



MEMORIAS



7ma EDICIÓN DE LA
JORNADAS DE
INVESTIGACIÓN EN
CIENCIAS BIOLÓGICAS

26-29 DE SEPTIEMBRE DE 2023

<https://jornadasbiologicas.uaz.edu.mx>

**COMITÉ CIENTÍFICO DE LA 7ª ED DE LAS JORNADAS DE
INVESTIGACION EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

- Dra. Gloria Guillermina Guerrero Manriquez (UACB-UAZ)
- Dr Angel Lee (Hospital Angeles, Pedregal, CDAD DE MEXICO)
- Dr. Juan Manuel Favela Hernández (UJED, Gómez Palacio, Dgo)
- Dr. Isaias Balderas Renteria (UANL. MTY, NL)
- Dra. María Porfiria Barrón González (UANL. MTY. NL)
- Rosa María Sarmento (FMVZ, UNAM)
- Dra. Erika Gonzáles (UAEH, Huejutla Hidalgo)
- Dra. Esther Julián Gómez (UAB, Barcelona España)
- Dra. Iskra Tuero (Universidad Cayetano Heredia, Lima Perú)
- Dr. Juan Joel Mosqueda Gualito (UAQ. Querétaro, Qro)

**COMITÉ ORGANIZADOR DE LA 7TA EDICION
DE LAS JORNADAS DE
INVESTIGACION EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

LABORATORIO DE INMUNOBIOLOGIA
UNIDADACADEMICA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNIVERSIDAD AUTONOMA DE ZACATECAS
"Francisco García Salinas"

Logística e Informática.

- MTI. Alejandro Israel López Cortes
- MSC. J. Alejandro Isaís
- Aldo Gamaliel de la Rosa Canizales
- Yadira Carrillo Villagrana
- Jorge Gael García Castorena
- Andrés Enciso de la Torre

Apoyo y colaboración:

- Secretaría Académica. UAZ
- Coordinación de Investigación y Posgrado. UAZ
- Coordinación de Vinculación. UAZ
- Comunicación social. NotiUAZ.
- TV-UAZ

Martes 26 de Noviembre de 2023

SESION MATUTINA

09 am - 14 pm

Dra. Gloria Guillermina Guerrero M
(UACB-UAZ)

CONFERENCIA PLENARIA

**“Búsqueda de Biomarcadores con valor Pronóstico en
Ictus”**

Dra. Angeles Almeida

Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG). Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca (IBSAL). CSIC - Universidad de Salamanca - Hospital Universitario de Salamanca. Salamanca, España

Búsqueda de Biomarcadores con valor pronóstico en Ictus

Dra. Angeles Almela

Instituto de Investigación Biomédica de Salamanca (IBSAL)
CSIC - Universidad de Salamanca - Hospital Universitario de
Salamanca. Salamanca, España

Email: aaparra@usal.es

El ictus es la primera causa de mortalidad en mujeres, la segunda en hombres y el principal responsable de discapacidad en el adulto. Tras un ictus, el balance entre daño y reparación cerebrales condiciona la funcionalidad cerebral y, por tanto, la recuperación funcional de los pacientes. La proteína p53 regula importantes procesos celulares como son proliferación, angiogénesis y apoptosis, que son esenciales para la reparación cerebral. Tras un ictus, p53 se acumula rápidamente en el cerebro, donde activa la apoptosis neuronal. Hemos identificado un polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) de p53, Arg72Pro, que regula la susceptibilidad de las neuronas a la isquemia y, con ello, el pronóstico de los pacientes de ictus. Además, hemos demostrado que variantes polimórficas de varias proteínas relacionadas con p53, como su principal regulador negativo, MDM2, y WRAP53 (WD40-encoding p53-antisense RNA) también desempeñan una importante funcional en la patología isquémica cerebral y el pronóstico de ictus. La isquemia cerebral induce la expresión de MDM2 y, con ello, modula los niveles de p53. Identificamos que el SNP309 en el promotor de MDM2 humano, que regula los niveles de MDM2 y p53, es un biomarcador de pronóstico en ictus. Finalmente, demostramos que WRAP53 está implicada en la reparación del daño en el DNA en neuronas tras la isquemia. El SNP humano del gen Wrap53 rs2287499 (c.202C>G) regula la translocación de la proteína al núcleo y determina la recuperación funcional de pacientes de ictus isquémico. Por tanto, es esencial la identificación de nuevos biomarcadores, objetivo fundamental de nuestra investigación, que permitan predecir el pronóstico de ictus para establecer terapias personalizadas destinadas a potenciar la calidad de vida y supervivencia de estos pacientes.

CONFERENCIAS

A Novel biofilm-forming *Enterococcus* spp bacterium that infects *Drosophila* spp. Vinegar flies orally

Mark K. Chee, Ph.D.

Assistant Professor of Biology

University of Tennessee Southern, Pulaski, Tennessee, USA

Email: mchee1@utsouthern.edu

Abstract:

Most enterococci are bacteria endogenous to the human gastrointestinal tract. We previously isolated an unknown *Enterococcus* species from laboratory-cultured *Drosophila simulans* vinegar flies suffering from a contagious infection that kills larvae as they are about to pupate. This apparently novel species does not appear to be pathogenic on its own. By feeding adult flies with the unknown bacterium, we found that it can colonize the gut of three different *Drosophila* fly species species with intact, wild-type gut microbiota: *D. simulans*, *D. melanogaster*, and *D. virilis*. This finding suggests that the unknown bacterium may have a wide host range, at least among drosophilids. We propose the name *Enterococcus simulans* sp. nov. for this apparent fly gut symbiont whose virulence mechanism may involve biofilm formation.

Cuando las células buenas se convierten en malas: estrategias terapéuticas para la Inhibición del crecimiento tumoral en un modelo de metástasis ósea

Dra. Patricia Juárez Camacho

Departamento de Innovación biomédica. División de Biología
Experimental y Aplicada. CICESE. BAJA CALIFORNIA.

Email: pjuarez@cicese.mx

Resumen:

El 90% de muertes por cáncer se deben a la metástasis tumoral. El proceso de la metástasis sucede cuando las células cancerosas del tumor original emigran a diferentes partes en el cuerpo incluyendo los huesos, el hígado, el cerebro y los pulmones. La metástasis a los huesos es la más común. Esta enfermedad es devastante, produce los principales síntomas del cáncer como son dolor y parálisis y contribuye al alto índice de mortalidad de los pacientes con cáncer. Actualmente los tratamientos son paliativos y se necesita el desarrollo de nuevas terapias que permitan mejorar la calidad de vida de los pacientes y prevenir la mortalidad. En esta plática revisaremos las causas y consecuencias de la metástasis ósea, la participación del regulador de crecimiento TGF β y discutiremos el uso de diversos agentes inhibidor de la metástasis ósea y su mecanismo de acción.

Referencias:

1. Halofuginone inhibits the establishment and progression of melanoma bone metastases. Juárez P et al, Cancer Res. 2012; 72(23):6247-56.
2. Cancer to bone: a fatal attraction. Weilbaecher KN, Guise TA, McCauley LK. Nat Rev Cancer. 2011 Jun;11(6):411-25.

KEY LECTURE

“Brucelosis, más allá de la infección”

Dr. Lenin Pavón Romero

**INSTITUTO NACIONAL DE PSIQUIATRIA
“JUAN RAMON DE LA FUENTE”,**

Brucelosis más allá de la infección

Lenin Pavón^{1*}, José Luis Maldonado-García¹, Gilberto Pérez-Sánchez¹, Enrique Becerril-Villanueva¹, Samantha Alvarez-Herrera¹, Martha Moreno Lafont²

¹ Laboratorio de Psicoimmunología, Dirección de Investigaciones en Neurociencias del Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente. Ciudad de México 14370, México.

² Laboratorio de Inmunología Celular, Departamento de Inmunología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Ciudad de México 11340, México.

Email: * lkuriaki@inprf.gob.mx

RESUMEN

La infección por *Brucella* causa fiebre, escalofríos, sudores, cefalea, mialgia, artralgia, anorexia, fatiga y trastornos del estado de ánimo ocasionados por alteraciones neuroquímicas secundarias al proceso inflamatorio. La brucelosis, aunque se trata con antibióticos como Doxicilina y Rifampicina por periodos prolongados, lo más común es que existan recidivas.

Se ha descrito que la brucelosis en modelos murinos incrementa los niveles séricos de IL-6, TNF- α e IFN- γ ; reduce los de serotonina y dopamina en el hipocampo; disminuye la fuerza muscular y el equilibrio; e incrementa la ansiedad y las conductas de desesperanza

Se evaluó el efecto de la imipramina en ratones Balb/c infectados con *Brucella abortus* 2308 durante un periodo de tratamiento de 20 días iniciado después del octavo día de infección. Se determinaron los niveles séricos de IFN- γ , IL-6, TNF- α , IL-12 e IL-10, el número de macrófagos y células dendríticas y el número de UFC en el bazo; la concentración de serotonina en el hipocampo; la fuerza muscular, el equilibrio y el estado de ánimo.

Se observó que los ratones infectados que recibieron Imipramina en comparación a los ratones infectados e incluso con los tratados con antibióticos presentaron 1) un mejor estado de ánimo, como se observó en la prueba de nado forzado, la prueba de suspensión de la cola y la prueba de campo abierto; 2) mayores niveles de serotonina en el hipocampo; 3) mejor equilibrio y mayor fuerza muscular; 4) disminución de los niveles de IL-6; 5) disminución del recuento de UFC en el bazo.

Estos resultados nos permiten sugerir la administración de imipramina, un antidepresivo tricíclico capaz de aumentar la capacidad fagocítica y de disminuir los niveles de citocinas proinflamatorias, como tratamiento adyuvante en la brucelosis y otras infecciones intracelulares, a las cuales se les presta poca atención y afectan negativamente la calidad de vida de los pacientes.

Esta investigación fue financiada por el Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente Muñiz proyecto números: NC15001.00 y por la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Proyecto SIP 20181218.

Brucellosis beyond infection

Lenin Pavón^{1*}, José Luis Maldonado-García¹, Gilberto Pérez-Sánchez¹, Enrique Becerril-Villanueva¹, Samanta Alvarez-Herrera¹, Martha Moreno Lafont²

¹ Laboratorio de Psico inmunología, Dirección de Investigaciones en Neurociencias del Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente. Ciudad de México 14370, México.

² Laboratorio de Inmunología Celular, Departamento de Inmunología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Ciudad de México 11340, México.

Email: * lkuriaki@inprf.gob.mx

ABSTRACT:

Brucella infection causes fever, chills, sweating, headache, myalgia, arthralgia, anorexia, fatigue, and mood disorders caused by neurochemical alterations secondary to the inflammatory process. Although brucellosis is treated with antibiotics such as Doxycycline and Rifampicin for prolonged periods, relapses are common.

It has been described that brucellosis in murine models increases serum levels of IL-6, TNF- α , and IFN- γ ; reduces serotonin and dopamine levels in the hippocampus; decreases muscle strength and balance; and increases anxiety and hopelessness behavior.

The effect of imipramine was evaluated in Balb/c mice infected with Brucella abortus 2308 during a 20-day treatment period initiated after the eighth day of infection. We determined the serum levels of IFN- γ , IL-6, TNF- α , IL-12, and IL-10; the number of macrophages and dendritic cells; the number of CFU in the spleen; the serotonin concentration in the hippocampus; the muscle strength, balance, and mood in B. abortus-infected Balb/c mice.

It was observed that infected mice treated with imipramine compared to infected mice without treatment and those treated with antibiotics presented:

1. Better mood, as observed in the forced swim test, the tail suspension test, and the open field test.
2. Higher serotonin levels in the hippocampus.
3. Better balance and greater muscle strength.
4. Decrease in IL-6 levels.
5. Decrease in the number of CFU in the spleen.

These results allow us to suggest the administration of imipramine, a tricyclic antidepressant capable of increasing phagocytic capacity and decreasing the levels of proinflammatory cytokines, as an adjuvant treatment in brucellosis and other intracellular infections, to which little attention is paid and which negatively affect the quality of patients' life.

This research was funded by the Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente Muñiz project number NC15001.00 and by the Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. SIP Project 20181218.

SESION VESPERTINA

15-19 PM

COORDINADOR:

**Dr. Marco Antonio de León Nava
Departamento de Innovación Biomédica.
CICESE, Baja California**

Rastreado dinosaurios de México a Perú

Rubén A. Rodríguez-de la Rosa

Unidad Académica de Ciencias Biológicas,
Universidad Autónoma de Zacatecas,
Calzada Solidaridad, esq. Paseo de la Bufa S/N,
Campus II, C.P. 98060, Zacatecas, México.

Email: rubenrodriguezr@uaz.edu.mx

RESUMEN

México conserva una riqueza paleontológica notable, los icnofósiles de vertebrados son parte importante de esta riqueza. En el caso del registro paleoicnológico de dinosaurios en México, incluye huellas de saurópodos, terópodos y nodosaurios (*Tetrapodosaurus*) del Jurásico Medio (160 m.a.) del estado de Oaxaca; este es el registro más antiguo del país. El Cretácico Temprano de México (135-120 m.a.) incluye huellas de saurópodos, terópodos y ornitópodos (e.g., Iguanodontia) de los estados de Michoacán, Durango y Puebla. El Cretácico Medio (ca. 100 m.a.) de México, incluye huellas de terópodos (*Magnoavipes*), ornitópodos (*Caririchnium*), nodosaurios, así como huellas de dinosaurios nadando, de la Formación Mojado en las cercanías de Ciudad Juárez, Chihuahua. El Cretácico Tardío de México (72-65 m.a.) conserva huellas de dinosaurios en varias localidades de los estados de Sonora, Chihuahua, Coahuila y Puebla; la mayoría de estas localidades conservan huellas de terópodos (Ornithomimidae, Tyrannosauridae) y ornitópodos (Hadrosauridae); sin embargo, huellas de Titanosauridae se conocen de Mitepec, Puebla y del Cretácico Tardío (65 m.a.) de Coahuila, en este último caso, en asociación con huellas de Tyrannosauridae. El estudio de huellas de dinosaurios, por parte del grupo de Paleontología, de la UACB-UAZ, ha expandido su zona de trabajo a Perú; el trabajo de investigación se realiza de forma conjunta con la Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa y la Universidad Nacional de Piura. La primera temporada de trabajo de campo permitió el estudio de un rastro de un dinosaurio ornitópodo (Iguanodontia); este rastro se conserva en sedimentos del Albiano-Cenomaniano (100 m.a.) de la Formación Arcurquina, Distrito de Yura. Una peculiaridad de este rastro es la locomoción subacuática, a merced del oleaje del ambiente. La segunda zona de estudio se ubica en las cercanías de Querulpa Chico, se estudiaron huellas de meso reptiles y un terópodo gigante del Jurásico Tardío de la Formación Gramadal.

Palabras clave: dinosaurios, huellas fósiles, paleoicnología, México, Perú.

Tracking dinosaurs, from Mexico to Peru.

Rubén A. Rodríguez-de la Rosa

Unidad Académica de Ciencias Biológicas,
Universidad Autónoma de Zacatecas, Zacatecas, ZAC. MEXICO

Email: rubenrodriguezr@uaz.edu.mx

ABSTRACT:

Mexico preserves a notable paleontological record; vertebrate ichnofossils are an important part of this record. In the case of the paleoichnological record of dinosaurs from Mexico, it includes footprints of sauropods, theropods and nodosaurs (*Tetrapodosaurus*) from the Middle Jurassic (160 m.y.) of the state of Oaxaca; it is the oldest record of dinosaur footprints in the country. The Early Cretaceous of Mexico (135-120 m.y.) includes footprints of sauropods, theropods and ornithopods (Iguanodontia) from the states of Michoacán, Durango and Puebla. The Middle Cretaceous (ca. 100 m.y.) of Mexico includes footprints of theropods (*Magnoavipes*), ornithopods (*Caririchnium*), nodosaurs, as well as traces of swimming dinosaurs, from the Mojado Formation near Ciudad Juárez, Chihuahua. The Late Cretaceous of Mexico (72-65 m.y.) preserves dinosaur footprints in several localities in the states of Sonora, Chihuahua, Coahuila and Puebla; Most of these localities preserve traces of theropods (Ornithomimidae, Tyrannosauridae) and ornithopods (Hadrosauridae); However, footprints of Titanosauridae are known from the Late Cretaceous (65 m.a.) of Mitepec, Puebla and from Coahuila, in the latter case, in association with footprints of Tyrannosauridae. The study of fossil vertebrate footprints, by the Paleontology Group of the UACB-UAZ, has expanded its research work to Peru; The research is carried out jointly with the Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa and the Universidad Nacional de Piura. The first season of field work allowed the study of a short trackway of a small ornithopod dinosaur, belonging to Iguanodontia; this trace is preserved in Albian-Cenomanian sediments (100 m.y.) of the Arcurquina Formation, in the Yura District. This trackway shows an ornithopod in a subaqueous locomotion; however, at the mercy of the waves in the environment. The second study area is located near Querulpa Chico; the footprints of mesoreptiles and those of giant theropods, from the Late Jurassic of the Gramadal Formation, were studied.

Keywords: dinosaurs, fossil footprints, paleoichnology, Mexico, Peru.

Desde la era de los dinosaurios hasta la Mega fauna del Pleistoceno: La Paleontología en la Universidad Nacional de Piura, Perú.

Jean-Noël Martínez

Instituto de Paleontología

Universidad Nacional de Piura

Email: paleonto@yahoo.com

RESUMEN

El Instituto de Paleontología de la Universidad Nacional de Piura (noroeste de Perú), creado en junio 2001, se dedica a la investigación, educación y extensión universitaria en Paleontología con mayor enfoque en los vertebrados. El Patrimonio Paleontológico de la Región Piura es importante: se extiende cronológicamente desde el Ordovícico hasta el Pleistoceno terminal. Temporalmente, las localidades paleontológicas se encuentran desigualmente distribuidas; además, el registro fósil más abundante se concentra en los últimos 100 millones de años (Cretácico-Pleistoceno). Es un registro extraordinariamente abundante y variado: vertebrados marinos del final del Mesozoico; madera y semillas evidenciando bosques tropicales costeros del Paleógeno; tiburones, cetáceos y cocodrilos costeros del Neógeno; reptiles, aves y mamíferos del Pleistoceno, contemporáneos de los primeros cazadores-recolectores, hace menos de 20 mil años. Aunque las actividades de investigación del Instituto de Paleontología siguen desarrollándose esencialmente en el noroeste del Perú, algunas colaboraciones con universidades de Estados Unidos y México lo han llevado a proyectar sus trabajos al sur del país. En 2015, el Instituto de Paleontología se integró a un proyecto internacional sobre la paleobiodiversidad del Cenozoico en la amazonía subandina del Alto Madre de Dios, particularmente enfocado en las fases precoces de la evolución de los primates platirrinos ("monos del Nuevo Mundo") y de roedores caviomorfos. Destaca el descubrimiento de una especie nueva de primate del Mioceno inferior, llamativa por su diminuto tamaño. De los 300 kilogramos de sedimentos aún por analizar, 50 kilogramos provienen de una nueva localidad del Oligoceno con una antigüedad de 30 millones de años, muy prometedora por su riqueza fosilífera. Desde el presente año 2023, el Instituto de Paleontología está colaborando en un incipiente programa de investigación sobre huellas de vertebrados mesozoicos en el sur del Perú, en colaboración con la Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa y la Universidad Autónoma de Zacatecas.

From the Dinosaur Era to the Pleistocene Megafauna: The Paleontology at the National University of Piura, Peru.

Jean-Noël Martínez

Instituto de Paleontología

Universidad Nacional de Piura

Email: paleonto@yahoo.com

ABSTRACT:

The Institute of Paleontology of the National University of Piura (northwest Peru), created in June 2001, is dedicated to research, education and university extension in Paleontology with a main focus on vertebrates. The paleontological record of the Piura Region is important: it extends chronologically from the Ordovician to the terminal Pleistocene. Temporally, paleontological localities are unevenly distributed; Furthermore, the most abundant fossil record is concentrated in the last 100 million years (Cretaceous to Pleistocene). It is an extraordinarily abundant and varied record: marine vertebrates from the end of the Mesozoic; wood and seeds evidencing Paleogene coastal tropical forests; Neogene coastal sharks, cetaceans and crocodiles; reptiles, birds and mammals from the Pleistocene, contemporaries of the first hunter-gatherers, less than 20 thousand years ago. Although the research activities of the Institute of Paleontology continue to be carried out essentially in the northwest of Peru, some collaborations with universities in the United States and Mexico have led it to project its work to the south of the country. In 2015, the Institute of Paleontology joined an international project on Cenozoic paleobiodiversity in the subandean Amazon of Alto Madre de Dios, particularly focused on the early phases of the evolution of platyrrhine primates ("New World monkeys") and of caviomorph rodents. The discovery of a new species of primate from the early Miocene stands out, striking for its tiny size. Of the 300 kilograms of sediments yet to be analyzed, 50 kilograms come from a new Oligocene locality 30 million years old, very promising for its fossil richness. Since 2023, the Institute of Paleontology is collaborating in an incipient research program on Mesozoic vertebrate footprints in southern Peru, in collaboration with the National University of San Agustín de Arequipa and the Autonomous University of Zacatecas.

Miércoles 27 de Noviembre de 2023

Coordinador:

**Dra. Rosa María Sarmiento
FMVZ. UNAM. CDAD DE MEXICO**

CONFERENCIA PLENARIA

“Modificación de la capacidad inmunomoduladora de las micobacterias en función de su medio de crecimiento”.

Dra. Esther Julián Gómez

**UNIVERSIDAD AUTONOMA DE BARCELONA,
BARCELONA, ESPAÑA**

Modificación de la capacidad inmunomoduladora de las micobacterias en función de su medio de crecimiento”.

Dra. Esther Julián Pérez

Universidad Autónoma de Barcelona . Barcelona, España

Email: Esther.Julian@uab.cat

RESUMEN

El tratamiento de elección para el cáncer de vejiga superficial consiste en la resección del tumor seguida de instilaciones intravesicales de la bacteria *Mycobacterium bovis* Calmette-Guérin (BCG), que también se usa como vacuna para prevenir la tuberculosis. Aun siendo el tratamiento más eficaz para evitar la recurrencia y progresión del tumor, el 30% de los pacientes no responden a esta terapia, y alrededor del 70% de los enfermos sufren efectos adversos.

El mecanismo de acción del BCG así como los antígenos implicados en la respuesta antitumoral no se conocen, por lo que se desconoce qué pacientes responderán favorablemente o no al tratamiento con BCG. De hecho, el perfil antigénico del BCG podría ser modificado en función del medio de cultivo utilizado para su crecimiento y, en consecuencia, podría alterar su efecto antitumoral. Así, se ha observado que el medio de cultivo puede afectar en la respuesta inducida por BCG como vacuna para la tuberculosis. En la producción de BCG a escala industrial se utilizan distintas formulaciones del medio de cultivo, pudiendo afectar al efecto antitumoral. Por otro lado, y en busca de una alternativa más segura y/o eficaz a BCG, se ha descrito el efecto antitumoral en estudios preclínicos de la micobacteria ambiental no patógena *Mycobacterium brumae*. En nuestros estudios se determinó si la actividad antitumoral de las micobacterias se veía modificada en función del medio de cultivo usado para su crecimiento. Se observó que cada micobacteria necesita un medio de cultivo específico para maximizar su actividad. Además, las fórmulas más eficaces presentaban una menor variedad de lípidos en la capa más externa de la micomembrana, en comparación al resto de cultivos. Los datos sugieren una clara influencia del medio de cultivo en el perfil de antígenos de la pared celular micobacteriana y en la respuesta inmunitaria antitumoral desencadenada.

Modification of the immune modulatory capacity of mycobacteria depending of their growth medium

Dra. Esther Julián Pérez

Universidad Autónoma de Barcelona Barcelona, España

Email: Esther.Julian@uab.cat

ABSTRACT:

The treatment of choice for superficial bladder cancer consists of tumor resection followed by intravesical instillations of *Mycobacterium bovis* Calmette-Guérin (BCG), that is also used as a vaccine to prevent tuberculosis. Although BCG is the most effective treatment to prevent tumor recurrence and progression, 30% of patients do not respond to this therapy, and around 70% of patients suffer adverse effects.

The mechanism of action of BCG as well as the antigens responsible for the antitumor response are not known, so it is not possible to predict which patients will respond favorably to BCG therapy. In fact, the antigenic profile of BCG could be modified depending on the culture medium used for its growth and, consequently, this could influence its antitumor effect. In this sense, the culture medium used for BCG growth can affect the protective effect of BCG as tuberculosis vaccine. Different formulations of culture medium used for BCG at industrial level are used, which may affect the antitumor effect. On the other hand, to find a safer and/or more effective alternative to BCG, the antitumor effect of the non-pathogenic environmental mycobacteria *Mycobacterium brumae* has been described in preclinical studies.

We have studied whether the antitumor activity of mycobacteria is modified depending on the culture medium used for their growth. It was observed that each mycobacteria needs a specific culture medium to maximize its antitumor activity. Furthermore, the most effective culture medium formulas lead to a specific antigenic profile showing less variety of lipids in the outermost layer of the mycomembrane, compared to the rest of the cultures. The data suggest a clear influence of the culture medium on the antigen profile of the mycobacterial cell wall and on the triggered antitumor immune response.

Uso de Organoides pulmonares humanos para el estudio y mejora de tratamiento de infecciones respiratorias

Dr. Stephen Adonal León Icaza
IPBS/ANTABIO, TOULOUSSE; FRANCIA,
Email: stephen-adonai.leon-icaza@ipbs.fr

Las infecciones respiratorias son un grave problema de salud mundial, especialmente aquellas causadas por el SARS-CoV-2, *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), *Mycobacterium abscessus* (Mabs) y *Pseudomonas aeruginosa*. El objetivo central de esta investigación es aplicar la tecnología de los organoides pulmonares humanos (AOs) para descifrar los factores del huésped y/o de los patógenos que contribuyen al establecimiento de estas infecciones en el epitelio pulmonar y, gracias a esto, desarrollar y/o probar la eficacia de nuevos tratamientos.

Inicialmente, generamos organoides sanos (H-AOs) y de fibrosis quística (CF-AOs). Ambos mostraron una composición celular similar. No obstante, los CF-AOs exhibieron un epitelio más grueso, acumulación de moco y estrés oxidativo exacerbado, junto con peroxidación lipídica y muerte celular. Todas estas características clave de la fibrosis quística. Tras infectar H-AOs con *Mtb* o Mabs, demostramos que los organoides controlan *Mtb* mientras Mabs prolifera. En CF-AOs, dilucidamos que el estrés oxidativo crea el ambiente propicio para el crecimiento de Mabs. Dicho ambiente fue revertido eficientemente por antioxidantes, ayudando así al control de la proliferación de Mabs.

Posteriormente, revelamos que la virulencia de *Pseudomonas aeruginosa* es mayor en los CF-AOs que en los sanos, debido a la proteasa LasB. Esta proteasa escindió y generó fragmentos de la citocina IL-33, los cuales activaron basófilos. Esta cascada de activación se revirtió empleando nuevas terapias contra LasB.

Finalmente, debido a la pandemia de COVID-19 y a la falta de tratamientos accesibles y efectivos, se reconsideró el uso del antidepresivo fluoxetina, validando preclínicamente su actividad antiviral en cultivos 2D derivados de organoides. Estos hallazgos sugieren que los organoides son un valioso modelo preclínico para evaluar nuevas terapias contra infecciones respiratorias.

Application of Human Lung Organoids for the Study and Enhancement of Respiratory Infections Treatment

Dr. Stephen Adonal Leon Icaza
IPBS/ANTABIO, TOULOUSSE; FRANCIA,
Email: stephen-adonai.leon-icaza@ipbs.fr

Respiratory infections pose a significant global health concern, particularly those caused by SARS-CoV-2, *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), *Mycobacterium abscessus* (Mabs), and *Pseudomonas aeruginosa*. The central aim of this research is to employ human lung organoid technology (AOs) to decipher host and/or pathogen factors contributing to the establishment of these infections within the pulmonary epithelium, thus facilitating the development and/or testing of the effectiveness of novel treatments. Initially, we generated healthy organoids (H-AOs) and cystic fibrosis organoids (CF-AOs). Both exhibited a similar cellular composition. However, CF-AOs displayed a thicker epithelium, mucus accumulation, exacerbated oxidative stress, as well as lipid peroxidation and cell death – all hallmark characteristics of cystic fibrosis. Upon infecting H-AOs with Mtb or Mabs, we demonstrated that the organoids controlled Mtb while Mabs proliferated. In CF-AOs, we elucidated that oxidative stress creates an environment conducive to Mabs growth. This environment was efficiently reversed by antioxidants, thus aiding in the control of Mabs proliferation. Subsequently, we unveiled that the virulence of *Pseudomonas aeruginosa* is heightened in CF-AOs compared to healthy ones, due to the protease LasB. This protease cleaved and generated fragments of the cytokine IL-33, which activated basophils. This activation cascade was countered through novel therapies targeting LasB. Finally, prompted by the COVID-19 pandemic and the lack of accessible and effective treatments, reconsideration was given to the use of the antidepressant fluoxetine. Its antiviral activity was preclinically validated in 2D cultures derived from organoids. These findings suggest that organoids are a valuable pre-clinical model for assessing new therapies against respiratory infections.

Desarrollo de un sistema de despliegue basado en una proteína PIR de *Neurospora crassa*: de la ciencia básica a la construcción de biofiltros versátiles

Paul Montaña-Silva, Francisco Anguiano, Ana Sofía Ramírez-Pelayo, Pablo Valentín Navarro-Enguilo and **Jorge Verdin**

Unidad de Biotecnología Industrial, CIATEJ-Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Camino Arenero 1227, El Bajío, Zapopan, JAL, México 45019.

Email: jverdin@ciatej.mx

ABSTRACT:

El despliegue superficial de proteínas hace posible la introducción de proteínas y enzimas heterólogas en la superficie celular de organismos andamio que adquieren nuevas actividades sin perturbar su metabolismo. Hasta ahora, los hongos filamentosos no han sido los microorganismos de elección para el despliegue superficial de proteínas a pesar de que esas estrategias pueden permitir el desarrollo de biofiltros especializados, el incremento de la capacidad lignocelulolítica del hongo que lleve a un aprovechamiento más eficiente de los residuos lignocelulósicos y su conversión en productos de alto valor agregado, o la biosíntesis de moléculas en la superficie celular por una enzima o una cascada de ellas. Aquí reportamos el desarrollo de estrategias de despliegue de proteínas en el hongo filamentoso *Neurospora crassa*. Para eso, hemos caracterizado celularmente un conjunto de proteínas de *N. crassa* que putativamente residen en la pared celular para evaluar su potencial como anclas moleculares para el despliegue: PIR-1 (NCU04033), PIR-2 (NCU07569), ACW-1 (NCU08936), CCG-6 (NCU01418), NCW-3 (NCU07817), y EAS (NCU08457). Una versión trunca de PIR-1 (PIR-1 Δ GPI) fue usada como ancla para el despliegue de péptidos con afinidad por Al y Zn en la superficie de *N. crassa* con el propósito de usarla como matriz de un biofiltro. Las cepas construidas (pFA4h, *Pccg-1::pir-1 Δ GPI::V5::Albp*; pFA5h, *Pccg-1::pir-1 Δ GPI::V5::Znbp*) mostraron un aumento significativo de su capacidad de adsorción de Al (1.32 mg Al/g micelio seco) y Zn (1.20 mg Zn/g micelio seco), respectivamente, en comparación con la cepa silvestre de *N. crassa* (0.80 y 0.85 mg Al y Zn/g micelio seco, respectivamente). Ambas cepas también mejoraron su capacidad de crecimiento en presencia de los metales (9%, Al; 32%, Zn). Este es el primer reporte del despliegue de péptidos con afinidad por metales en la superficie de un hongo filamentoso y su potencial biotecnológico será discutido durante la plática. SENER-CONACYT 245750; FODECIJAL-COECYTJAL, 8186-2019; DyD-COECYTJAL 9888-2022.

Development of a PIR protein-based display system on *Neurospora crassa*: from basic research to construction of versatile biofilters

Paul Montaña-Silva, Francisco Anguiano, Ana Sofia Ramírez-Pelayo, Pablo Valentin Navarro-Enguilo and **Jorge Verdín**

Unidad de Biotecnología Industrial, CIATEJ-Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Camino Arenero 1227, El Bajío, Zapopan, JAL, Mexico 45019.

Email: jverdin@ciatej.mx

RESUMEN

Protein display approaches enable the introduction of heterologous proteins and enzymes on the cell surface of a scaffold organism, so that it acquires new activities without disturbing its metabolism. So far, filamentous fungi have not been the microorganisms of choice for protein display despite this approach allows the development of specialized biofilters, the increase of the fungus lignocellulolytic capacity for more efficient bioconversion of lignocellulosic residues into valuable commodities, or the cell surface biosynthesis of biotechnological molecules by a single or a cascade of several displayed enzymes. Here, we report the development of protein display strategies in the filamentous fungus *Neurospora crassa*. To that end, we have cellularly characterized a set of *N. crassa* putative cell wall resident proteins to assess their suitability as molecular anchors for the display: PIR-1 (NCU04033), PIR-2 (NCU07569), ACW-1 (NCU08936), CCG-6 (NCU01418), NCW-3 (NCU07817), and EAS (NCU08457). A truncated version of PIR-1 (PIR-1 Δ GPI) was then used as anchor for the display of Al or Zn-binding peptides on *N. crassa* cell surface intended to be used as a biofilter matrix. Constructed strains (pFA4h, *Pccg-1::pir-1* Δ GPI::V5::Albp; pFA5h, *Pccg-1::pir-1* Δ GPI::V5::Znbp) showed a significant increase in Al (1.32 mg Al/g dry mycelium) and Zn (1.20 mg Zn/g dry mycelium) adsorption capacity, respectively, compared to wild-type *N. crassa* (0.80 and 0.85 mg Al and Zn/g dry mycelium, respectively). Both strains also improved their growth capacity in the presence of the metals (9%, Al; 32%, Zn). This is the first report of metal binding peptides displayed on a filamentous fungi cell surface; their biotechnological potential will be discussed during the talk. SENER-CONACYT 245750; FODECIJAL-COECYTJAL, 8186-2019; DyD-COECYTJAL 9888-2022.

Descripción de un nuevo modelo “bastón plegable” para describir los cambios estructurales de las toxinas Cry de *Bacillus thuringiensis* al insertarse en la membrana

Sabino Pacheco, Isabel Gómez, Jorge Sánchez, Blanca García, Mario Soberón y Alejandra Bravo

Email: sabino.pacheco@ibt.unam.mx

RESUMEN

La bacteria *Bacillus thuringiensis* (Bt) produce toxinas Cry insecticidas que forman oligómeros que se insertan en las células del intestino de los insectos para matarlos. Sin embargo, los cambios estructurales involucrados en la inserción en la membrana siguen sin resolverse. Anteriormente se propuso un “modelo de sombrilla”, en donde proponen que las hélices alfa-4 y alfa-5 del dominio I se separan del resto de la proteína y se insertan en la membrana para formar el poro. En este trabajo, decidimos analizar la topología de Cry1Ab cuando se inserta en la membrana del insecto. Introdujimos puentes disulfuro entre diferentes hélices del Dominio I para restringir su movilidad. Las proteínas con puentes disulfuro entre las hélices alfa-2 y alfa-3 o entre alfa-3 y alfa-4 perdieron oligomerización y toxicidad hacia los insectos blanco, lo que indica que el movimiento de estas hélices es necesario. Mientras que puentes disulfuro entre las hélices alfa-5 y alfa-6 no fueron afectadas, ni en oligomerización, ni en toxicidad, lo que implica que el “modelo de sombrilla” no es correcto. Para comprobar estos datos realizamos análisis FRET en dos dimensiones, midiendo distancias de diferentes puntos en la toxina al plano de la membrana. También analizamos la exposición al solvente de diversos residuos marcados con colorantes fluorescentes. Proponemos un modelo de “bastón plegable” donde las hélices alfa 1-3 forman una hélice extendida durante la inserción de la toxina en la membrana el cual explica los cambios estructurales de las toxinas Cry durante su inserción en la membrana.

Description of a new "folding cane" model to describe the structural changes of *Bacillus thuringiensis* Cry toxins when inserted into the membrane.

Sabino Pacheco, Isabel Gómez, Jorge Sánchez, Blanca García, Mario Soberón and Alejandra Bravo

Email: sabino.pacheco@ibt.unam.mx

ABSTRACT:

Bacillus thuringiensis (Bt) bacteria produce insecticidal Cry toxins that form oligomers that insert into plasma membrane of midgut cell of the target insects to kill them. However, the structural changes involved in membrane insertion remain unresolved. An "umbrella model" was previously proposed, in which the alpha-4 and alpha-5 helices of domain I move from the rest of the protein and inserted into the membrane to form the pore. In this work, we decided to analyze the topology of Cry1Ab when inserted into the insect membrane. We introduced disulfide bridges between different Domain I helices to restrict their mobility. Proteins with disulfide bonds between alpha-2 and alpha-3 or alpha-3 and alpha-4 helices lost oligomerization and toxicity towards target insects, indicating that movement of these helices is necessary. While disulfide bridges between alpha-5 and alpha-6 helices were not affected, neither in oligomerization nor in toxicity, which implies that the "umbrella model" is not correct. To verify these data we performed FRET analysis in two dimensions, measuring distances from different points on the toxin to the plane of the membrane. We also analyzed the solvent exposure of various residues labeled with fluorescent dyes. We propose a "folding cane" model where helices alpha 1-3 form an extended helix during membrane insertion which explains the structural changes of Cry toxins during membrane insertion.

SESION VESPERTINA

15-19:30 pm

COORDINADOR:

**Dr ISAIAS BALDERAS RENTERIA
(FAC: QUIMICA. UANL. MTY. NL)**

Análisis del Cambio de Cobertura Vegetal y Uso de Suelo en la Región Hidrológica Huicicila Puerto Vallarta-Cabo Corrientes.

Daniela López Hernández; **Baudello Rodríguez González**, Dr. Julio César Morales Hernández

Email: baudebrg@gmail.com

RESUMEN

Los estudios que están relacionados con los cambios de cobertura vegetal y uso de suelo permiten analizar las tendencias espacio-temporales de procesos negativos que afectan al medio natural. El objetivo de este estudio es conocer la dinámica de los patrones de cambio de cobertura vegetal y uso de suelo de la región hidrológica de Huicicila entre 2000-2020. La región hidrológica Huicicila se encuentra ubicada entre tres municipios del estado de Jalisco; Puerto Vallarta, Cabo corrientes y Talpa de Allende, lo que hace que la región cuente con diferentes tipos de vegetación. Para el análisis de cobertura vegetal y uso de suelo y sus cambios a través del tiempo, se realizó el método de clasificación supervisada con ayuda de tres imágenes satelitales Landsat, procesados con herramientas de Sistemas de Información Geográfica en donde se establecieron diferentes tipos de coberturas vegetales (selva baja, selva mediana, bosque y pastizal) y usos de suelo (cuerpo de agua, zona urbana y agricultura), dando como resultado un aumento principalmente en las coberturas de selva mediana, agricultura, bosque, pastizal y zona urbana. En el año 2000 la zona urbana tuvo una cobertura de 109.77 hectáreas y para el 2020 está cobertura tuvo 67.79 hectáreas más, lo que nos muestra un crecimiento poblacional. La agricultura tuvo un incremento del 2.1% del año 2000 al 2020 y el pastizal tuvo un incremento del 0.5%. Por el contrario, los cuerpos de agua y la selva baja presentaron una disminución en su superficie del 0.2% y 13.1% respectivamente.

Palabras clave: Clasificación supervisada, imagen satelital, cobertura vegetal, uso de suelo.

KEY LECTURE

“La Biotecnología y la Genómica en México”: Aportaciones y Perspectivas

Dr. Alfredo Herrera-Estrella

LANGEBIO, CINVESTAV IRAPUATO. IRAPUATO, GTO

Diversidad y evolución del SARS-CoV-2 en México

Dra. Claudia Selene Zarate

POSGRADO EN CIENCIAS GENOMICAS

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE LA CIUDAD DE MEXICO

Email: selene.zarate@uacm.edu.mx

Resumen:

El SARS-CoV-2 se ha diversificado de manera importante desde su detección en diciembre de 2019. Hasta la fecha se han desarrollado diversos sistemas de clasificación y nomenclatura de este virus. En el sistema Nextclade se han descrito 32 clados y en el sistema PANGO las secuencias disponibles se clasifican en más de mil linajes. A nivel mundial se han reportado 15,965,449 secuencias de SARS-CoV-2 y 89,574 son secuencias de México. A partir de esta información hemos descrito los patrones de dispersión y la evolución de este virus en México a lo largo de la pandemia, identificando algunos factores que han afectado la diversidad viral en distintas regiones del país. Aunque las dinámicas de dispersión se han modificado durante la pandemia, posiblemente debidas a cambios en el estado de inmunidad y en la movilidad de la población, de manera constante hemos observado que la frontera norte y el sureste son puntos de entrada de nuevas variantes de SARS-CoV-2 a nuestro país y donde sería deseable mantener una vigilancia epidemiológica constante. Además, hemos descrito la aparición de dos variantes que posiblemente se originaron en nuestro país. En primer lugar el linaje B.1.1.519, que fue en gran parte responsable de la segunda ola de contagios en México y cuyo origen es probablemente la Ciudad de México. Por otro lado, en otoño de 2022 se identificó al virus BW.1 en el sureste mexicano y se mostró que su origen era probablemente en esta misma región. En conclusión el análisis de secuencias de SARS-CoV-2 en México nos ha permitido describir patrones de entrada y dispersión de este patógeno a nuestro país y esta información permite diseñar estrategias eficaces de vigilancia que permitan detectar de manera temprana la introducción de variantes de importancia clínica y epidemiológica.

Jueves 28 de Septiembre de 2023

09:00 am-19:40 pm

Coordinador:

**Dr. Lenin Sánchez Calderón
(UACB-UAZ)**

CONFERENCIA PLENARIA

**“Características y funciones del Microbioma
de las plantas”**

José López Bucio

**INSTITUTO QUIMICO BIOLÓGICAS. UMSNH.
MORELIA MICH.**

Características y funciones del Microbioma de las plantas.

José López Bucio

INSTITUTO QUIMICO BIOLÓGICAS. UMSNH. MORELIA MICH.

Email: jbucio@umich.mx

RESUMEN

Todos los seres vivos multicelulares poseemos organelos que evidencian nuestro origen a partir de las bacterias, baste mencionar a las mitocondrias y a los cloroplastos que forman parte de las células eucarióticas. Las endosimbiosis ancestrales y actuales forman parte de las relaciones que promueven la adaptación y evolución de las especies, aspecto de gran relevancia en los ecosistemas agrícolas, que proveen de alimentos a la población mundial.

Las plantas difieren de los animales por su naturaleza sésil, ya que la mayor parte de ellas cumplen su ciclo de vida ancladas a un sustrato. No obstante, su capacidad para realizar la fotosíntesis las convierte en los productores primarios, que suministran nutrientes tales como azúcares y carbohidratos a otros organismos, soportando así las cadenas tróficas. Los carbohidratos que se sintetizan en las hojas, se distribuyen a otros tejidos, incluyendo la raíz, y es a través de esta estructura que son secretados al suelo, en donde ejercen un efecto atrayente sobre las especies de bacterias y hongos que habitan en el medio circundante.

En nuestro grupo de trabajo, hemos estudiado la comunicación que se establece entre las raíces de las plantas con bacterias y hongos, particularmente con especies benéficas, que ayudan a la planta a realizar sus funciones de captar agua y nutrientes del suelo, que fortalecen la inmunidad y que incrementan el crecimiento y la productividad vegetal. Mediante el uso de microscopía electrónica, confocal, y estudios de interacción *in vivo*, hemos podido demostrar que cada una de las especies de microorganismos que se relacionan con las plantas, manifiestan propiedades únicas, que van desde la producción de hormonas vegetales como auxinas y citocininas, la solubilización de elementos esenciales como el fosfato, y la dirección de movimientos discretos que ayudan a la raíz a explorar con mayor eficiencia el sustrato. Mediante su aplicación en el campo, los microorganismos que conforman el microbioma vegetal nos permitirían eventualmente, hacer un uso más racional de fertilizantes y potenciar la producción agrícola con el uso de menos insumos y evitar el uso de pesticidas y agroquímicos.

Referencias:

Jiménez-Vázquez KR, García-Cárdenas E, Barrera-Ortiz S, Ortiz-Castro R, Ruiz-Herrera LF, Ramos-Acosta BP, Coria-Arellano JL, Sáenz-Mata J, López-Bucio J. (2020). The plant beneficial rhizobacterium *Achromobacter* sp. 5B1 influences root development through auxin signaling and redistribution. *The Plant Journal* 103:1639-1654.

Esparza-Reynoso S, Ruiz-Herrera LF, Pelagio-Flores R, Macías-Rodríguez LI, Martínez-Trujillo M, López-Coria M, Sánchez-Nieto S, Herrera-Estrella A, López-Bucio J (2021). *Trichoderma atroviride*-emitted volatiles improve growth of *Arabidopsis* seedlings through modulation of sucrose transport and metabolism. *Plant, Cell and Environment* 44:1961-1976.

Characteristics and functions of the plant Microbiome

José López Bucio

INSTITUTO QUIMICO BIOLÓGICAS. UMSNH. MORELIA MICH.

Email: jbucio@umich.mx

ABSTRACT:

All multicellular living beings have organelles that show our origin from bacteria, such as the mitochondria and chloroplasts that were formerly procaryotic cells. Ancestral and current endosymbioses are part of the relationships that promote the adaptation and evolution of species, an aspect of great relevance in agricultural ecosystems, which provide food to the world population.

Plants differ from animals by their sessile nature, since most of them fulfill their life cycle anchored to a substrate. However, their ability to perform photosynthesis makes them the primary producers, supplying nutrients such as sugars and carbohydrates to other organisms, thus supporting trophic chains. The carbohydrates that are synthesized in the leaves, are distributed to other tissues, including the root, and it is through this structure that they are secreted to the soil, where they exert an attractive effect on the species of bacteria and fungi that inhabit the surrounding environment.

In our group, we have studied the communication established between the roots of plants with bacteria and fungi, particularly with beneficial species, which help the plant perform its functions of capturing water and nutrients from the soil, strengthening immunity and increasing plant growth and productivity. Through the use of electron microscopy, confocal, and in vivo interaction studies, we have been able to demonstrate that each of the species of microorganisms that are related to plants, manifest unique properties, ranging from the production of plant hormones such as auxins and cytokinins, the solubilization of essential elements such as phosphate, and the direction of discrete movements that help the root to explore the substrate more efficiently. Through its application in the field, the microorganisms that make up the plant microbiome would eventually allow us to make a more rational use of fertilizers and boost agricultural production with the use of fewer inputs and avoid the use of pesticides and agrochemicals.

References:

Jiménez-Vázquez KR, García-Cárdenas E, Barrera-Ortiz S, Ortiz-Castro R, Ruiz-Herrera LF, Ramos-Acosta BP, Coria-Arellano JL, Sáenz-Mata J, López-Bucio J. (2020). The plant beneficial rhizobacterium *Achromobacter* sp. 5B1 influences

Esparza-Reynoso S, Ruiz-Herrera LF, Pelagio-Flores R, Macías-Rodríguez LI, Martínez-Trujillo M, López-Coria M, Sánchez-Nieto S, Herrera-Estrella A, López-Bucio J (2021). *Trichoderma atroviride*-emitted volatiles improve growth of *Arabidopsis* seedlings through modulation of sucrose transport and metabolism. *Plant, Cell and Environment* 44:1961-1976.

CONFERENCIAS

Bioaccumulation of residual drugs in ecosystems of economic and social interest.

Dra. Adriana Valladares Méndez

Facultad de Farmacia. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Cuernavaca, MOR

Email: adriana.valladares@uaem.mx

RESUMEN

A nivel mundial se ha reportado la presencia de residuos de Ingredientes Farmacéuticos Activos (IFA's) en aguas y suelos, mostrando efectos negativos sobre ecosistemas e intoxicación sobre la población; en nuestro grupo de trabajo recientemente se ha desarrollado un trabajo en el que se analizaron muestras de productos cárnicos de bovino, músculo e hígado. Se desarrolló y validó el método de extracción y cuantificación de clenbuterol por cromatografía de líquidos con detector ultravioleta-visible, siendo lineal, preciso y exacto; el límite de detección fue de 5.025 µg/mL, mientras que el de cuantificación fue de 15.23 µg/mL, equivaliendo a 1.005 y 3.046 µg/kg respectivamente, lo que permite la comparación con los límites máximos para residuos (LRM) de clenbuterol en músculo e hígado establecido por la FAO. Se analizaron 88 muestras de músculo (pierna) y 18 de hígado de res en mercados municipales, carnicerías y tiendas de auto servicio. Se encontraron residuos de clenbuterol en 49% de las muestras analizadas, cuyas cantidades encontradas sobrepasan el límite máximo recomendado (LMR) por el *Codex Alimentarius* de la FAO. Nuestra línea de investigación atiende y dirige estudios para diagnosticar la integridad o salud de los ecosistemas ya que en México hay una incipiente preocupación por el tema y escasa investigación sobre efectos ecotoxicológicos de residuos de IFA's

Bioaccumulation of residual drugs in ecosystems of economic and social interest.

Dra. Adriana Valladares Méndez

Facultad de Farmacia. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Cuernavaca, MOR
Cuernavaca, MOR

Email: adriana.valladares@uaem.mx

ABSTRACT:

Worldwide, the presence of residues of Active Pharmaceutical Ingredients (APIs) in waters and soils has been reported, showing negative effects on ecosystems and intoxication on the population; In our working group, work has recently been carried out in which samples of bovine meat products, muscle and liver were analyzed. The method of extraction and quantification of clenbuterol by liquid chromatography with an ultraviolet-visible detector was developed and validated, being linear, precise and exact; The detection limit was 5.025 µg/mL, while the quantification limit was 15.23 µg/mL, equivalent to 1.005 and 3.046 µg/kg respectively, which allows comparison with the maximum residue limits (MRL) of clenbuterol in muscle and liver established by the FAO. 88 samples of muscle (leg) and 18 of beef liver were analyzed in municipal markets, butcher shops and self-service stores. Residues of clenbuterol were found in 49% of the samples analyzed, whose quantities found exceed the maximum recommended limit (MRL) by the FAO Codex Alimentarius. Our line of research addresses and directs studies to diagnose the integrity or health of ecosystems since in Mexico there is an incipient concern about the issue and little research on the ecotoxicological effects of API residues.

Un factor de transcripción que regula vías hormonales y reprograma la identidad celular en plantas.

Dra Nayeli Marsh Martínez

LANGEBIO CINVESTAV IRAPUATO, IRAPUATO, GTO

Email: nayelli.marsch@cinvestav.mx

RESUMEN

La regulación de procesos de desarrollo son fundamentales para la correcta formación de órganos y de un organismo vivo completo y funcional. Esto no es la excepción en plantas. La regulación del desarrollo es ejercida a nivel genético por factores de transcripción, que controlan y coordinan la expresión de numerosos genes. Además, en la modulación del desarrollo participan moléculas señalizadoras, como hormonas. En esta plática se hablará de un factor de transcripción de plantas que es capaz de reprogramar la identidad de células vegetales, y para el cual hemos descubierto recientemente que esta capacidad se debe a la regulación de una vía de hormonas vegetales.

A transcription factor that regulates hormonal pathways and reprograms cell identity in plants

Dra Nayeli Marsh Martínez

LANGEBIO CINVESTAV IRAPUATO, IRAPUATO, GTO

Email: nayelli.marsch@cinvestav.mx

ABSTRACT:

The fine regulation of developmental processes is fundamental for the correct formation of organs and complete and functional living organisms. This is not the exception in plants. Development regulation is exerted at the genetic level by transcription factors, which control and coordinate the expression of numerous genes. In addition, signaling molecules, such as hormones, participate in the modulation of development. In this presentation, we will talk about a plant transcription factor that is capable of reprogramming the identity of plant cells, and for which we have recently discovered that this capacity is due to the regulation of a plant hormonal pathway.

Explorando el papel funcional de los reguladores tipo OmpR en *Rhizobium etli*

María Magdalena Banda Hernández

Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

Email: m3magdabh@hotmail.com

RESUMEN

Los reguladores de respuesta (RR) de la familia OmpR/PhoB están altamente representados entre los genomas estudiados y se ha descrito que están involucrados en metabolismo, resistencia a múltiples fármacos, interacciones hospedero-bacteria y otras vías reguladoras. En *Rhizobium etli* (*R. etli*) CE3, una bacteria que establece una relación simbiótica con las plantas de frijol, existen 18 RRs de la familia OmpR/PhoB y sólo dos se han caracterizado. Es probable que los otros 16 RRs sean reguladores clave de la fisiología de *R. etli* CE3, incluida su capacidad para establecer una relación simbiótica con las plantas de frijol. Uno de nuestros objetivos fue caracterizar nuevos reguladores cuyo papel es más difícil de predecir mediante genómica comparativa. Utilizando herramientas bioinformáticas, identificamos 6 RRs que tienen ortólogos con funciones desconocidas dentro de la familia *Rhizobiaceae*. Para conocer los fenotipos asociados con estos reguladores, eliminamos sus respectivos genes y analizamos distintos comportamientos bajo diferentes condiciones. Recientemente reportamos que el regulador *RetPC57* juega un papel importante en el desarrollo de la simbiosis *R. etli*-frijol. Actualmente estamos trabajando en la caracterización del mecanismo molecular empleado por este regulador para permitir una comunicación adecuada entre *R. etli* y las plantas de frijol. De manera interesante, no pudimos eliminar los genes *RHE_CH03010* y *RHE_CH03968*, lo que sugiere que son necesarios para el crecimiento. Ambos genes tienen un alto porcentaje de identidad con genes descritos como esenciales en *Caulobacter crescentus*. Nuestros resultados indican que ambos genes son esenciales en *R. etli* y están involucrados en diferentes vías reguladoras.

Exploring the functional role of the regulators type OmpR in *Rhizobium etli*

Maria Magdalena Banda Hernández

Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

Email: m3magdabh@hotmail.com

ABSTRACT:

Members of the OmpR/PhoB family of response regulators (RRs) are highly represented among studied genomes and have been described to be involved in metabolism, multidrug resistance, host-microbe interactions, and other regulatory pathways. In *Rhizobium etli* (*R. etli*) CE3, a bacterium that establishes a symbiotic relationship with the common bean plants, the OmpR/PhoB family contains 18 RRs and only two RRs of this family have been described. The other 16 RRs are likely to be key regulators of *R. etli* CE3 physiology, including its capacity to establish a symbiotic relationship with common bean plants. One of our main interests was to characterize novel regulators whose role was harder to predict by comparative genomics. Hence, using bioinformatic tools, we identified 6 RRs that have orthologues with unknown functions within the *Rhizobiaceae* family. To unveil phenotypic traits associated with these regulators, we deleted their respective genes and analyzed a variety of behaviors under different conditions. Recently, we reported that the *R. etli* OmpR regulator RetPC57 is a critical player in developing the *R. etli* -common bean symbiosis. We are currently working on characterizing the molecular mechanism employed by this regulator to allow adequate communication between *R. etli* and bean plants. Interestingly, we were not able to eliminate the genes *RHE_CH03010* and *RHE_CH03968*, suggesting that they are critical for growth. Both genes have a high percentage sequence identity with genes described as essential in *Caulobacter crescentus*. Our results indicate that both genes are essential in *R. etli* and are involved in different regulatory pathways.

SESION VESPERTINA

15-19:50 pm

**COORDINA: DR LENIN SANCHEZ
CALDERON
UACB-UAZ**

Genómica funcional del gineceo y desarrollo del fruto

Dr. Stefan de Folter

LANGEBIO CINVESTAV IRAPUATO, IRAPUATO, GTO

Email: stefan.defolter@cinvestav.mx

RESUMEN

La mayoría de las angiospermas producen flores con un gineceo en el centro, que es la parte reproductora femenina de la flor. La iniciación del gineceo sienta desde muy temprano las bases para un correcto desarrollo del fruto. Los factores de transcripción y las vías de señalización hormonal desempeñan papeles importantes en estos eventos. En nuestro grupo estamos buscando nuevos reguladores del gineceo y del desarrollo del fruto. Además, estudiamos las redes reguladoras que controlan la diferenciación durante la formación del gineceo.

Functional Genomics of gynoecium and fruit development

Dr. Stefan de Folter

LANGEBIO CINVESTAV IRAPUATO, IRAPUATO, GTO

Email: stefan.defolter@cinvestav.mx

ABSTRACT:

Most angiosperms produce flowers with a gynoecium in their center, which is the female reproductive part of the flower. The initiation of the gynoecium lays the foundation for correct fruit development very early on. Transcription factors and hormonal signaling pathways play important roles in these events. In our group we are searching for new regulators of gynoecium and fruit development. In addition, we study the regulatory networks that control differentiation during gynoecium formation.

Functions and recycling of lipids in the bacterium *Sinorhizobium meliloti*, a symbiont of alfalfa

Isabel Maria López Lara,

Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México

Email: isabel@ccg.unam.mx

RESUMEN

Sinorhizobium meliloti are soil alphaproteobacteria capable of establishing symbiosis with leguminous alfalfa plants. Therefore, *S. meliloti* has at least two very different lifestyles. In the soil, there is generally nutrient limitation while, in symbiosis, the plant provides an environment full of nutrients. Membrane lipids and their derivatives have functions both in the survival of the bacteria and in the establishment of symbiosis with its host plant. Under conditions of phosphate limitation, *S. meliloti* can remodel existing phospholipids into phosphorus-free membrane lipids. Phospholipase PlcP degrades phosphatidylcholine (PC) to diacylglycerol (DAG) and phosphocholine. Phosphocholine is used as a source of phosphorus and DAG is used as a substrate to form the betaine lipid diacylglyceryl trimethylhomoserine (DGTS). In this way, the DAG from PC is recycled to form a new lipid. The ability of bacteria to reuse endogenous fatty acids increases their survival. 2-Tridecanone is a fatty acid derivative previously described as a natural insecticide. 2-Tridecanone is capable of altering surface motility and inhibiting the formation of biofilms both in *S. meliloti* and in other bacteria. *S. meliloti* can use different compounds present in the environment as biosynthetic building blocks, such as choline or sulfoquinovosyl glycerol, for the formation of its membrane lipids. *S. meliloti* strains lacking PC are unable to establish symbiosis with alfalfa.

We thank the UNAM-PAPIIT Program (IN208222) for funding.

Mejoramiento biotecnológico de Aguacate, oportunidad para hacer frente a la crisis climática

Dr. Rafael Urrea López
CIATEJ, GUADALAJARA, JALISCO
Email: rurrea@ciatej.mx

RESUMEN

El rápido cambio climático, causa fenómenos climáticos extremos cada vez de mayor magnitud y frecuencia. Estas alteraciones en los eventos meteorológicos exacerbaban los estreses bióticos y abióticos que amenazan la producción de alimentos y el medio ambiente. Ante este panorama los agricultores requieren nuevas variedades. Sin embargo, el mejoramiento genético tradicional es un proceso lento y difícil, en particular para las especies perennes leñosas. Ante la necesidad urgente de acelerar el mejoramiento genético de especies perennes de importancia económica, como por ejemplo el aguacate (*Persea americana*), una especie perenne, considerada la estrella del portafolio agrícola nacional con exportaciones por US \$3,478 millones en 2021, es necesario aprovechar los avances tecnológicos que contribuyan a ofrecer a los agricultores alternativas de nuevas variedades resilientes al cambio climático que permitan hacer frente al aumento de la demanda de forma sostenible y respetuosa con el medio ambiente. Mediante ingeniería genética investigadores han logrado inducir la floración en diferentes especies perennes para acelerar su mejoramiento genético. Para avanzar en ese mismo objetivo hemos desarrollado la primera sobre-expresión genética transitoria en hojas de plantas de aguacate, proporcionando una nueva alternativa a la comunidad de investigadores de esta especie, que puede impulsar nuevas estrategias de mejoramiento genético. Consideramos importante que se conozcan los avances logrados con esta tecnología y sean considerados en el debate alrededor de la adopción de la tecnología para hacer frente a los diferentes retos que impone la crisis climática.

PlantÓmica y biotecnología moderna para la identificación de genes vegetales con uso potencial para la mitigación y la adaptación al cambio climático

Dra. Anallila Arroyo Becerra

Instituto Politécnico Nacional-Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Laboratorio de Genómica Funcional y Biotecnología de Plantas. Ex-Hacienda San Juan Molino, carretera estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km. 1.5 Tepetitla de Lardizabal, Tlaxcala, CP 90700.

Email: alarroyo@ipn.mx

RESUMEN

El cambio climático es una realidad y el estudio de genes provenientes de plantas altamente adaptadas a ambientes estresantes, resulta prometedor para fines de uso para la mitigación y adaptación a las cada vez más intensas e inesperadas fluctuaciones ambientales.

Se presentarán algunos ejemplos del uso de herramientas Ómicas en plantas vasculares y no vasculares con tolerancia a intensidades altas de estrés abiótico y su relación con el estrés energético-nutricional (altas fuentes carbonadas); esto para identificar genes/proteínas que responden a estos estímulos y contribuyen a las respuestas de crecimiento y adaptación a tales condiciones estresantes. La caracterización funcional de secuencias no caracterizadas mediante herramientas de biotecnología moderna, resulta en la selección de genes con potencial uso biotecnológico para tales fines.

Agradecemos el soporte financiero a CONAHCYT (Proyectos, becas de postgrado y post-doctorales) y a SIP-IPN (proyectos y becas BEIFI).

PlantOmics and modern biotechnology for the identification of plant genes with potential use for mitigation and adaptation to climate change

Dra. Anallila Arroyo Becerra

Instituto Politécnico Nacional-Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Laboratorio de Genómica Funcional y Biotecnología de Plantas. Ex-Hacienda San Juan Molino, carretera estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km. 1.5 Tepetitla de Lardizabal, Tlaxcala, CP 90700.

Email: alarroyo@ipn.mx

ABSTRACT:

Climate change is a reality and the study of genes from plants highly adapted to stressful environments is promising for purposes of mitigation and adaptation to increasingly intense and unexpected environmental fluctuations.

Some examples of the use of Omics tools in vascular and non-vascular plants with tolerance to high intensities of abiotic stress, and its relationship with energy-nutritional stress (high carbon sources) will be presented; this to identify genes/proteins responsive to these stimuli and contribute to growth responses and adaptation to such stressful conditions. The functional characterization of uncharacterized sequences using modern biotechnology tools, results in the selection of genes with potential biotechnological use for such purposes.

We are grateful for the financial support of CONAHCYT (Grants, postgraduate and post-doctoral fellows) and SIP-IPN (BEIFI projects and scholarships).

VIERNES 29 DE SEPTIEMBRE DE 2023

Coordinador:
Dr. Ángel Lee
Hospital Angeles Pedregal.
CDAD. MEXICO

09:00-a 18:00 pm

CONFERENCIA PLENARIA

Bioinformática y la integración de inteligencia artificial que aumenta la adquisición del conocimiento biológico

**Dr. Mishael Sánchez Pérez.
IPICYT. SLP. SLP. MEXICO**

Bioinformatics and the integration of AI that boost the acquisition of biological knowledge.

Dr. Mishael Sánchez Pérez.

IPICT. SLP. MEXICO

Email: mishael.sanchez@ipicyt.edu.mx

ABSTRACT:

Bioinformatics is a multidisciplinary field of science that connects physics, chemistry, mathematics, biology, statistics and computer science. The development of bioinformatics methods was born in 1990 as a result of the explosion of biological data resulting from advancements in molecular biology and genomics. Bioinformatics involves the analysis of distinct types of data such as DNA, RNA, and protein sequences. As the volume of biological data grew exponentially, it became clear that traditional methods were insufficient to extract meaningful insights. This behavior led the researcher to incorporate AI algorithms to bioinformatics. Machine Learning is a branch of AI that performs knowledge discovery across learning from specific datasets and performs predictions or classification.

In conclusion, the history of bioinformatics is a journey from basic sequence analysis to a multidisciplinary field that harnesses the power of machine learning. This partnership has unlocked insights into biology that were previously unimaginable, shaping our understanding of diseases, evolution, and the intricate workings of living organisms. As technology advances, the collaboration between bioinformatics and machine learning holds the potential to drive further breakthroughs in biological research and healthcare.

CONFERENCIAS

Fundamentos de Inteligencia Artificial y Máquina de Aprendizaje

Agustin Ramiro Urzúa González

Unidad de Cuidados Intensivos Cardiovascular de del HRAEB y la UMAE T1, del IMSS. León, Gto. Email: drurzuagonzalez@gmail.com

RESUMEN

La Inteligencia Artificial (IA) y el Aprendizaje Automático (Machine Learning, ML) son tecnologías disruptivas que están transformando diversas industrias, incluida la medicina. Aunque la IA es un campo amplio que abarca desde el procesamiento del lenguaje natural hasta la robótica, en medicina su enfoque principal ha sido el análisis de datos complejos. ML, una subdisciplina de la IA, permite que las computadoras aprendan de los datos para hacer predicciones o decisiones sin ser explícitamente programadas.

Los algoritmos de ML, como las redes neuronales y los árboles de decisión, han demostrado su eficacia en la interpretación de imágenes médicas, el diagnóstico de enfermedades y la personalización de tratamientos. Por ejemplo, los modelos de aprendizaje profundo pueden analizar radiografías y resonancias magnéticas con una precisión comparable a la de los especialistas humanos.

Es crucial que los profesionales médicos comprendan estos fundamentos para colaborar eficazmente en la implementación y evaluación de estas tecnologías. Aunque la IA y el ML tienen un potencial significativo para mejorar la atención médica, también es vital considerar los desafíos, como la calidad de los datos y la interpretación de los resultados, para su aplicación efectiva en el entorno clínico.

Aplicaciones de Inteligencia Artificial en Ciencias Médicas

Omar Daniel Pérez Godínez

ESCUELA DE MEDICINA DE LA UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO. CAMPUS LEON, GTO.

Email: omarpg10@hotmail.com

RESUMEN

La Inteligencia Artificial (IA) ha dejado una huella indeleble en el campo de la medicina, abriendo nuevas posibilidades para el diagnóstico, tratamiento y gestión de enfermedades. Desde aplicaciones que ayudan en la detección temprana de enfermedades como el cáncer hasta sistemas que ofrecen apoyo en la toma de decisiones clínicas, la IA está reconfigurando la práctica médica. Una de las aplicaciones más notables es en el campo de la radiología. Algoritmos avanzados pueden ahora analizar imágenes médicas como rayos X, MRI y tomografíasun ojo humano. Otro ámbito crucial es la genómica, donde la IA se utiliza para analizar grandes conjuntos de datos genéticos para entender mejor la predisposición a ciertas enfermedades. La IA también ha mostrado su utilidad en la gestión de enfermedades crónicas. Sistemas inteligentes pueden monitorizar indicadores de salud en tiempo real, permitiendo intervenciones más tempranas y personalizadas. Además, en el ámbito de la salud mental, hay aplicaciones que utilizan IA para evaluar el bienestar emocional del paciente y ofrecer intervenciones oportunas. A medida que estas tecnologías continúan desarrollándose, es fundamental que los profesionales médicos estén equipados con el conocimiento necesario para evaluar y adoptar estas herramientas de manera ética y efectiva.

Herramientas d Inteligencia Artificial en Ciencias Médicas

Luis Ignacio Pérez Velázquez

ESCUELA DE MEDICINA DE LA UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO. CAMPUS
LEON, GTO.

Email: Lignaciopv@gmail.com

RESUMEN

La Inteligencia Artificial (IA) ha emergido como una herramienta poderosa en la investigación médica, acelerando descubrimientos y facilitando análisis complejos. Una de las aplicaciones más destacadas es el análisis de "big data" en estudios epidemiológicos y clínicos. Algoritmos de aprendizaje automático pueden procesar grandes volúmenes de datos para identificar correlaciones y patrones que serían difíciles de detectar mediante métodos tradicionales.

En el dinámico campo de la investigación médica, diversas herramientas basadas en Inteligencia Artificial (IA) están revolucionando la forma en que se recopilan, analizan y interpretan los datos. Herramientas como ChatGPT pueden ser empleadas para el análisis de texto en investigaciones clínicas, ayudando a sintetizar grandes volúmenes de literatura médica o transcripciones de entrevistas con pacientes. Su capacidad para entender y generar texto lo convierte en una herramienta invaluable para resumir y extraer conocimientos.

Por otro lado, Infranodus se especializa en el análisis de redes y puede ser particularmente útil en el estudio de relaciones complejas entre síntomas, enfermedades y tratamientos. Al visualizar estos datos como un gráfico de red, los investigadores pueden identificar conexiones y patrones que de otra manera serían difíciles de discernir.

Además, las tecnologías de búsqueda impulsadas por IA están transformando la manera en que se accede a la información médica. Estas herramientas pueden escanear rápidamente bases de datos médicas, revistas y otros recursos para encontrar información relevante, facilitando la recopilación de datos para investigaciones.

La familiarización con estas herramientas es esencial para los investigadores y médicos que buscan aprovechar al máximo las capacidades que la IA ofrece. La adopción de estas tecnologías no solo acelera el ritmo de la investigación, sino que también abre nuevas posibilidades para abordar preguntas clínicas complejas de manera más efectiva y ética.

Aplicaciones en Diagnóstico enfocado en Cardiología

Oscar Abraham José Padilla Solís

ESCUELA DE MEDICINA DE LA UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO. CAMPUS LEON, GTO.

Email: bambampaso98@gmail.com y oaj.padillasolis@ugto.mx

RESUMEN

Las recientes innovaciones en Inteligencia Artificial (IA) están remodelando el paisaje de la medicina de maneras sorprendentes y prometedoras. La emergencia de tecnologías como la Federated Learning permite ahora el entrenamiento de modelos de IA sin compartir datos sensibles entre instituciones, lo que resuelve desafíos éticos y de privacidad. Uno de los avances más emocionantes es la incorporación de IA en dispositivos médicos portátiles y wearables. Estos dispositivos pueden monitorizar signos vitales y patrones de comportamiento en tiempo real, y mediante algoritmos de IA, pueden alertar a los usuarios y a los profesionales médicos sobre posibles problemas de salud antes de que se conviertan en situaciones críticas. Además, las innovaciones en el procesamiento del lenguaje natural (NLP, por sus siglas en inglés) están mejorando la interacción entre los sistemas de IA y los humanos. Chatbots médicos, por ejemplo, pueden gestionar consultas básicas y recopilar historias clínicas, liberando tiempo para que los profesionales médicos se concentren en casos más complejos. Asimismo, la IA está empezando a jugar un papel crucial en la lucha contra pandemias, ayudando en la identificación rápida de brotes y en la distribución eficiente de recursos médicos. Estos avances son testimonio del poder transformador de la IA, pero también plantean cuestiones éticas y prácticas que la comunidad médica debe abordar de manera proactiva.

MESA REDONDA

**“El futuro de la Inteligencia artificial en las Ciencias Médicas.
Sus Regulaciones e Implicaciones éticas”.**

**-Angel Lee Aguirre (Coordinador)
HOSPITAL ANGELES PEDREGAL
CDAD MEXICO**

**-Dr. Vicente Madrid Marna
CISEI. INSP, CUERNAVACA. MOR.**

**-Dr. Daniel J Xibille F
HOSPITAL GENERAL “JOSE G. PARRES ”.
(CUERNAVACA. MOR)**

**-Dr. Eduardo Missoni
INSP. CUERNAVACA. MOR.**

**-Dr. Emanuel Orozco
INSP. CUERNAVACA. MOR.**

“El futuro de la Inteligencia artificial en las Ciencias Médicas. Sus Regulaciones e Implicaciones éticas”.

Dr. Ángel Lee.

Hospital Ángeles Pedregal, CDAD DE MEXICO.

Email: dr_angel_lee@yahoo.de

RESUMEN

A medida que la Inteligencia Artificial (IA) continúa evolucionando, su impacto en la medicina es innegable y su potencial para el futuro es vasto. Desde la automatización de tareas rutinarias hasta la habilitación de diagnósticos más precisos y tratamientos personalizados, la IA tiene el poder de revolucionar la atención médica. Sin embargo, su implementación trae consigo una serie de consideraciones éticas que no deben ser pasadas por alto. Los algoritmos de IA tienen el potencial de perpetuar desigualdades si se entrenan con datos sesgados, lo cual es un tema especialmente crítico en el ámbito médico. Es imperativo que se establezcan lineamientos éticos para garantizar que las tecnologías de IA sean inclusivas y no discriminatorias. Además, cuestiones como la privacidad de los datos, el consentimiento informado y la transparencia en la toma de decisiones clínicas son aspectos que requieren una regulación cuidadosa. La responsabilidad médica en la era de la IA es otro tema que requiere atención. ¿Quién es responsable cuando un algoritmo comete un error en el diagnóstico o tratamiento? Abordar estas cuestiones éticas es fundamental para asegurar una adopción segura y efectiva de la IA en la medicina. Mirando hacia el futuro, la formación continua y la alfabetización en IA para los profesionales médicos será esencial. Solo a través de una colaboración interdisciplinaria efectiva podremos navegar por los desafíos éticos y técnicos que plantea la integración de la IA en la medicina.

KEY CLOSING LECTURE

“Long COVID research and Clinical Care”

**Dra Linda N. Geng,
School of Medicine, Stanford University
Palo Alto, CA. USA.**

Long COVID Research and Clinical Care

Linda N. Geng, M.D., Ph.D.

Stanford Internal Medicine

Director, Consultative Medicine

Co-Director, Post-Acute COVID-19 Syndrome Center

School of Medicine, Stanford University, Palo Alto, Ca. USA

ABSTRACT:

Post-acute sequelae of SARS-CoV-2 (PASC) or Long COVID continues to impact millions of people worldwide. Our understanding of Long COVID is dynamically changing and there is an urgent need to find treatments and expand care for patients with Long COVID. Long COVID encompasses a wide spectrum of symptoms and conditions, including overlap with other conditions such as myalgic encephalomyelitis and dysautonomia. Models of Long COVID disease pathogenesis are crystallizing, such as persistent SARS-CoV-2 viral reservoir as a potential mechanism of disease for some individuals. Therefore, direct antivirals against SARS-CoV-2 present a promising therapeutic avenue for investigation. Our trial of nirmatrelvir-ritonavir in Long COVID and other studies will add to the rapidly evolving and growing landscape of clinical trials to address the great unmet need for effective Long COVID therapeutics.

ABSTRACTS EN SESION ORAL

01. Caracterización proteómica y bioquímica del veneno de la víbora de cascabel transvolcánica (*Crotalus triseriatus*)

Pérez Robles Armando¹, Neri Castro Edgar^{2,3}, Vázquez García Emiliano⁴, Alagón Cano Alejandro³.

¹Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA), Camino Ramón Padilla Sánchez No. 2100, 45200, Nextipac, Zapopan, Jalisco, México.

²Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Avenida Universidad s/n. Fracc. Filadelfia, 35010, Gómez Palacio, Durango, México.

³Departamento de Medicina Molecular y Bioprocesos, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 2001, 62210, Cuernavaca, Morelos, México.

⁴Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma del Estado del Estado de Morelos, Av. Universidad 1001, 62209, Cuernavaca, Morelos, México.

Email: armando.probles@alumnos.udg.mx

Resumen

En México se han identificado 45 especies de serpientes de cascabel, entre las cuales se encuentra la cascabel transvolcánica (*Crotalus triseriatus*), que tiene su distribución en los estados de Michoacán, Estado de México, Querétaro, Ciudad de México, Veracruz, Tlaxcala, Puebla y Morelos. Sin embargo, el conocimiento acerca de la composición de su veneno es limitado. El objetivo de este estudio es llevar a cabo una caracterización proteómica y bioquímica del veneno de esta especie.

Se realizaron análisis de las principales actividades bioquímicas del veneno utilizando muestras de cinco individuos procedentes de Ciudad de México y nueve de Toxtlacoaya, Veracruz, todos ellos pertenecientes a la víbora de cascabel transvolcánica. Los venenos liofilizados de cada individuo, así como una mezcla del veneno de los catorce organismos, se resuspendieron en un tampón de fosfato salino (PBS) 1X y se cuantificó la proteína utilizando la técnica del ácido bicinconínico (BCA). Se obtuvieron los perfiles electroforéticos en geles de acrilamida al 12.5% en condiciones reductoras (SDS-PAGE) de los venenos completos de cada individuo y de la mezcla de todos los venenos [1]. Se utilizó la técnica de cromatografía líquida de alta resolución en fase reversa (RP-HPLC), con una columna analítica C₁₈, monitoreando la absorbancia a 214nm obteniendo cromatogramas de los venenos de cada individuo y la mezcla de estos. Del cromatograma de la mezcla se colectaron las fracciones y se seleccionaron las que eluyen entre los treinta y cincuenta minutos para determinar las masas moleculares mediante espectrometría con ionización por electrospray (ESI-MS) [2, 3]. Se probaron las actividades proteolíticas, fosfolipasa y fibrinogenolítica de los venenos

de cada individuo y la mezcla de venenos. Se observó que las metaloproteasas de veneno de serpiente (SVMP's) son las enzimas proteolíticas principales en el veneno de *C. triseriatus* en ensayos sobre azocaseína [4, 5, 6]. Los zimogramas de gelatina muestran actividad proteolítica en bandas correspondientes al peso molecular aproximado de las SVMP's y las serinoproteasas de veneno de serpiente (SVSP's) [7, 8]. Los venenos cuentan con fosfolipasas A₂ catalíticamente activas para el sustrato sintético 4NOBA [9, 10]. La prueba para actividad fibrinogenolítica muestra que los venenos de todos los individuos son capaces de degradar la cadena α y β de fibrinógeno humano [11, 12].

Referencias

- [1] Laemmli U.K. 1970, Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4, *Nature* 227, 680-685. <https://doi.org/10.1038/227680a0>.
- [2] Calvete J.J. 2011, Proteomic tools against the neglected pathology of snake bite envenoming. *Expert Rev Proteomics*; 8:6, 739-758. <https://doi.org/10.1586/epr.11.61>.
- [3] Lomonte B., Tsai W. C., Bonilla F., Solórzano A., Solano G., Angulo Y., Gutiérrez J. M., & Calvete J. J. 2012, Snake venomomics and toxicological profiling of the arboreal pitviper *Bothriechis supraciliaris* from Costa Rica. *Toxicon*; 59:5, 592–599. <https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2012.01.005>.
- [4] Wang W. J. & Huang T. F. 2002, Purification and characterization of a novel metalloproteinase, acurhagin, from *Agkistrodon acutus* venom. *Thromb Haemostat*; 87: 641-650.
- [5] Wang W. J., Shih C. H., & Huang T. F. 2004, A novel P-I class metalloproteinase with broad substrate-cleaving activity, agkislysin, from *Agkistrodon acutus* venom. *Biochemical and Biophysical Research Communications*; 324, 224-230.
- [6] Gutiérrez J. M., Sanz L., Escolano J., Fernández J., Lomonte B., Angulo Y., Rucavado A., Warrell D. A., & Calvete J. J. 2008, Snake venomomics of the Lesser Antillean pit vipers *Bothrops caribbaeus* and *Bothrops lanceolatus*: Correlation with toxicological activities and immunoreactivity of a heterologous antivenom. *Journal of Proteome Research*; 7, 4396–4408. 10.1021/pr8003826.
- [7] Heussen, C. & Dowdle E.B. 1980, Electrophoretic analysis of plasminogen activators in polyacrylamide gels containing sodium dodecyl sulfate and copolymerized substrates. *Anal. Biochem*; 102:196-202.
- [8] Snoek-van Beurden P. A. & Von den Hoff J. W. 2005, Zymographic techniques for the analysis of matrix metalloproteinases and their inhibitors. *Biotechniques*; 38(1):73-83. 10.2144/05381RV01.
- [9] Cho W., Markowitz M. A., & Kézdy F. J. 1988, A new class of phospholipase A₂ substrates: kinetics of the phospholipase A₂ catalyzed hydrolysis of 3-(acyloxy)-4-nitrobenzoic acids. *Journal of American Chemical Society*; 110, 5166-5171.
- [10] Holzer M. & Mackessy S. P. 1996, An aqueous endpoint assay of snake venom phospholipase A₂. *Toxicon*; 34, 1149-1155.
- [11] Weldon C. L. & Mackessy S. P. 2010, Biological and proteomic analysis of venom from the Puerto Rican Racer (*Alsophis portoricensis*: Dipsadidae). *Toxicon*; 55, 558-569. <https://doi.org/10.1016/j.toxicon.2009.10.010>.
- [12] Ouyang C. & Huang T.F. 1979 Alpha and beta-fibrinogenases from *Trimeresurus gramineus* snake venom. *Biochimica et Biophysica Acta*; 571, 270–283.

- [13] Colis-Torres A., Neri-Castro E., Strickland J. L., Olvera-Rodríguez A., Borja M., Calvete J., Jones J., Parkinson C. L., Bañuelos J., López de León J., & Alagón A. 2022, Intraspecific venom variation of Mexican West Coast Rattlesnakes (*Crotalus basiliscus*) and its implications for antivenom production. *Biochimie*; 192, 111-124. <https://doi.org/10.1016/j.biochi.2021.10.006>.
- [14] Neri-Castro E., Zarzosa V., Colis-Torres A., Fry B. G., Olvera-Rodríguez A., Jones J., Reyes-Velasco J., Zamudio F., Borja M., Alagón A. & Lomonte B. 2022, Proteomic and toxicological characterization of the venoms of the most enigmatic group of rattlesnakes: The long-tailed rattlesnakes. *Biochimie*; 202, 226-236. <https://doi.org/10.1016/j.biochi.2022.08.015>.
- [15] Rivas E., Neri-Castro E., Bénard-Valle M., Hernández-Dávila A. I., Zamudio F., & Alagón A. 2017, General characterization of the venoms from two species of rattlesnakes and an intergrade population (*C. lepidus x aquilus*) from Aguascalientes and Zacatecas, Mexico. *Toxicon*; 138, 191-195. <http://dx.doi.org/10.1016/j.toxicon.2017.09.002>.
- [16] Mackessy S. P. 2021. *Handbook of Venoms and Toxins of Reptiles*. CRC Press. Boca Raton, Florida, USA. <https://doi.org/10.1201/9780429054204>.
- [17] Grabowsky E. R., Saviola A. J., Alvarado-Díaz J., Mascareñas A. Q., Hansen K. C., Yates J. R., III, Mackessy S. P. 2023, Montane Rattlesnakes in México: Venoms of *Crotalus tancitarensis* and Related Species within the *Crotalus intermedius* Group. *Toxins*; 15, 72. <https://doi.org/10.3390/toxins15010072>
- [18] Bryson Jr. R. W., Murphy R. W., Lathrop A., & Lazcano-Villareal D. 2011, Evolutionary drivers of phylogeographical diversity in the highlands of Mexico: a case study of the *Crotalus triseriatus* species group of montane rattlesnakes. *Journal of Biogeography*; 38, 697–710. 10.1111/j.1365-2699.2010.02431.x
- [19] Bryson Jr. R. W., Linkem C. W., Dorcas M. E., Lathrop A., Jones J. M., Alvarado-Díaz J., Grünwald C. I., & Murphy R. W. 2014, Multilocus species delimitation in the *Crotalus triseriatus* species group (Serpentes: Viperidae: Crotalinae), with the description of two new species. *Zootaxa* 3826 (3): 475–496. 10.11646/zootaxa.3826.3.3.
- [20] Blair C., Bryson Jr. R. W., Linkem C. W., Lazcano D., Klicka J. & McCormack J. E. 2018, Cryptic diversity in the Mexican highlands: Thousands of UCE loci help illuminate phylogenetic relationships, species limits and divergence times of montane rattlesnakes (Viperidae: Crotalus). *Mol Ecol Resour*; 19, 349–365. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12970>.

02. La microbiota de la sanguijuela *Haementeria officinalis* como fuente de compuestos antibacterianos

Brianda Carolina Hernández Plata^{1*}, Víctor Manuel Sosa-Jiménez², Rafael Peña-Miller³, Alejandro Ocegüera-Figueroa², y Deyanira Pérez-Morales³

¹Licenciatura en Biología Molecular, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, Ciudad de México.

²Departamento de Zoología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México.

³Programa de Biología de Sistemas, Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Morelos.

Email: bribri.plata@gmail.com

Resumen

La resistencia a antibióticos es una pandemia que amenaza la salud pública debido a que limita las opciones terapéuticas para erradicar bacterias patógenas. Como consecuencia, muchas de las infecciones causadas por bacterias que antes eran curables, actualmente se están volviendo incurables [1]. En 2019, infecciones causadas por bacterias resistentes a antibióticos provocaron la muerte de 1.27 millones de personas en el mundo, es decir, casi 3,500 defunciones por día [2]. Ante este panorama, se necesitan nuevas estrategias para combatir a las bacterias farmacorresistentes. Una de estas alternativas es la búsqueda de compuestos naturales con actividad antibacteriana a partir de nuevas fuentes o de fuentes poco exploradas. Dentro de estas, las sanguijuelas hematófagas han despertado interés debido a su capacidad de almacenar la sangre ingerida durante largos periodos de tiempo sin que esta se descomponga o contamine. Este hecho sugiere que dentro de las sanguijuelas existen mecanismos biológicos que protegen a la sangre ingerida de la propagación de patógenos exógenos. Algunos estudios han evidenciado que uno de estos mecanismos podrían ser los metabolitos que son producidos por la microbiota intestinal de las sanguijuelas, la cual además es muy poco diversa en comparación con la microbiota de la mayoría de otros animales. Por lo tanto, la microbiota intestinal de las sanguijuelas parece ser una fuente prometedora de compuestos antimicrobianos.

El objetivo general del presente trabajo fue determinar si bacterias que conforman a la microbiota intestinal de la sanguijuela *Haementeria officinalis* producen metabolitos con actividad antibacteriana. Como primer paso, ejemplares de *Haementeria officinalis* fueron colectados en un estanque ubicado en Coroneo, Guanajuato, México. Una vez en el laboratorio, tras la disección ventral de las sanguijuelas, el contenido del buche fue cultivado en agar de soya tripticaseína (TSA) durante 48 horas a temperatura ambiente. De los diferentes aislados recuperados, con base en las características morfológicas de las colonias, se seleccionaron 13 de ellos para evaluar su capacidad de inhibir el crecimiento de patógenos del grupo ESKAPE. Usando ensayos de difusión en agar, se determinó que una de las bacterias provenientes de sanguijuelas inhibió el crecimiento de la cepa *Staphylococcus aureus* ATCC 29213. Mediante el análisis de la secuencia del gen 16s rRNA, se determinó la identidad de nueve de los aislados, incluyendo el que inhibió el crecimiento de *S. aureus*. Experimentos posteriores nos permitirán identificar la naturaleza del compuesto.

Referencias

- [1] Zhang, Q. Lambert, G. Liao, D. Kim, H. Robin, K. Tung, C.K. *Science*, 333 (2011) 1764-1767.
- [2] Antimicrobial Resistance Collaborators. *Lancet* (2022) 1-27.

27 DE SEPTIEMBRE DE 2023

06. Expresión heteróloga de una fosfolipasa neurotóxica unida a una toxina de tres dedos de serpientes de coral en *E. coli* para su utilización como posible inmunógeno

Sophia Serrano Rubira¹, Dr. Edgar Enrique Neri Castro ^{1,2}, M. en C. Alejandro Olvera Rodríguez ², Dr. Alejandro Alagón Cano ² ¹Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos; ²Instituto de Biotecnología, UNAM
E-mail: sophia.serrano@ibt.unam.mx

Resumen

En México se registran aproximadamente 3,800 mordeduras por serpientes venenosas al año, de las cuales se estima que alrededor del 1% son ocasionadas por serpientes de coral (*Micrurus spp*) [1]. Los venenos de *Micrurus* se componen de varias familias proteicas, sin embargo, desde el punto de vista clínico hay dos familias relevantes: las fosfolipasas tipo A₂ (PLA₂) neurotóxicas que actúan sobre el botón presináptico de la unión neuromuscular, y alfa neurotoxinas pertenecientes a la familia de toxinas de tres dedos (3FTx) que se unen al receptor nicotínico de acetilcolina (nRACH) (Lomonte et al., 2016). Se ha observado que estas familias de importancia clínica se encuentran en proporciones variables dentro del veneno de distintas especies del género *Micrurus* lo que supone un reto para la neutralización por parte de fáboterápicos comerciales (Yang et al., 2017)

En las últimas décadas se ha propuesto el uso de proteínas recombinantes para la producción de anticuerpos capaces de reconocer y neutralizar toxinas nativas presentes en los venenos de arácnidos y ofidios de importancia médica [4 y 5]. Asimismo, se ha observado que el uso de proteínas quiméricas compuestas por toxinas diferentes ha generado anticuerpos neutralizantes contra ambos dominios proteicos [6].

En el presente trabajo se realizó la expresión de una proteína quimérica compuesta por una PLA₂ neurotóxica caracterizada en el veneno de *M. browni* [7] y una alfa neurotoxina recombinante [5] en dos cepas de *Escherichia coli*. La proteína fue purificada por afinidad a níquel. Se evaluó su actividad biológica mediante ensayos *in vivo* y actividad fosfolipasa en sustrato de rodamina con yema de huevo; la proteína fue de igual manera analizada mediante las técnicas de Western Blot y ELISA, en las cuales se utilizaron anticuerpos no específicos contra esta. Finalmente, la proteína quimérica recombinante fue utilizada como antígeno en el esquema de hiperinmunización de 4 conejos de los cuales se obtuvieron anticuerpos contra el dominio PLA₂ y el dominio rDH. Actualmente, los anticuerpos

El objetivo general del presente trabajo fue determinar si bacterias que conforman a la microbiota intestinal de la sanguijuela *Haementeria officinalis* producen metabolitos con actividad antibacteriana. Como primer paso, ejemplares de *Haementeria officinalis* fueron colectados en un estanque ubicado en Coroneo, Guanajuato, México. Una vez en el laboratorio, tras la disección ventral de las sanguijuelas, el contenido del buche fue cultivado en agar de soya tripticaseína (TSA) durante 48 horas a temperatura ambiente. De los diferentes aislados recuperados, con base en las características morfológicas de las colonias, se seleccionaron 13 de ellos para evaluar su capacidad de inhibir el crecimiento de patógenos del grupo ESKAPE. Usando ensayos de difusión en agar, se determinó que una de las bacterias provenientes de sanguijuelas inhibió el crecimiento de la cepa *Staphylococcus aureus* ATCC 29213. Mediante el análisis de la secuencia del gen 16s rRNA, se determinó la identidad de nueve de los aislados, incluyendo el que inhibió el crecimiento de *S. aureus*. Experimentos posteriores nos permitirán identificar la naturaleza del compuesto.

Referencias

- [1] Zhang, Q. Lambert, G. Liao, D. Kim, H. Robin, K. Tung, C.K. *Science*, 333 (2011) 1764-1767.
- [2] Antimicrobial Resistance Collaborators. *Lancet* (2022) 1-27.

09.Evaluación del microencapsulado de Jugo de granada como antihipertensivo en el postprandio en pacientes con hipertensión leve.

Perfecta Cabrera García¹, Gabriel Betanzos Cabrera ², Deyanira Ojeda-Ramírez Néstor Alonso Sánchez Ortiz⁴, 5^{to} Héctor Enrique Fabela-Illescas.

¹ Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo ICSSa Circuito Ex Hacienda La Concepción S/N

Carretera Pachuca Actopan, San Agustín Tlaxiaca, Hidalgo.

²Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo ICAP, Rancho Universitario Av. Universidad Km.1 Ex-Hda. de Aquetzalpa AP 32, CP 43600, Tulancingo. Hidalgo.

Email: cay00478@uaeh.edu.mx

Resumen

La hipertensión arterial (HTA) es una enfermedad de salud pública, debido al aumento de personas diagnosticadas, ([1]) además tienen un riesgo más elevado de infarto de miocardio u otro evento coronario, ([2]) el tratamiento farmacológico para la HTA suele ser costoso y acompañado de efectos secundarios que incluyen un posible daño en el riñón e hígado. ([3]) Este trabajo tuvo como objetivo comparar el efecto antihipertensivo del microencapsulado de jugo de granada y el jugo de granada fresco en pacientes con HTA leve postprandial, así como cuantificar el contenido de flavonoides, fenoles totales y antocianinas. Para ello se reclutaron a 25 mujeres con hipertensión leve con valores de 140-159 / 90- 99 mmHg a cada participante se le tomó la presión arterial, al tiempo 0 y postprandialmente a los 30, 60, 90 y 120 min. El desayuno fue calculado de acuerdo con la ingesta diaria recomendada en una dieta diaria de 2000 kcal, este desayuno aportó 24% kcal de esta ingesta. Se formaron 5 grupos cada uno con 5 integrantes, a los que se ministró el tratamiento indicado como sigue: 1) 150 mL de agua. 2) 20 g de placebo (maltodextrina) tomado con 150 ml de agua. 3) 150 mL de jugo fresco de granda. 4) fármaco convencional de tratamiento de la SSA. 5) 20 g de MEG en 150 mL de agua. La determinación de compuestos fenólicos totales se determinó por el método Folin-Ciocalteu, Flavonoides según Zhishen y antocianinas por pH diferencial, y la capacidad antioxidante por ABTS** y DPPH*. Se realizaron pruebas de regresión lineal. Al analizar los datos, se observó una tendencia a disminuir la presión diastólica y sistólica a los 120 minutos. En la presión sistólica, únicamente FA mostró significancia en los minutos 90 y 120 (0.0 y 0.01), mientras que, en la presión diastólica hubo diversas diferencias estadísticamente significativas. MEG a partir de tiempos 30 - 120 min, los grupos JG, FA y PL en los tiempos 60 - 120 min, la reacción de JG fue similar a FA, AG únicamente a los 90 min. Con respecto al contenido de fenoles y flavonoides se encontró que el microencapsulado (14.8443 ± 0.03 y 9.2079 ± 0.5 mg) tiene mayor contenido que el jugo fresco de granada (3.3180 ± 0.03 y 1.4846 ± 0.77 mg), se observa un mayor contenido de antocianinas en el jugo fresco de granada (3.06 ± 0.009 mg) en comparación con el microencapsulado (1.2320 ± 0.02 mg), lo que significa que la microencapsulación permite la concentración de compuestos. De manera general existe una tendencia a disminuir la presión arterial en el postprandio, por lo que, los resultados sugieren que MEG tuvo un efecto antihipertensivo moderado.

Referencias:

- [1] Giles TD, Materson BJ, Cohn JN, Kostis JB. Definition and classification of hypertension: An update. *J Clin Hypertens*. 11(11); (2009): 611-4.
- [2] Cushman WC, Ford CE, Cutler JA, et al. Success and predictors of blood pressure control in diverse North American settings: The Antihypertensive and Lipid-Lowering Treatment to Prevent Heart Attack Trial (ALLHAT). *J Clin Hypertens (Greenwich)*. 4 (2002):393-404.
- [3] Tagle R. Diagnóstico de Hipertensión Arterial, *Nefrología*. 29 (1): (2018):12-20.

28 DE SEPTIEMBRE DE 2023

012. Identificación de subpoblaciones espermáticas en respuesta a la ketanserina. Aplicación del algoritmo SCAN para agrupar imágenes de trayectorias espermáticas.

Cindy Rivas Arzaluz^{1,*}, Eder Rodríguez Martínez², María Elena Ayala Escobar³, Andrés Aragón Martínez¹.

¹Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México

²Departamento de Optoelectrónica y Mediciones Automáticas, Universidad Autónoma de Baja California

³Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México.

Email: cindy0285@gmail.com

Resumen

El procedimiento estadístico para identificar subpoblaciones cinemáticas utiliza los datos de parámetros de movilidad, obtenidos de un sistema de análisis de espermatozoides asistido por computadora (CASA) [1]. Los espermatozoides expresan proteínas relacionadas con la comunicación serotoninérgica, como receptores, transportadores y proteínas metabolizadoras [2]. El objetivo de este trabajo fue identificar subpoblaciones basadas en imágenes de trayectorias espermáticas, mediante la aplicación de un algoritmo de aprendizaje profundo. Se escribió un código en Python para reconstruir las imágenes de las trayectorias a partir de sus coordenadas y se utilizaron como entrada para el algoritmo de SCAN; y, se describió estadísticamente el efecto de la ketanserina en la cinemática de cada grupo identificado. Se trataron muestras de semen de cerdo con distintas concentraciones de ketanserina y se utilizaron muestras no tratadas como control. La movilidad espermática en cada muestra se analizó a los 0 y 30 minutos de incubación. Se obtuvieron seis subpoblaciones. Los valores más altos de velocidad espermática se observaron en la subpoblación a los 0 y 30 minutos. La ketanserina indujo un aumento de los valores de la velocidad curvilínea en altas

concentraciones, mientras que la linealidad y la velocidad rectilínea disminuyeron. Nuestro flujo de trabajo permite una mejor identificación de las subpoblaciones cinemáticas que el enfoque tradicional y proporciona información sobre la heterogeneidad de la respuesta a la ketanserina. Por lo tanto, podría impactar significativamente en la investigación de la relación entre la heterogeneidad de los espermatozoides y la fertilidad.

Abstract

The statistical procedure for identifying kinematic subpopulations uses mobility parameter data obtained from a Computer-Assisted Sperm Analysis (CASA) system [1]. Spermatozoa express proteins related to serotonergic communication, such as receptors, transporters, and metabolizing proteins [2]. The aim of this study was to identify subpopulations based on sperm trajectory images using a deep learning algorithm. A Python code was developed to reconstruct trajectory images from their coordinates, which were used as input for the SCAN algorithm. The effect of ketanserin on the kinematics of each identified group was statistically described. Pig semen samples were treated with different concentrations of ketanserin, with untreated samples used as a control. Sperm motility in each sample was analyzed at 0 and 30 minutes of incubation. Six subpopulations were obtained. The highest sperm velocity values were observed in the subpopulation at 0 and 30 minutes. Ketanserin induced an increase in curvilinear velocity values at high concentrations, while linearity and rectilinear velocity decreased. Our workflow allows for better identification of kinematic subpopulations than the traditional approach and provides information on the heterogeneity of the response to ketanserin. Therefore, this could have a significant impact on research into the relationship between sperm heterogeneity and fertility.

Referencias

- [1]F. Martínez-Pastor. *Anim Reprod Sci.* (2021) 106844.
- [2]M. Fujinoki, M. *Reproduction.* 142 (2011) 255–266.

ABSTRACTS EN SESION POSTER

26 de Septiembre de 2023

03. Estimación poblacional de *Ambystoma altamirani* Dugés 1895 en el Parque Nacional Lagunas de Zempoala

Samuel Aréchaga Ocampo¹; Humberto Mejía Mojica², Carlos Jesús Balderas Valdivia³, Topiltzin Contreras MacBeath¹, Rodolfo Pérez Rodríguez⁴

¹Centro de Investigaciones Biológicas, UAEM. Avenida Universidad 1001, Colonia Chamilpa, 62209, Cuernavaca, Morelos.

² Escuela de Estudios Superiores del Jicarero, UAEM. Carretera Galeana- Tequesquitengo s/n, 62909, comunidad El Jicarero, Jojutla, Morelos

³Dirección General de Divulgación de la Ciencia UNAM. Circuito Cultural de Ciudad Universitaria S/N, Coyoacán, Cd. Universitaria, 04510, Ciudad de México.

⁴Facultad de Biología, UMSNH, Avenida Francisco J. Múgica S/N Ciudad Universitaria, 58030, Morelia, Michoacán.

[Email: samuel.arechaga@uaem.mx](mailto:samuel.arechaga@uaem.mx)

Resumen

Un factor importante que provoca pérdida de biodiversidad es la introducción de especies invasoras, causando que aproximadamente el 25% de las especies estén en vías de riesgo [5,1], pues provocan degradación del hábitat, aumento en la depredación, modificación del hábitat, entre otros [8,6]. Los anfibios son los vertebrados terrestres más vulnerables, al menos el 41% de las especies están en alguna categoría de amenaza [4]; en México, las especies que habitan en zonas montañosas-neotropicales son más vulnerables a este efecto [7]; tal es el caso de *Ambystoma altamirani* el cual era habitante común del Parque Nacional Lagunas de Zempoala (PNLZ) y debido a la introducción de *Oncorhynchus mykiss* y *Cyprinus carpio*, esta especie ha desaparecido quedando una población del arroyo de Quila [2,3]. El objetivo de este trabajo fue determinar si *Ambystoma altamirani* aún está presente, así como describir el ambiente fisicoquímico y la presencia de especies invasoras en el resto de los cuerpos de agua del PNLZ. Se muestrearon tres lagos y tres arroyos desde noviembre de 2021 hasta marzo de 2023. Los muestreos con redes de arrastre no arrojaron evidencia de *A. altamirani*, mientras que con el muestreo pasivo se capturó un organismo; en los arroyos, el muestreo con electropesca permitió la captura de un organismo, mientras que el muestreo pasivo no arrojó resultados positivos. Otro ejemplar fue obtenido por captura incidental con

no arrojó resultados positivos. Otro ejemplar fue obtenido por captura incidental con anzuelo de pesca. Solo los sólidos totales entre Zempoala y Acoyotongo fueron diferentes ($F=2.24$, g.l. 4.00, $p=0.03$). Los arroyos no tuvieron diferencias significativas lo que sugiere que el hábitat aun es idóneo para albergar poblaciones de *A. altamirani*. La presencia de *Onchorhynchus mykiss* en los arroyos es evidente ($n=271$ en 1095 metros lineales), mientras que *Cyprinus carpio* es abundante en los lagos ($n=56$). Se confirma que *A. altamirani* aún está presente en el PNLZ, actualmente se está trabajando con brigadas de monitoreo para el proceso de erradicación de invasoras.

Referencias

1. Bellard, C., P. Cassey, T.M. Blackburn. *Biol. Lett.* 12(2) (2016) 06-23.
2. CONANP. (2009) 3 P.
3. Guerrero de la Paz, J. G, N. Mercado-Silva, R. E. Alcalá, L. Zambrano. *Herpetozoa* 33 (2020) 177-183.
4. IUCN. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2021-2. (2022)
5. Loehle, C., y W. Eschenbach. *Divers. Distr.* 18(1) (2012) 84-91.
6. Manenti, R., M. Falaschi, D.D. Monache, S. Marta, G.F. Ficetola. *Ecography*, 43 (2020) 119-127.
7. Stuart, S. N., J.S. Chanson, N.A. Cox, B.E. Young, A.S. Rodrigues, D.L. Fischman, R.W. Waller. *Science*, 306(5702) (2004) 1783-1786.
8. Vilá M., J.L. Espinar, M. Hejda, P.E. Hulme, J. Vojtěch, J.L. Maron, J. Pergl, U. Schaffner, Y. Sun, P. Pyšek. *Ecol. Lett.* 14 (2014) 702–708.

04. Efecto de la ingesta de fluoxetina sobre el estrés oxidativo a diferentes etapas de la gestación

Alvarado Longoria Hrandi de Jesús¹ (estudiante de licenciatura), Sosa Macias Martha Guadalupe², Lazalde Ramos Blanca Patricia³

¹Unidad Académica de Ciencias Químicas, UAZ. ²Instituto Politécnico Nacional. ³Maestría en Ciencia y Tecnología Química, UAZ.

E-mail: 39202339@uaz.edu.mx

RESUMEN

La depresión es la segunda causa de incapacidad de las mujeres y la morbilidad más común durante la gestación afectando a más del 13% de las gestantes. Se ha descrito que tanto la depresión como el embarazo se asocian con el estrés oxidativo. Dentro de los fármacos de primera línea para tratar la depresión se encuentra la fluoxetina. Objetivo: Evaluar el efecto de la ingesta de fluoxetina sobre el estrés oxidativo a diferentes etapas de la gestación (11 y 21 días). Material y métodos: Se utilizaron 28 ratas hembra de la raza wistar, las cuales se dividieron en dos grupos; grupo expuesto (n=14), a los cuales se le administro fluoxetina a una dosis de 2.06 mg/kg/día y no expuesto (control, n =14) a los cuales se les administro agua destilada en una proporción de 0.1 mL/ 10 g de peso del animal/día. Todos los animales fueron administrados desde su destete hasta su sacrificio (11 y 21 días de gestación). Se obtuvieron muestras de hígado, riñón, músculo, cerebro, placenta y feto y se cuantificó la concentración de malondialdehído (MDA) mediante la técnica modificada de Uchiyama y colaboradores 1978. Resultados y discusión: El grupo control mostro un decremento estadístico de la concentración de MDA a los 20 días de gestación en relación a los 11 días de gestación a nivel renal (p= 0.035). El grupo expuesto a fluoxetina a los 20 días de gestación mostro un incremento estadísticamente significativo de los niveles de MDA en relación al grupo control de 20 días de gestación a nivel hepático, renal y cerebral (p= 0.011, p=0.045 y p= 0.021, respectivamente).

Nuestros resultados concuerdan con lo descrito por Inkielewicz-Stêpniak y col., (2011) los cuales reportan un incremento en la concentración de MDA en hígado de ratas después de la exposición a 8 y 24mg/kg de fluoxetina durante 4 semanas. Difiriendo de lo reportado por Qin y col., (2022) los cuales describen el efecto protector de la fluoxetina frente al estrés oxidativo inducido por la lesión renal por isquemia-reperfusión a través de la regulación del eje miR-450b-5p/Nrf2. Mientras tanto en cerebro, según Aline Isabel de Silva y colaboradores, es más vulnerable al daño por estrés oxidativo, debido a su necesidad de altos niveles de oxigenación. No se encontró diferencia significativa a nivel muscular, placentario y fetal entre los grupos y días de gestación. Conclusión: De acuerdo a los resultados obtenidos, la ingesta de fluoxetina incrementa el daño oxidativo en la madre gestante a nivel cerebral, hepático y renal.

Referencias:

- [1] Martínez, J.F., Jácome, N. (2017) Depresión en el embarazo. Revista Colombiana de Psiquiatría, 3-5.
- [2] Mihara, M, Uchiyama, Y. (1978) Determination of malonaldehyde precursor in tissues by thiobarbituric acid test. Anal Biochem 86(1):271-8. doi: 10.1016/0003-2697(78)90342-1.
- [3] Inkielewicz-Stêpniak, I. (2011) Impact of fluoxetine on liver damage in rats Pharmacological Reports, 441-446.
- [4] Qin Z, Wang H, Dou Q, et al. (2022). Protective effect of fluoxetine against oxidative stress induced by renal ischemia-reperfusion injury via the regulation of miR-450b-5p/Nrf2 axis. Aging. 2022 Sep;14.

05. REGULACIÓN CANNABINOIDE DEL NÚCLEO ACCUMBENS POR RECEPTORES CB2 Y CONDUCTA TIPO ATRACÓN INDUCIDA EN RATAS

Conde Rojas Israel¹, Cortez Salazar Felipe¹, Suarez Ortiz Omar¹, Barral Caballero Jaime¹ y Escartin Pérez Rodrigo Erick¹.

Laboratory of Neurobiology of Eating, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, Tlalnepantla, Mexico.

Email: iconder.012@gmail.com

Los factores neurofisiológicos y neuroquímicos contribuyen a la expresión de los síntomas de los trastornos alimentarios, con una implicación fundamental del sistema endocannabinoide. Este proyecto tiene como objetivo explorar el papel de los receptores cannabinoide CB2 en la modulación de la liberación de neurotransmisores, impactando en la actividad de los microcircuitos neuronales dentro del circuito de recompensa. Específicamente, pretendemos determinar si los roedores de laboratorio muestran una actividad alterada en el circuito de recompensa debido al comportamiento de atracón inducido por el protocolo de acceso intermitente a una solución de sacarosa al 10%, y si estos cambios implican a los receptores cannabinoide CB2. Nuestros hallazgos preliminares sugieren la presencia de un componente cannabinoide capaz de modificar la actividad neuronal dentro del circuito de recompensa, apoyado por la observación de que los receptores CB2 regulan la liberación de glutamato y GABA en neuronas espinosas medianas, particularmente aquellas inervadas por neuronas de la corteza cingulada anterior, una región crítica que coordina procesos cruciales para la toma de decisiones respecto a consecuencias positivas.

Referencias

- [1] Gong JP, Onaivi ES, Ishiguro H, Liu QR, Tagliaferro PA, Brusco A. (2006). "Cannabinoid CB2 receptors: Immunohistochemical localization in rat brain". *Brain Research*. 1071: 10-23.
- [2] Suárez-Ortiz, J. O., Cortés-Salazar, F., Malagón-Carrillo, A. L., López-Alonso, V. E., Mancilla-Díaz, J. M., Tejas-Juárez, J. G., & Escartin-Pérez, R. E. (2018). Intra-accumbens Raclopride Administration Prevents Behavioral Changes Induced by Intermittent Access to Sucrose Solution. *Frontiers in Neuroscience*, 12, 74.
- [3] Zhang, H. Y., Gao, M., Shen, H., Bi, G. H., Yang, H. J., Liu, Q. R & Xi, Z. X. (2017). Expression of functional cannabinoid CB2 receptor in VTA dopamine neurons in rats. *Addiction Biology*, 22(3), 752-765.

07. Determinación del efecto antibacteriano de cultivos de levaduras prebióticas comerciales

Maria Elena Puga Avtlla¹, Rubén Octavio Méndez Márquez¹, Rosalinda Gutiérrez Hernández².

¹Unidad Académica de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Zacatecas, Campus S. XXI, Carretera Zacatecas-Guadalajara kilómetro 6. Ejido la Escondida. CP.98160 Zacatecas-Zacatecas, México.

[Email: 39201464@uaz.edu.mx](mailto:39201464@uaz.edu.mx)

Resumen

Los probióticos son microorganismos vivos con efectos benéficos para la salud, usados en la prevención y tratamiento de enfermedades agudas y crónicas del intestino y otras afecciones. Se realiza una puesta al día sobre su participación en la salud de la microbiota intestinal, sus acciones, efectos y selección, a la luz de los estudios e investigaciones más recientes. Los géneros, especies y cepas (designación alfa numérica) más usados para consumo, pueden ser de origen humano, y sobreviven en el tránsito del tubo gastrointestinal. Al ser ingeridos de distintas formas (manufacturados por la industria farmacéutica para específica indicación médica [en cápsulas, polvo o líquidos], como alimentos suplementarios y alimentos funcionales), se manifiestan sus particulares efectos sobre la salud. Se han reconocido en los probióticos dos tipos: bacterianos y de levadura. Entre los bacterianos, los más comunes son los *Lactobacillus* spp. y *Bifidobacterium* spp., conformados por distintas especies.[1] Otros probióticos levaduriformes de distintas especies corresponden a los géneros *Saccharomyces* y *Kluyveromyces*, además cepas no patógenas de *E. coli*, que compiten con su homólogo patógeno.

Objetivo. Evaluar el efecto antagónico de levaduras probióticas comerciales contra bacterias patógenas gastrointestinales de relevancia epidemiológica.

Metodología. Se implementarán pruebas de identificación dependientes de cultivo, tinciones y pruebas bioquímicas a partir de productos probióticos comerciales preferentemente conformados por levaduras. Los aislamientos obtenidos se someterán a pruebas de antagonismo microbiano mediante cultivos estandarizados de cepas bacterianas de conocida relevancia epidemiológica. Bacterias Gram negativas y Gram positivas serán analizadas para conocer el grado de inhibición que en ellas generen los cultivos caracterizados de levaduras. **Conclusiones** El uso de los probióticos es un nuevo aporte para el tratamiento de las enfermedades del hígado. La efectividad de las terapias de suplementación simbiótica (prebiótico y probiótico) ha sido demostrada en relación con la mejoría de las manifestaciones clínicas y su participación en su profilaxis. La investigación sobre los probióticos y sus relaciones con la microbiota continúan aportando nuevos conocimientos de sus mecanismos y su impacto en la salud.

Referencias

- [1]Inturri R., Stivala A., Blandino G. Microbiological characteristics of the probiotic strains *B. longum* BB536 and *L. rhamnosus* HN001 used in combination. *Minerva Gastroenterológica e Dietológica*. 2015 Dec;61(4):191-7.
- [2]Fuller R. Probiotics in human medicine. *Gut*. 1991;32:439-42.

08.Determinación de patógenos presentes en alimentos que se expenden en las cafeterías del Campus UAZ S. XXI

Gandhi Daniel Venegas Castillo¹, Rubén Octavio Méndez Márquez¹, Rosalinda Gutiérrez Hernández².

¹Laboratorio de Microbiología, Programa Académico de Químico Farmacéutico Biólogo, UACQ, UAZ, Campus UAZ S.XXI, Edificio 5, 98160 Zacatecas, Zac., México.

²Programa Académico de Nutrición, UAE, Campus UAZ S.XXI, Edificio de Nutrición, 98160 Zacatecas, Zac., México.

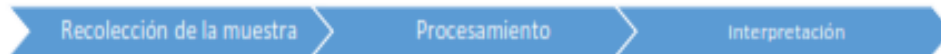
Email: gandhy.mv48@gmail.com

Resumen

Las Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA) constituyen uno de los problemas de salud pública de mayor importancia a nivel mundial, ya que ocasionan alta morbilidad y mortalidad; se origina por la ingestión de alimentos y/o agua contaminados con agentes infecciosos específicos como bacterias. Dos mil millones de casos de diarrea se presentan en el mundo anualmente y se cree que aproximadamente el 70% de estas se originan por la ingesta de alimentos contaminados con microorganismos y sus toxinas [2].

La fuente de infección son las deposiciones de las personas infectadas; de esta forma, el mecanismo de contagio clásico es el ciclo ano-boca. Las manos son un excelente vehículo para la transferencia de agentes potencialmente patógenos a los alimentos que consumimos [1].

Objetivo. Determinar qué microorganismos patógenos se encuentran en los alimentos que se expenden en las cafeterías (establecimientos) del Campus UAZ S.XXI. **Metodología**



Esquema 1. Metodología y proceso de la muestra sólida y líquida [3,4].

Resultados- Primera etapa- El establecimiento 2, 3, 5 y 8 de la primera etapa presentan mayor contaminación. **Segunda etapa.** Contaminación elevada en los tres establecimientos analizados hasta el momento **Conclusión** Se determina que en el establecimiento 2, 3, 5 y 8 de la primera etapa, las medidas higiénicas son muy pocas mientras que en la segunda etapa los tres establecimientos que se llevan hasta el momento, presentaron elevada contaminación pudiéndose tratar más de una contaminación cruzada ya que se demostró que existe la presencia de microorganismos coliformes junto con *E. coli*, *Salmonella/Shigella* y cocos Gram positivos en ambas etapas siendo los principales causantes más comunes de las ETAs.

Referencias

- [1] Menchaca I., Gutiérrez W. Diarrea aguda en México. Revisión epidemiológica actual Gaceta Hidalguense de Investigación en Salud (2022) 65-68.
- [2] NOM-093-SSA1-1994, Bienes y servicios. Prácticas de higiene y sanidad en la preparación de alimentos que se ofrecen en establecimientos fijos.
- [3] NOM-113-SSA1-1994, Bienes y servicios. Método para la cuenta de microorganismos coliformes totales en placa.
- [4] NOM-112-SSA1-1994, Bienes y servicios. Determinación de bacterias coliformes. Técnica del número más probable.

010. El efecto del triptófano sobre los patrones cinemáticos de las subpoblaciones de espermatozoides de cerdo.

Yael Camarillo¹, Cindy Rivas¹, Andrés Aragón¹¹

Laboratorio de Gametos y Desarrollo Tecnológico, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM, Tlalnepantla, Estado de México.

Email: aquetz57camarillo@gmail.com

Resumen.

Se desconoce el efecto de la serotonina ni de su molécula precursora (triptófano) sobre los valores de movilidad espermática de espermatozoide individuales. En este trabajo se evaluó el efecto del triptófano en la estructura de las subpoblaciones espermáticas cinemáticas de cerdo [1]. La movilidad de los espermatozoides incubados o no con triptófano durante 0 o 30 minutos, fue evaluada con un sistema de análisis espermático asistido por computadora (CASA) de código abierto. La identificación de las subpoblaciones espermáticas cinemáticas se realizó con el análisis de componentes principales seguido de un agrupamiento jerárquico. Se seleccionaron dos componentes principales que sirvieron como entrada para el método de agrupamiento jerárquico; con este método se identificaron tres subpoblaciones cinemáticas. La exposición al triptófano indujo cambios en la velocidad y en la linealidad de los espermatozoides en la subpoblación 3. Esta subpoblación se considera biológicamente importante debido su alta velocidad. La exposición de los espermatozoides de cerdo a diferentes concentraciones de triptófano modifica la estructura de las subpoblaciones cinemáticas. Esto indica que la comunicación serotoninérgica tiene un efecto sobre la movilidad espermática a nivel subpoblacional, en donde los espermatozoides de un mismo eyaculado responden de manera distinta a la exposición al triptófano.

Referencias.

[1] Rivas CU, Ayala ME, Aragón A. (2022). Effect of various pH levels on the sperm kinematic parameters of boars. S. Afr. J. Anim. Sci. Vol. 52.

ABSTRACT

The effect of serotonin and its precursor molecule (tryptophan) on the motility values of individual spermatozoa is unknown. This study evaluated the effect of tryptophan on the kinematic of sperm subpopulations in pigs [1]. Boar sperm were incubated with or without tryptophan for 0 or 30 minutes; then, the motility of individual was assessed using an open-source Computer-Assisted Sperm Analysis (CASA) system. The identification of kinematic sperm subpopulations was performed through principal component analysis followed by hierarchical clustering. Two principal components were selected as input for the hierarchical clustering method, which identified three kinematic subpopulations. Exposure to tryptophan induced changes in the speed and linearity of spermatozoa in subpopulation 3. This subpopulation is considered biologically significant due to its high speed. The exposure of pig spermatozoa to different concentrations of tryptophan modified the structure of kinematic subpopulations. This indicates that serotonergic communication has an effect on sperm motility at subpopulation level, where spermatozoa from the same ejaculate respond differently to tryptophan exposure.

011. Efecto de la infección de macrófagos peritoneales de ratón con *M. lepraemurium*, en la expresión de las moléculas MHC-II e ICAM-I.

Islas-Trujillo Sergio¹, Rojas-Espinosa Oscar¹, Arce-Paredes Patricia¹, * Sergio Islas Mogollan²

¹Departamento de Inmunología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México, D.F., México.

²Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, México, D.F., México.

Email: trujiser2@yahoo.com.mx

RESUMEN

La lepra humana, a pesar de ya no ser una enfermedad con alta prevalencia, aún hay regiones en el mundo que se ven afectadas por la enfermedad, México es una de ellas. Esta enfermedad se presenta en dos formas polares (tuberculoide y lepromatosa) con un espectro de formas intermedias. La lepra lepromatosa es la forma maligna de la enfermedad y se caracteriza, entre otras cosas, por el desarrollo de anergia celular específica para el bacilo de la lepra. No se conocen todas las causas de la anergia, pero una de ellas es la inhibición por el bacilo, de la expresión de moléculas de estimulación y coestimulación. **Objetivo:** Analizar el efecto de la infección de macrófagos por *Mycobacterium lepraemurium* (MLM) sobre la expresión de las moléculas MHC-II e ICAM, componentes importantes en la sinapsis inmunológica activadora de las células T. **Materiales y Métodos:** Se prepararon cultivos de macrófagos peritoneales de ratón y se infectaron con *Mycobacterium lepraemurium* (MLM). Como controles de infección se utilizaron *Mycobacterium bovis* BCG y *Salmonella typhimurium*. La expresión de las moléculas MHC e ICAM-1 se midió a las 24 horas de infección; la medición fue una inmunofluorescencia indirecta, con anticuerpos dirigidos contra esta molécula, mediante microscopía confocal.

Resultados: Se encontró que tanto *Salmonella* como BCG indujeron en los macrófagos la expresión de ambas moléculas y que la expresión fue máxima en los macrófagos infectados con *Salmonella*. Por el contrario, MLM no es un buen inductor para la expresión de las moléculas de MHC-II y de ICAM-1. **Conclusión:** Se demostró que la infección con *Mycobacterium lepraemurim* afecta de manera negativa la expresión de las moléculas MHC-II e ICAM-I. Considerando que estas son moléculas de estimulación, su carencia sugiere un defecto en la formación de la sinapsis inmunológica completa requerida para la activación de las células T mediadoras de inmunidad celular. Así, el bacilo de la lepra murina puede ser el inductor de la anergia al inhibir la expresión de MHC-II e ICAM-I en los macrófagos murinos.

Referencias

- [1] Juárez-Ortega, M., Hernández, G. V., Arce-Paredes, P., & Villanueva, B. E. (2015). Induction and treatment of anergy in murine leprosy. *International Journal of Experimental Pathology*, 31-41.
- [2] Rojas Espinosa, O., & Lovik, M. (2001). *Mycobacterium leprae* and *Mycobacterium lepraemurium* in domestic and wild animals. *Revue scientifique et technique*, 20(1), 219-251.
- [3] Rojas-Espinosa, O. (2009). Murine leprosy revisited. *Research Signpost*, 37(2), 97-140.



<https://jornadasbiologicas.uaz.edu.mx>