophilus* y *Kransilnikovia* se obtuvieron con menor abundancia.

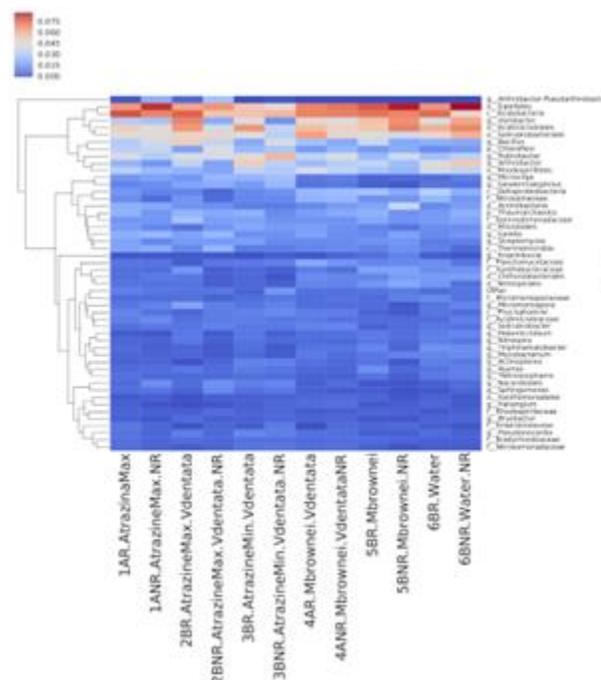


Fig. 1. Mapa de calor sin agrupación de muestras. Nivel género.

Conclusiones. En general, los tratamientos evaluados no inhibieron el desarrollo de taxones edáficos con función benéfica, al compararse la biodiversidad observada con la muestra control (agua).

Agradecimientos. Al Tecnológico Nacional de México por el financiamiento otorgado en el marco del proyecto con Clave: 6380. 19-P.

Bibliografía.

- Cuartas-Muñoz, P. A., y García-Vergara, K. D. (2017). Estudio de viabilidad comercial de un producto natural para la salud en la ciudad de Cali [Tesis de Licenciatura]. Universidad Autónoma de Occidente. Disponible en <https://red.uao.edu.co/bitstream/handle/10614/9839/T07506.pdf?squence=3yisAll o wed=y>
- López-Vadillo, A. E. (2021). Una revisión sobre el comportamiento de los bioplaguicidas en el suelo y determinación del efecto de *Metopium brownei* (chechén) y *Viguiera dentata* (tajonal) como potenciales herbicidas [Tesis de Maestría]. Maestría en Ciencias en Agroecosistemas Sostenibles. Instituto Tecnológico de Chiná.



Estudio de la inhibición de la acetil-coenzima A carboxilasa por lipopéptidos cíclicos por análisis *in silico*

Victor Alfonso Chan-Pech¹, Karina Roxana Ake-Ake¹, Lizbet Beatriz Yan-Chi¹, Filiberto Ortiz-Chi², Dany Alejandro Dzib-Cauich¹, Luis Alfonso Can-Herrera¹, Rosa Yazmin Us-Camas¹, Emmanuel Chí-Gutiérrez y Nubia Noemi Cob-Calan^{1*}

¹ Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico Superior de Calkini, C.P., Conkal, Yucatán, México; ncalan@itescam.edu.mx

² Investigadoras e Investigadores por México – División Académica de Ciencias Básicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, Cunduacán 86690, México; fortiz666@gmail.com

* Correspondence: 6401@itescam.edu.mx (V.C._P); Tel.: +52-981-1853653

Acetyl Coenzyme A Carboxylase (ACC) is an enzyme that catalyzes the formation of malonyl-CoA and regulates the biosynthesis and oxidation of fatty acids (1-6). ACC is a target for the development of treatments and microbial diseases (7-10), in addition to presenting active sites for commercial herbicides (11). The ACCs from animals, fungi, and plant cytosols are called eukaryotic ACCs [1], being heterodimeric enzymes contained in a single large multidomain (≈ 250 KDa). Eukaryotic ACCs consists of four polypeptide subunits: biotin carboxylase (BC), the biotin carboxyl transporter protein (BCCP), and two carboxyl transferases (alpha [α CT] and beta [β CT]).

Despite its economic importance, the structure of ACC and its molecular interactions with known inhibitors has been little studied. Currently, crystal ACC structures are only available for the BC and BCCP subunits of the *Escherichia coli* enzyme [2] and for a CT domain isolated from *Saccharomyces cerevisiae* ACC [3].

Soraphen A has demonstrated strong promise as a broad-spectrum fungicide against various plant pathogenic fungi (Pridzun et al., 1995). Genetic and biochemical studies show that soraphen A is a potent inhibitor of eukaryotic ACCs, and specifically their BC domains (Gerth et al. 1994, Gerth et al. 2003, Pridzun 1991, Vahlensieck and Hinnen 1997, Vahlensieck et al. 1994). In this context, lipopeptides produced by *Bacillus* and *Pseudomonas* spp. as an alternative to the soraphen as an inhibitor. Lipopeptides are cyclic compounds with low molecular weight, from 1000-2000 Da, and antimicrobial potential. They are compounds synthesized by specific gene namely nonribosomal peptides synthetase (NRPS) via a multienzyme biosynthesis pathway. Iturin, Surfactin and fengycin are three major families reported from *Bacillus* groups and mainly composed of a hydrophilic amino acid (7-10 amino acids) linked with a hydrophobic fatty acid tail.

Currently, the search for new candidate target molecules in pathogenic fungi and other plant pathogens has become more efficient with the help of computer simulated molecular coupling studies. In this work an *in silico* study of the molecular interaction of the lipopeptides iturin A,

fengycin and surfactin with the enzyme acetyl-CoA was carried out to identify which molecule has the highest affinity with respect to the catalytic site. Acetyl-CoA was stabilized and validated. Molecular coupling studies reveal the interactions between cyclic lipopeptides and the BC domain.

References

1. Huerlimann, R.; Heimann, K. Comprehensive guide to acetyl-coxylases in algae. *Crit. Rev. Biotechnol.* **2013**, *33*, 49–65.
2. Cronan, J.E.; Waldrop, G.L. Multi-subunit acetyl-CoA carboxylases. *Prog. Lipid Res.* **2002**, *41*, 407–435.
3. Zhang, H. Crystal Structure of the Carboxyltransferase Domain of Acetyl-Coenzyme A Carboxylase. *Science (80-)*. **2003**, *299*, 2064–2067.



ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA DE DIFERENTES KEFIRES DE MÉXICO

Flor A. Hoil Centeno¹ Silvia Tenorio Salgado¹, Alejandra Vega Magaña², Luis Jave Suárez³, Sara Solís Pereira¹, Víctor Moo Huchin¹, Enrique Sauri Duch¹, Gabriel Lizama Uc¹.

¹Tecnológico Nacional de México. Instituto Tecnológico de Mérida. Laboratorio de biotecnología molecular. Av. Tecnológico km. 4.5 S/N. Mérida, Yucatán, México. ²Universidad de Guadalajara. Centro Universitario de Ciencias de la Salud. Laboratorio de Enfermedades Emergentes y Reemergentes. Sierra Mojada No. 950, Col. Independencia. Guadalajara, Jalisco, México. ³Instituto Mexicano del Seguro Social. Centro de Investigación Biomédica de Occidente. Sierra Mojada No. 800 Col. Independencia. Guadalajara, Jalisco, México.
mg21080608@merida.tecnm.mx

Introducción. La bebida de kéfir es uno de los productos lácteos probióticos preferidos en los últimos años, debido a sus profundos efectos antimicrobianos, antibacterianos, antitumorales, antihipertensivos, antioxidantes, anticancerígenos e hipocolesterolémicos (1). Este producto se obtiene utilizando consorcios en forma de gránulos conteniendo una mezcla compleja de bacterias y levaduras. Diversos estudios han reportado que la composición microbiana del kéfir varía de acuerdo con los microorganismos presentes y esto es afectado por la zona geográfica de la cual provienen (2). El objetivo de esta investigación fue identificar las bacterias presentes en los granos de kéfir obtenidos de diferentes regiones de México.

Metodología. Se obtuvieron muestras de gránulos de kéfir de 7 localidades diferentes: Campeche, Escárcega, Oaxaca, Veracruz, Cuajimalpa, Pedregal de San Nicolás y San José Cuajimalpa. Se mantuvieron sin agitación en leche entera marca San Marcos a una temperatura de 27°C. Para la caracterización se realizaron análisis fisicoquímicos en diferentes tiempos de fermentación. Se determinó el porcentaje de ácidos orgánicos totales de acuerdo con la norma mexicana (NMX-F-420-1982), el pH, y la capacidad antioxidante mediante el ensayo de poder antioxidante reductor férrico (FRAP). Para la determinación de diversidad microbiana se tomó una muestra de 5 de los gránulos de kéfir y se le realizó una extracción de ADN utilizando el kit GeneJET Genomic DNA purification. Posteriormente se secuenció utilizando como marcador molecular el gen 16S rRNA y se realizó el análisis funcional y filogenético utilizando los servidores Metagenomic Rapid Annotations using Subsystems Technology (MG-RAST) y Kaiju.

Resultados. Se observó un incremento en la producción de ácido láctico y ácido acético en los kéfirs de todas las localidades respecto al tiempo. La localidad que alcanzó la mayor producción de ácido láctico y ácido acético fue Veracruz, por otro lado, Escárcega y Campeche presentaron los valores de acidez más bajos. Con relación al pH, las 7 localidades presentaron el mismo comportamiento,

una disminución de pH.

El poder reductor de los kéfirs fue aumentando respecto al tiempo, el mayor poder reductor se observó en el kéfir de San José Cuajimalpa, siendo Campeche quien presentó el valor más bajo. Se identificaron principalmente cuatro filos bacterianos Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes. Los niveles de Firmicutes fueron del 82 al 99%, mientras que los niveles para Proteobacteria fueron del 0.43 a 17.3%. En la figura 1 se pueden observar los resultados a nivel de género, se encontró predominante *Lactobacillus* para todos los kéfirs con un porcentaje que va desde el 89 al 99%, siendo el porcentaje mayor para San José Cuajimalpa. Las localidades que presentaron mayor diversidad a nivel de género fue Veracruz.

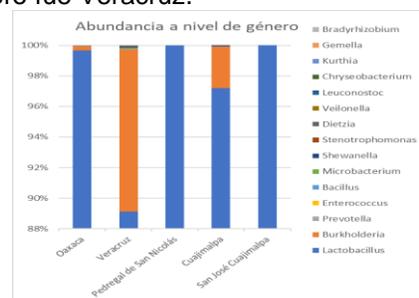


Figura 1. Gráficos de barras apiladas que presentan los porcentajes de incidencia a nivel de género de 5 granos de kéfir de diferentes localidades.

Conclusiones. Se observó un alto nivel de diversidad en los granos de kéfir, las comunidades microbianas del kéfir corresponden principalmente a bacterias del género *Lactobacillus*, que son el principal grupo de BAL coincidiendo así con los resultados obtenidos en la producción de ácido láctico. Este estudio demostró que la composición de especies microbianas de los granos de kéfir de diferentes localidades puede deberse a factores como el origen de los gránulos.

Bibliografía

- Pedrozo, M., Cardoso, P. (2010). Diversity of bacteria present in milk kefir grains using culture-dependent and culture-independent methods. *Food Research International*, 43: 5. pp 1523-1528.
- Miguel, P.G. Cardoso, L. de Assis Lago, R.F. Schwan. (2010). Diversity of bacteria present in milk kefir grains using culture-dependent and culture-independent methods. *Food Research International*, 43, pp. 1523-1528



REAXYS®, INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA ANÁLISIS DE RELACIONES ESTRUCTURA ACTIVIDAD BIOLÓGICA COMO ESTRATEGIA DE ALFABETIZACIÓN INFORMACIONAL UNIVERSITARIA

Thadeus S. León Castillo¹, Rosa María Hernández García, Ruth López Alcántara², José Efraín Ramírez Benitez¹, Ariadna Garza-Ortiz¹

¹Facultad de Ciencias Químico Biológicas, ²Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad Autónoma de Campeche, Av. Ing. Humberto Lanz Cárdenas s/n, Col. Ex-Hacienda Kalá, 24085, Campeche, México. arigarza@uacam.mx.

Palabras clave: Reaxys®, relaciones estructura-actividad, alfabetización informacional

Introducción. En 1868, Crum-Brown y Fraser (1) plantean que el efecto biológico de una sustancia se debe a la composición y constitución. Así, el estudio de la relación existente entre la estructura química, las propiedades fisicoquímicas, la reactividad y la respuesta biológica es indispensable en desarrollo de nuevas moléculas con propiedades terapéuticas. El análisis de estas relaciones estructura actividad biológica (EAB) se enseña revisando familias de fármacos con alguna función particular y considerando la solubilidad en agua, coeficientes de partición, etcétera. El desarrollo de modelos matemáticos actualmente incorpora esos conocimientos y, gracias al avance tecnológico, se cuenta con mejores predictores de actividad biológica para el desarrollo de fármacos efectivos. El estudio de estos modelos, no se contempla en los programas educativos universitarios. Sin embargo, la alfabetización mediática e informacional entendida como habilidades y actitudes que permiten a las personas interactuar con proveedores de información para el desarrollo de pensamiento crítico y aptitudes para el aprendizaje es deseable en los estudiantes (2).

Este trabajo propone el uso de Reaxys® (3), una base de datos químicos, como una herramienta de inteligencia artificial en la alfabetización informacional de estudiantes universitarios a partir una estrategia de aprendizaje basado en problemas en el que se analizan las relaciones EAB de compuestos con dianas terapéuticas reconocidas.

Metodología. A partir de la formulación del problema y empleando Reaxys®, se pretende desarrollar una serie de conocimientos, habilidades y actitudes informacionales para desarrollar el pensamiento crítico en las relaciones EAB para sustancias químicas seleccionadas, sin usar cálculos moleculares.

Resultados. Reaxys® es una base de datos a la que se accede vía una suscripción. Se debe familiarizar a los usuarios con la base de datos pues, el empleo de los datos y los motores de búsqueda apropiados, permitirá una búsqueda especializada y el ejercicio del pensamiento crítico para el análisis de las relaciones estructura EAB. Reaxys® emplea aprendizaje automático para ayudar a los usuarios para encontrar, conectar y usar la información química de diferentes áreas y fuentes de información.

Problema: Estudiar las relaciones EAB para una familia de compuestos empleados en el tratamiento de diabetes tipo II que es causada por un proceso de resistencia a la insulina. Se sabe que la deficiencia de la proteína SCD1 (tejido adiposo) se asocia a ausencia de enfermedad. Hay además la isoforma SCD5 (tejido cerebral), por lo que un prometedor compuesto deberá ser capaz de inhibir la actividad de SCD1, afectando mínimamente la actividad de SCD5.

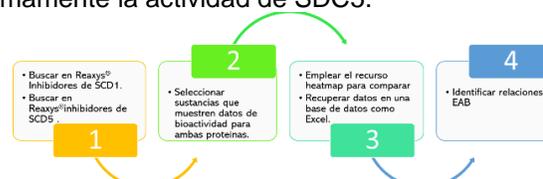


Fig. 1. Proceso de búsqueda en Reaxys® para entender relaciones EAB.

Usando la herramienta Query builder en Reaxys® se hace búsqueda a partir de la diana (Target Name) y la acción inhibitoria (Substance Action) en humanos. Se obtienen 2133 sustancias para SCD1 y 2520 para SCD5. Usando el operador booleano AND se hallan 2067 sustancias comunes. Construyendo el Heatmap pueden organizarse los datos por actividad (pX) y revisarse las estructuras, actividad y su relación. Se buscan compuesto que inhiba SCD1.

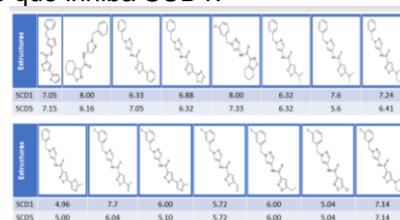


Fig. 2. Resultados arrojados por Reaxys® para analizar relaciones EAB.

Conclusiones. Es posible el desarrollo de estrategias de aprendizaje que estimule el análisis de las relaciones EAB a partir del uso de Reaxys®. El análisis de los datos obtenidos permite el desarrollo de pensamiento crítico de los estudiantes a partir del planteamiento de un problema y simultáneamente se mejora su alfabetización informacional.

Bibliografía

1. Crum-Brown A, Fraser TR. (1868) *Trans. R. Soc. Edinburgh*. 25:151-203.
2. Wilson C. (2012) *Sci J Media Edu*. 39:1-12.
3. <https://www.elsevier.com/solutions/reaxys/higher-education/teaching-chemistry>.



OBTENCIÓN DE MODELOS 3D DE UN PEPTIDO DE *Rickettsia rickettsii* ACOPLADO A MOLÉCULAS DEL HLA II

Karla Arroyo Solís, Carlos Peña Bates, Juan José Arias León, Fernando Puerto Manzano, Karla Dzul Rosado

Centro de Investigaciones "Dr. Hideyo Noguchi" Facultad de Medicina. UADY, Mérida, Yucatán, 97000,
alejandraarro992@gmail.com karla.dzul@correo.uady.mx

Palabras clave: Rickettsia rickettsii, respuesta inmune, in silico

Introducción. La Fiebre Manchada de las Montañas Rocosas (FMMR), es una enfermedad infecciosa, emergente causada por la bacteria *Rickettsia rickettsii*. Por sus síntomas, la FMMR es usualmente mal diagnosticada lo que atrasa su tratamiento y puede concluir en un desenlace fatal (1). Debido a esto estudios se han enfocado en la búsqueda de antígenos para el desarrollo de diagnósticos y vacunas (2). El acoplamiento molecular o docking molecular es una técnica computacional que predice la conformación de una molécula a partir de las interacciones con otra. Estas predicciones son alternativas para la obtención de estructuras y en los últimos años se han utilizado en el diseño de fármacos (3).

En este trabajo se realizó un acoplamiento molecular de péptidos inmunogénicos de la proteína OmpB de *R. rickettsii* obtenidos mediante herramientas bioinformáticas con el fin de visualizar un modelo 3D de la conformación péptido-HLA.

Metodología. A partir de una investigación previa se obtuvieron 10 péptidos inmunogénicos de la proteína OmpB de *R. rickettsii*. Con las 10 secuencias se construyó un péptido de mayor tamaño compuesto de 24 aminoácidos y se encuentra en una región semi conservada en las especies de *Rickettsia* sp. Para el acoplamiento molecular se obtuvieron las estructuras cristalinas de las moléculas HLA-DRB1*0101, HLA-DRB1*0401 y HLA-DRB1*1101 del RCSB Protein Data Bank. A través del programa Discovery Studio 3.5 Client, el agua y cualquier otra molécula heterogénea fueron removidas de las estructuras para evitar complicaciones en el acoplamiento. Se utilizó el servidor GalaxyPepDock para la predicción de los modelos. Para la selección del modelo, se tomaron en cuenta los puntajes de similitud de la estructura de la proteína, similitud de interacción y la precisión estimada, así como también el número de puentes de hidrógeno. Los modelos fueron visualizados en PyMOL Molecular Graphics System.

Resultados. En el acoplamiento molecular (Figura 1) se observa la unión exitosa del péptido construido en el surco de unión de los alelos HLA-DRB1*0101, HLA-DRB1*0401 y HLA-DRB1*1101 del HLA clase II. Los péptidos tienden

a unirse fuertemente en el surco del alelo para poder construir una estructura estable. Los puntajes de similitud de la estructura proteica (TM-score) representan la similitud estructural entre la proteína predicha y la reportada en bases de datos, una similitud perfecta tiene un valor de 1, los modelos tuvieron puntajes de 0.981, 0.979 y 0.962 para los alelos HLA-DRB1*0101, HLA-DRB1*0401 y HLA-DRB1*1101, respectivamente. Igualmente, el número de puentes de hidrógenos formados entre el péptido y el surco de unión de la molécula de HLA determina la fuerza con la que estas dos moléculas se unen entre sí, entre más puentes de hidrogeno se observen mejor es la unión, en estos modelos obtuvimos 16, 22 y 16 puentes de hidrogeno para los alelos HLA-DRB1*0101, HLA-DRB1*0401 y HLA-DRB1*1101, respectivamente.

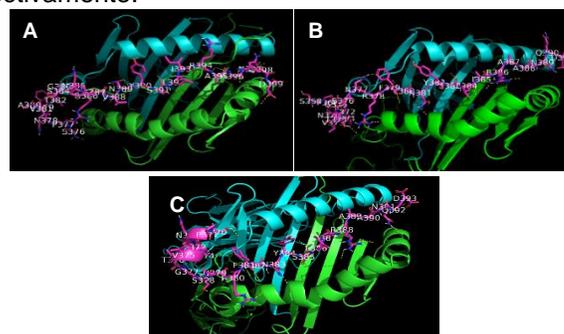


Figura 1. Modelos del acoplamiento molecular del péptido construido y los haplotipos del HLA II. A) Acoplamiento molecular con HLA-DRB1*0101, B) Acoplamiento molecular con HLA-DRB1*0401, C) Acoplamiento molecular con HLA-DRB1*1101 y el péptido madre.

Conclusiones. El péptido construido con epítopos obtenidos con herramientas bioinformáticas es afín y puede unirse a las moléculas de HLA II por lo que tienen el potencial de activar una respuesta inmunitaria similar a la infección con *R. rickettsii*. Los modelos 3D dan una aproximación de las interacciones entre una molécula y la molécula diana.

Bibliografía.

1. Blanton LS. (2019). *Infect Dis Clin North Am.* 33(1):213-29.
2. Osterloh A. (2020). *PLoS Negl Trop Dis.* 14(10):e0008704.
3. Ciemny M, Kurcinski M, Kamel K, Kolinski A, Alam N, Schueler-Furman O, et al. (2018) *Drug Discov Today.* 23(8):1530-7.



IDENTIFICACIÓN MOLECULAR Y DIFERENCIAS DE BACTERIAS PROBIÓTICAS AISLADAS DE UNA VARIANTE DE LA BEBIDA TRADICIONAL FERMENTADA “BALCHÉ”

Tania Montejo Santos, Raquel Amor Morales Jiménez, Minerva Aurora Hernández Gallegos, Nelly Cristina Aguilar Sánchez, Angélica Alejandra Ochoa Flores, Paulina Estrada de lo Santos, José Rodolfo Velázquez Martínez.

DAMJM, UJAT, Jalpa de Méndez, 86205. DACA, UJAT, Villahermosa, 86280. ENCB, IPN, CDMX, 11340, jrodolfovelazquez@gmail.com

Palabras clave: Probióticos, bioseguridad, filogenética, colesterol, actividad antioxidante, cinética de crecimiento, biopelícula.

Introducción. Los probióticos son bacterias que generan un beneficio a la salud del hospedero al ser ingeridos. Las pruebas bioquímicas son muy útiles para investigar la seguridad alimentaria de las bacterias y los beneficios a la salud que estos proveen, la identificación molecular a nivel de especie y caracterización genómica permiten la identificación genes adversos a la función probiótica (1).

Metodología. En un trabajo previo se lograron aislar 2 cepas de bacterias con potencial probiótico (nombradas C13.1A y 4.7.1B) de una bebida fermentada tipo “balché” las cuales al ser aisladas demuestran características morfológicas diferentes. Para lograr el objetivo de la investigación, a ambas cepas se les realizó: identificación molecular por medio de la secuencia de ARN ribosomal 16S, cinética de crecimiento de 24 horas por conteo en placa (2), determinación de capacidad de reducción de colesterol (3), determinación de actividad antioxidante (DPPH) (4) y cuantificación de producción de biopelícula (5).

Resultados. En el análisis filogenético se identificó que ambas cepas pertenecen al género *Bacillus spp.* Las cepas presentaron ciertas similitudes en los resultados de cinética de crecimiento, reducción de colesterol y capacidad antioxidante. La diferencia principal de las bacterias es su morfología colonial, llamando mayormente la atención las diferencias entre los centros y bordes de las colonias, así como también su tamaño. La segunda diferencia significativa fue la cantidad de producción de biopelícula, en la cual a pesar de que ambas se clasificaron como productoras fuertes de biopelícula, la bacteria denominada como 4.7.1B fue la mayor productora de las dos.

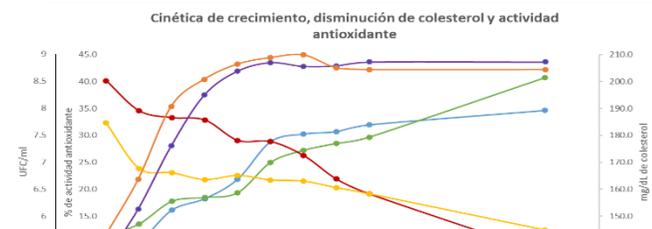


Fig. 1. Gráfica comparativa de resultados de cinética de crecimiento, capacidad de disminución de colesterol y actividad antioxidante de la bacteria C13.1A y 4.7.1B.

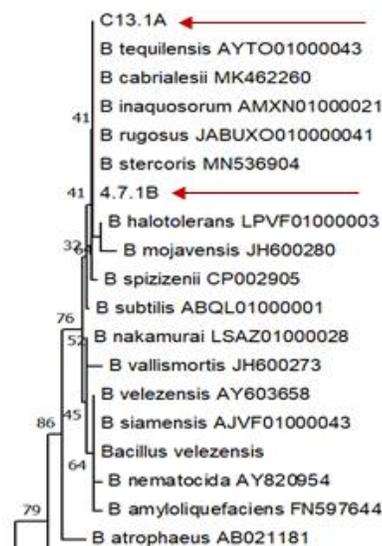


Fig. 2. Árbol filogenético de ambas cepas. La historia evolutiva se determinó por medio del método Neighbor-Joining, con 1000 repeticiones de Bootstrap y las distancias evolutivas se calcularon usando el método Kimura-2 parámetro.

Conclusiones. Aunque ambas cepas pertenezcan al género *Bacillus spp.*, y tengan ciertas similitudes en los resultados de las pruebas realizadas, estas presentan diferencias marcadas en los aspectos de morfología colonial y formación de biopelícula, por lo que se propone llevar a cabo la secuenciación completa del genoma de cada una para su correcta identificación molecular.

Agradecimientos. Al laboratorio de Biotecnología Microbiana de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del Instituto Politécnico Nacional por su apoyo durante esta investigación.

Bibliografía.

- Saarela, M. H. (2019). *Current Opinion in Food Science*, vol. 30: 8-13.
- Vargas, J. F. C. (2017). Ajuste de un modelo cinético para el crecimiento de *Lactobacillus Acidophilus* en la fermentación de un sustrato complejo. 78.
- Ziarno, M. (2007). *Acta Scientiarum Polonorum Technologia Alimentaria*, 6(1), 83-94.
- Xing, J., Wang, G., Zhang, Q., Liu, X., Gu, Z., Zhang, H., Chen, Y. Q., & Chen, W. (2015). *PLOS ONE*, 10(3).
- Shakeri, S., Kermanshahi, R. K., Moghaddam, M. M., & Emtiazi, G. (2007). *Biofouling*, 23(2), 79-86.



EFECTO DE DIFERENTES DIETAS CON PROBIÓTICOS EN LA CARACTERIZACIÓN MICROBIANA EN UN SISTEMA DE CULTIVO DE *Litopenaeus vannamei* SUPLEMENTADO CON BIOFLOCS

Roberto Vázquez-Euán¹, Estefanía Garibay-Valdez², Luis R. Martínez-Córdova¹, Kadiya Calderón¹ (kadiya.calderon@unison.mx)

¹ Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Universidad de Sonora, Blvd. Luis Donaldo Colosio S/N. CP., 83000, Hermosillo, Sonora, México. ² Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A. C., Carretera Gustavo Enrique Astiazarán Rosas, NO. 46, C.P. 83304, Hermosillo, Sonora, México.

Palabras clave: Biofloc, Camarón blanco, Microbiota.

Introducción. El camarón blanco (*Litopenaeus vannamei*) es de los animales más exitosos y valiosos de la acuicultura a nivel mundial¹. Sin embargo, su producción ha sido fuertemente afectada por diversos patógenos. Se ha demostrado que algunos brotes de patógenos pueden ser prevenidos usando la tecnología de bioflocs (BFT) en los cultivos de camarones, la cual es capaz de modificar benéficamente la proliferación de comunidades bióticas particulares que mejoran la calidad del agua y que sirven como alimento vivo de los camarones², por lo que identificar y estudiar la microbiota en el sistema de cultivo de los camarones permite la identificación temprana de patógenos potenciales y la de microorganismos benéficos³.

El propósito de este trabajo fue determinar la diversidad y composición de la comunidad bacteriana en los biofloc, el agua y el tracto digestivo del camarón blanco, cultivado a escala de laboratorio en un sistema BFT alimentado con tres dietas con diferentes probióticos.

Metodología. El bioensayo fue realizado durante 30 días con 45 camarones juveniles (17 g ± 2g) distribuidos aleatoriamente en cada uno de 12 tanques de cultivo en condiciones controladas al interior del laboratorio. Se analizaron por triplicado tres dietas (en proceso de patente), únicamente diferenciadas por un probiótico añadido, aislado de organismos acuáticos y comparadas con un alimento comercial como control con las mismas características de contenido de proteína y grasa. Los tratamientos se analizaron por metagenómica para observar la riqueza y diversidad de especies⁴ y se realizó un análisis de coordenadas principales (ACP) para evaluar la estructura del microbioma en el agua, los bioflocs y el intestino de los camarones. La calidad del agua fue monitoreada diariamente.

Resultados. Los parámetros de la calidad del agua no mostraron diferencias significativas ($p < 0.05$) entre los tratamientos, estando dentro de los parámetros de cultivo normales para camarones. En el análisis metagenómico, se obtuvieron un total de 7,979,401 secuencias útiles a partir de 54 muestras del agua (n=21), intestino (n=21) y biofloc (n=12). La diversidad alfa se comprobó con el índice Shannon y las curvas de

muestras fueron agrupadas de acuerdo al tipo de bioflocs (control, BBR, EAO y EAT) y ambiental (biofloc, agua o intestino). Los fila con la más alta abundancia en el sistema entero fueron Proteobacteria, Bacteroidetes y Actinobacteria. A nivel de orden, los microorganismos más abundantes fueron las Rhodobacterales, Flavobacterales, Alteromonadales y Chitinofagales (Fig. 1A). El ACP de la composición del microbioma explica la variabilidad del 62 % entre los microbiomas del agua, los biofloc y el intestino de los camarones (Fig. 1B). Se observó una fuerte separación entre los perfiles taxonómicos de los tres ambientes, siendo más diferenciada entre el agua y el intestino.

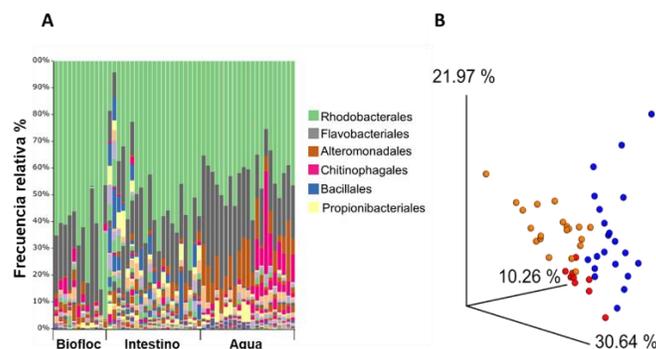


Fig. 1. (A) Perfil taxonómico a nivel de orden presente en biofloc, agua y el intestino de los camarones en un sistema de cultivo. **(B)** ACP de la composición microbiana. El color rojo muestra la estructura de la comunidad en el biofloc, el azul en el intestino y el naranja en el agua.

Conclusiones. Los sistemas BFT son una excelente opción para añadir probióticos como fuente natural de alimento, mejorando la microbiota de los camarones. El conocimiento surgido de este trabajo puede ayudar a diseñar estrategias innovadoras para manipular la estructura de la comunidad microbiana por medio de los bioflocs en el agua y el intestino de los camarones.

Bibliografía

1. Action, I. (2020). World Fisheries and Aquaculture.
2. Martínez-Porchas, M., & Vargas-Albores, F. (2017). Rev Aqua 9: 42-56.
3. Cornejo-Granados, F., Gallardo-Becerra, L., Ochoa-Romo, J. P., & Ochoa-Leyva, A. (2018). PeerJ, 6, e5382.
4. Camarinha-Silva, A., Jáuregui, R., Chaves-Moreno, D., Oxley, A. Pieper, D. H. (2014). Environ Microbiol, 16(9), 2939-2952.



PERFIL METABOLÓMICO DE TEJIDOS INDIFERENCIADOS DE DOS GRUPOS VARIETALES DE CHAYOTE (*Sechium edule* (JACQ). SWARTZ) ELICITADOS CON METIL JASMONATO

Ivonne N. Bravo-Ruiz¹, Eliel Ruiz-May², Juan L. Monribot-Villanueva², José A. Guerrero-Analco², María T. González-Arnao¹, Carlos A. Cruz-Cruz¹,

¹ Universidad Veracruzana Facultad de Ciencias Químicas, Orizaba, Veracruz, México.

¹ Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Veracruzana, Prolongación de Oriente 6 # 1009, Orizaba 94340, Veracruz, México.

² Instituto de Ecología, A.C. (INECOL)—Clúster Científico y Tecnológico BioMimic®, Red de Estudios Moleculares Avanzados, Carretera Antigua a Coatepec 351, El Haya, Xalapa 91073, Veracruz, México. Correo electrónico: calacruz@uv.mx.

Palabras clave: *Sechium edule*, elicitación *in vitro*, metabolómica

Introducción. El chayote (*Sechium edule* (Jacq). Swartz) es una hortaliza endémica de Veracruz utilizado en la dieta diaria y en la medicina tradicional debido a su alta actividad biológica (1). El cultivo *in vitro* de células y tejidos vegetales de *S. edule* es una alternativa para la síntesis y obtención de metabolitos secundarios de interés industrial y farmacológico de una forma constante y en condiciones controladas. La aplicación de elicitors, como el metil jasmonato (MeJa), permiten obtener y potenciar la síntesis de compuestos con alto valor agregado, representando una alternativa atractiva para su producción (2). Por lo anterior, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el perfil metabolómico de tejidos indiferenciados de *S. edule* (*nigrum xalapensis* y *virens levis*) elicitados con metil jasmonato a concentraciones de 25, 50 y 100 μM a las 24 y 48 h.

Metodología. El establecimiento *in vitro* de *S. edule* se realizó a partir de embriones provenientes de frutos maduros. Se indujo la formación de células indiferenciadas en dos grupos varietales de chayote (*virens levis* y *nigrum xalapensis*) con 2,4-D. El perfil metabolómico por UPLC-MS fue realizado a partir de análisis bioinformático no dirigido con el software libre Metaboanalyst 5.0, determinando factores de enriquecimiento de rutas metabólicas y metabolitos secundarios, evaluando la respuesta de tejidos indiferenciados de chayote sobre la concentración y tiempo de exposición de MeJa como agente elicitor.

Resultados. La inducción de células indiferenciadas friables en *S. edule* se obtuvo a una concentración de 1 mgL^{-1} de 2,4-D a partir de tejido foliar. Se identificó que la aplicación de MeJa como agente elicitor en tejido caloso de chayote es capaz de aumentar el factor de enriquecimiento en la rutas metabólicas del ácido α -linolénico y ácido araquidónico, promoviendo la biosíntesis de metabolitos secundarios asociados a la síntesis de terpenos como el geranilgeranil-PP a concentraciones de 25 μM de MeJa en *virens levis* y 100 μM de MeJa en *nigrum xalapensis* a las 24 h.

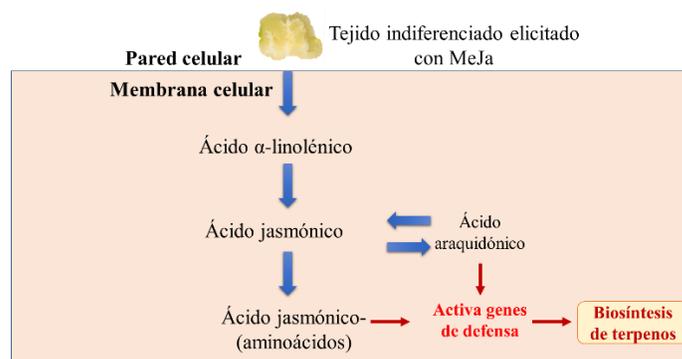


Figura 1. Respuesta metabólica del tejido indiferenciado de *S. edule* elicitado con MeJA.

Conclusión. El MeJa como agente elicitor es capaz de promover la biosíntesis de terpenos mediante cascadas de señalización en los tejidos indiferenciados de *Sechium edule*. Sin embargo, la acumulación de los metabolitos secundarios depende del grupo varietal analizado.

Agradecimiento: Al Instituto de ecología (INECOL) y Universidad Veracruzana por las facilidades de infraestructura y apoyo técnico para realizar la investigación.

Bibliografía

- Cadena-Iñiguez, J., Soto-Hernández, M., Arévalo-Galarza, M., Avendaño-Arrazate, C.H., Aguirre-Medina, J.F. y Ruiz-Posadas, L. (2011). *Revista Chapingo. Serie horticultura*, 17:45-55
- Arias, M., Aguirre, A., Angarita, M., Montoya, C. y Restrepo, J. (2009). *Dyna*, 76(157):109-121