



Informe de Labores 2010-2011

Centro de Ciencias Genómicas

Universidad Nacional Autónoma de México



Dr. David René Romero Camarena

Director

ÍNDICE

<i>IN MEMORIAM</i>	5
RESUMEN EJECUTIVO	7
1. ESTRUCTURA ACADÉMICA	15
COMISIÓN DICTAMINADORA	15
COMISIÓN EVALUADORA DEL PRIDE.....	15
CONSEJO INTERNO	16
DIRECCIÓN.....	16
SECRETARÍA ACADÉMICA.....	16
SECRETARÍA TÉCNICA	16
SECRETARÍA ADMINISTRATIVA	17
PROGRAMAS DE INVESTIGACIÓN	17
UNIDADES DE APOYO ACADÉMICO.....	17
Unidad de Posgrado	17
Seguridad Radiológica	17
Unidad de Informática y Biblioteca.....	18
LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS	18
2. POBLACIÓN.....	19
PERSONAL ACADÉMICO.....	19
INVESTIGADORES	19
POSDOCTORALES.....	19
TÉCNICOS ACADÉMICOS	20
PERSONAL ACADÉMICO DE PROYECTO	21
UATI.....	21
PERSONAL ADMINISTRATIVO	21
PERSONAL DE BASE	22
PROMOCIONES Y NUEVAS CONTRATACIONES	23
DEL PERSONAL ACADÉMICO	23
ESTUDIANTES TESISISTAS EN EL CCG.....	24
ESTUDIANTES DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS.....	25
ESTUDIANTES	25
ESTUDIANTES EN ESTANCIAS DE INVESTIGACIÓN.....	29
3. INVESTIGACIÓN	30
PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN EN LOS PROGRAMAS DEL CCG	30
Dinámica Genómica.....	30
Ecología Genómica.....	30
Grupo de Microbiología Ambiental y Simbiótica	31
Grupo de Microbiología del Suelo y Agrícola.....	31
Grupo de Interacción entre Pro- y Eucariotes.....	32
Genómica Computacional.....	36
Genómica Evolutiva.....	37
Genómica Funcional de Eucariotes	42
Genómica Funcional de Procariotes	51
Ingeniería Genómica.....	62

PRINCIPALES DISTINCIONES.....	68
PRODUCCIÓN PRIMARIA	70
Artículos publicados en revistas internacionales con arbitraje	70
Artículos publicados en revistas nacionales	73
OTROS PRODUCTOS.....	73
Capítulos en Libros	73
Artículos en memorias internacionales.	74
PARTICIPACIÓN EN CONGRESOS POR INVITACION.....	74
Internacionales	74
Nacionales.	76
PRESENTACIONES LIBRES EN CONGRESOS.....	78
Internacionales.	78
Nacionales.....	81
PARTICIPACIÓN DIRECTIVA EN SOCIEDADES CIENTÍFICAS.....	84
PARTICIPACIÓN EN COMISIONES DICTAMINADORAS O EVALUADORAS.....	84
DONATIVOS A PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN	88
CONVENIOS PARA INVESTIGACIÓN APLICADA O CONVENIOS DE TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA O PATENTES.....	92
4. FORMACIÓN DE RECURSOS HUMANOS Y DOCENCIA.....	93
GRADUADOS	93
Doctorado.....	93
Maestría.....	93
Licenciatura.....	93
Licenciatura en Ciencias Genómicas (Trabajo de Investigación para Titulación)	94
PROGRAMA INSTITUCIONAL: CURSO PROPEDÉUTICO.....	95
DOCTORADO EN CIENCIAS BIOMÉDICAS	96
Tutores acreditados por el CCG.....	96
Tutores adscritos al CCG.....	96
Tutores adscritos a otras entidades	96
PARTICIPACION DE LOS INVESTIGADORES EN COMITES TUTORALES DE POSGRADO	98
ESTUDIANTES DE POSGRADO	103
Doctorado en Ciencias Biomédicas	103
Doctorado en Ciencias Bioquímicas (IBt-UNAM).....	105
Doctorado en Ciencias Biológicas (FC – UNAM)	105
Doctorado en Ciencias (FC-UAEM)	106
Doctorado en Biotecnología (FCB-UAEM)	106
Doctorado en Biología Experimental (UAM-I).....	106
Maestría en Ciencias Bioquímicas (IBt).....	106
Maestría en Ciencias (FC-UAEM)	106
Maestría en Biotecnología (UAM-I).....	106
ESTUDIANTES DE LICENCIATURA	107
ESTUDIANTES DE LA LCG EN ACTIVIDAD DE INVESTIGACIÓN PARA TITULACIÓN	107
CURSOS O TÓPICOS SELECTOS IMPARTIDOS	108

Posgrado.....	108
Semestre 2010-2 (Febrero-Junio, 2010).....	108
Semestre 2011-1 (Agosto-Diciembre, 2010).....	108
Licenciatura en Ciencias Genómicas ^{1,2}	109
Semestre 2010-2 (Febrero-Junio, 2010).....	109
Semestre 2011-1 (Agosto-Diciembre, 2010).....	110
TALLERES IMPARTIDOS A ESTUDIANTES DE LA LCG EN EL 2010:	111
PARTICIPACION EN CURSOS (Horas o sesiones).....	111
Asesorías de Servicio Social.....	113
SUPERACIÓN ACADÉMICA DE LOS TÉCNICOS ACADÉMICOS.	115
5. INTERCAMBIO ACADÉMICO.....	117
PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE CONGRESOS INTERNACIONALES... ..	117
PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE EVENTOS ACADÉMICOS NACIONALES	117
INVESTIGADORES VISITANTES	118
CICLOS DE CONFERENCIAS INSTITUCIONALES	120
Frontiers in Genomics.....	120
Seminarios organizados por los programas de investigación.	123
Reunión Académica 2010	124
VISITAS O ESTANCIAS DE LOS INVESTIGADORES A OTRAS INSTITUCIONES	128
SEMINARIOS IMPARTIDOS EN OTRAS INSTITUCIONES.	130
6. DIVULGACION DE LA CIENCIA.....	132
PUBLICACIONES SOBRE DIVULGACION	132
CONFERENCIAS DE DIVULGACION	132
PARTICIPACION EN PROGRAMAS DE RADIO Y TELEVISION.....	134
PARTICIPACION EN MEDIOS IMPRESOS	135
MEDIOS ELECTRONICOS	135
PARTICIPACIÓN EN TALLERES.....	136
DIPLOMADOS “PENSAMIENTO CIENTÍFICO EN EL AULA”	136
PARTICIPACION COMO JURADO	137
VISITAS RECIBIDAS EN EL CCG.....	138
7. INFRAESTRUCTURA Y MANTENIMIENTO DEL CCG	139

IN MEMORIAM



Dr. José de Jesús Caballero Mellado
Investigador Titular C, CCG
(1953-2010)

El Dr. José de Jesús Caballero Mellado nació en Tampico, Tamaulipas, en 1953. Desde su temprana infancia mostró una gran curiosidad y amor por la naturaleza, presagiando al científico en el que habría de convertirse. Sus intereses se centraron en el mundo microscópico, estudiando la carrera de Químico Bacteriólogo y Parasitólogo en la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del Instituto Politécnico Nacional. Su trabajo de graduación, dirigido por la Dra. María Valdés, versó sobre la interacción benéfica de una bacteria, *Azospirillum*, con el maíz, tema que le aportaría grandes éxitos en su vida.

Después de una breve estancia en la Universidad Autónoma de Guerrero, Jesús fundó el Grupo de Investigación en Microbiología del Suelo en la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Este grupo de investigación, a la vanguardia en su área en nuestro país, se convirtió en 1991 en el Centro de Investigaciones Microbiológicas. Preocupado por ampliar su formación e incorporar nuevos enfoques a su quehacer en investigación, Jesús estudia el Doctorado en Investigación Biomédica Básica en el Centro de Investigación sobre Fijación de Nitrógeno de la UNAM (actual Centro de Ciencias Genómicas) en Cuernavaca, Morelos. Su trabajo doctoral, realizado con la asesoría de la Dra. Esperanza Martínez Romero, versó sobre la diversidad de una bacteria fijadora de nitrógeno (*Gluconacetobacter diazotrophicus*) que vive en el interior de la caña de azúcar, y su efecto sobre el crecimiento de esta planta.

Para Jesús, el interior de las plantas y el ambiente asociado a ellas, constituyeron nuevos mundos ricos en especies bacterianas. En su trabajo de investigación, descubrió ocho nuevas especies bacterianas en plantas como el maíz, el café, la caña de azúcar, la piña y el plátano. El amor por la institución que le otorgó el doctorado, lo plasmó en el nombre que asignó a una bacteria descubierta por él: *Burkholderia unamae*. Jesús tuvo también la satisfacción de ver la aplicación práctica de su trabajo de investigación, desarrollando un biofertilizante basado en *Azospirillum brasilense*. Este biofertilizante se aplica actualmente en más de 400 000 hectáreas en todo el país, estimulando el crecimiento del maíz, el trigo y el sorgo y contribuyendo al bienestar de nuestra población. El trabajo científico de Jesús se plasma en medio centenar de publicaciones científicas, así como un número muy elevado de conferencias por invitación. Su trabajo es ampliamente conocido y apreciado a nivel mundial. Dentro de los múltiples reconocimientos que recibió durante su carrera científica destacan la Medalla Emiliano Zapata 2008, otorgada por el Gobierno del Estado de Morelos, y el Premio de Investigación en Biotecnología AgroBIO 2008.

Jesús era una persona que disfrutaba intensamente el trabajar con jóvenes. Su trato amable, buen humor y sencillez, así como su rara habilidad para hacer simples los temas más complejos lo hicieron un maestro querido y solicitado. La honestidad e intensidad con la que abordaba su trabajo fueron estímulo y guía para los treinta y seis jóvenes que estudiaron bajo su dirección. Su intempestiva muerte, ocurrida el pasado 16 de octubre de 2010, priva a nuestro país y a la comunidad mundial de un gran científico.

RESUMEN EJECUTIVO

El Centro de Ciencias Genómicas (CCG) forma parte del Campus Morelos de la UNAM en Cuernavaca. Los objetivos del Centro son:

- Contribuir al avance del conocimiento científico y tecnológico en ciencias genómicas.
- Formar licenciados expertos en el área siendo una de las entidades responsables de la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG).
- Formar doctores con conocimientos en Ciencias Genómicas;
- Organizar la investigación y la docencia con base en principios de colaboración académica.
- Contribuir con el desarrollo de las ciencias genómicas en coordinación con otras entidades de la UNAM, del país y del extranjero,
- Contribuir con la comunicación y divulgación del conocimiento de ciencias genómicas en la sociedad mexicana.

El personal que laboró durante 2010 en el CCG estuvo integrado por 28 investigadores de tiempo completo, de los cuales dos son eméritos, nueve titulares “C”, cinco titulares “B”, nueve titulares “A” y tres asociados “C” además de nueve en estancias posdoctorales. Así mismo laboraron 35 técnicos académicos y 25 técnicos por honorarios. Veintisiete de los 28 investigadores son reconocidos en el SNI, así como 6 técnicos académicos. Veintidós de los 28 investigadores y veintiseis de los 35 técnicos tienen las categorías más altas de PRIDE, D ó C.

Durante 2010 se realizaron dos nuevas contrataciones por obra determinada (un Investigador Asociado C y un Técnico Titular A). Es de destacar que la contratación a nivel de Investigador Asociado C se llevó a cabo por selección de entre 10 aspirantes que respondieron un anuncio publicado en la revista *Nature*. Dos académicas obtuvieron su promoción al nivel inmediato superior (Investigador Titular C y Técnico Titular A), una Técnica Titular A obtuvo la definitividad y se abrieron tres concursos, uno a nivel de Investigador Titular A y dos a nivel de Técnico Asociado C.

El CCG forma alumnos de doctorado con conocimientos en ciencias genómicas, principalmente dentro del Doctorado en Ciencias Biomédicas de la UNAM. Es además coresponsable, junto con el Instituto de Biotecnología, de la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) iniciada en agosto de 2003. La población estudiantil total es de 200 alumnos, de los cuales 130 de ellos pertenecen a la Licenciatura en Ciencias Genómicas, 56 son estudiantes de posgrado (50 de doctorado y 6 de maestría), más 14 tesis de licenciatura. El CCG cuenta con 15 administrativos de confianza y 53 trabajadores de base. En total, 365 personas contribuyeron durante 2010, con su esfuerzo y dedicación, al avance en el logro de los objetivos del Centro.

Investigación

El Centro está organizado en siete programas de investigación donde se favorece el trabajo en colaboración. En este año se publicaron 28 artículos en revistas internacionales indizadas, dando una proporción de 1.0 artículos en revistas internacionales por investigador. Se generaron también ocho capítulos en libros de difusión internacional, dos artículos en memorias

internacionales y un artículo en una revista nacional.

Estos trabajos se publicaron en revistas de alto impacto, siendo 4.37 el índice de impacto promedio. Del total de publicaciones históricas del centro –las cuales suman 540- en este año se obtuvieron un total de 1,507 citas, con lo que el total de citas pasó de 16,055 a 18,242. El índice H acumulado hasta 2010 para la producción del CCG es de 62. La descripción más detallada de los las líneas de investigación y resultados obtenidos en el año se describen en el capítulo de investigación.

Los recursos extraordinarios obtenidos en el 2010 ascienden a \$12 880 263.10 pesos, asignados en 34 apoyos provenientes de CONACyT, PAPIIT, donativos del extranjero y de otras fuentes nacionales. De CONACyT en el 2010 se obtuvieron recursos por un total de \$4 716 124.14 pesos, asignados a 11 proyectos. El total de donativos del programa PAPIIT de DGAPA asciende a 17, con un monto total asignado de \$3 256 132.00 pesos. Del extranjero se recibieron en el año un total de \$4 551 006.91 pesos, distribuidos en tres proyectos (NIH, SRI International y Purdue University). De otras fuentes nacionales (SAGARPA, BBVA Fundación Bancomer) se obtuvieron ingresos por \$357 000.00 pesos.

Principales Distinciones

Las distinciones internacionales son las siguientes. La Dra. Georgina Hernández Delgado continúa como Miembro del Centre Advisory Board del Centre of Excellence for Integrative Legume Research, Australian Research Council. Esta es una de las instituciones internacionales relevantes en el área de genómica y fisiología molecular de leguminosas. El Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann fue electo miembro del *Agrobacterium* and *Rhizobium* subcommittee of the International Committee on Systematics of Prokaryotes. La Dra. Esperanza Martínez-Romero, autora de el artículo “Coevolution in *Rhizobium*-legume symbiosis?” (*DNA Cell Biol.* 28 (8): 361-370) recibió el reconocimiento como uno de los artículos más destacados de su área. La Dra. Martínez-Romero es miembro del Comité Editorial de las revistas *Applied and Environmental Microbiology*, *DNA and Cell Biology*, *Journal of Bacteriology* e *ISME Journal*. El Dr. Rafael Palacios es Editor eventual por invitación del *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, mientras que el Dr. Otto Geiger es Editor Asociado de la revista *BMC Microbiology*. El Dr. Osbaldo Resendis-Antonio es miembro del Comité Editorial del *Journal of Pharmacogenomics and Pharmacoproteomics* y Editor Asociado del *Frontiers in Systems Biology*. El Dr. Miguel Ángel Ramírez y un equipo de alumnos de la Licenciatura en Ciencias Genómicas, obtuvieron la medalla de oro en la competencia iGEM 2010 (*International Genetically Engineered Machines competition*) organizada por el *Massachusetts Institute of Technology* (MIT). Investigadores del CCG participaron cotidianamente en la evaluación de proyectos de investigación para diferentes agencias nacionales y extranjeras, incluyendo Argentina (Dras. Lourdes Girard e Isabel López), E.E.U.U. (Dr. Pallavolu M. Reddy), Holanda (Dra. Esperanza Martínez), Sudáfrica-Japón (Dra. Georgina Hernández) y Uruguay (Dr. Jaime Mora).

Entre las distinciones nacionales recibidas, destaca el Reconocimiento a la Dra. Esperanza Martínez Romero, por su destacada trayectoria científica y aportaciones para el fortalecimiento de la Asociación Mexicana de Microbiología A.C. La elevada calidad académica de las tesis doctorales de los Dres. Oswaldo Valdés López y Julio Augusto Freyre González fue reconocida con el Premio AgroBio 2010 y el Reconocimiento al Mérito Estatal en Investigación 2009, respectivamente.

Es de resaltar que el laboratorio del Dr. Collado recibió en 2010 la verificación del nivel

1 de capacidades de procesos en sus procesos bioinformáticos, emitida por la Unidad de Verificación de Tecnologías de Información de Normalización y Certificación Electrónica, (NYCE). Esta verificación, única en el Estado de Morelos y una de las pocas a nivel nacional, facilitará grandemente la comercialización de los procesos bioinformáticos generados en el laboratorio del Dr. Collado.

Investigadores del CCG participaron durante 2010 en una intensa actividad de evaluación académica. El Dr. Jesús Caballero fue Integrante de la Comisión Dictaminadora del Área de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias en el Fondo Sectorial de Investigación Científica Básica SEP-CONACYT. También fue integrante de la Subcomisión Tecnológica del SNI. La Dra. Isabel López Lara participa en la Subcomisión de Joven Investigador de la Comisión de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias, de la Convocatoria Ciencia Básica del CONACYT. La Dra. Susana Brom es integrante de la Comisión Dictaminadora del Área de Ciencias Exactas e Ingeniería (UAEM), la Dra. Georgina Hernández participa en la Comisión Dictaminadora del Instituto de Ecología, (UNAM), el Dr. Miguel Lara participa en la Comisión Dictaminadora del Área de las Ciencias Biológicas de la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán (UNAM) y la Dra. Esperanza Martínez Romero fue integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Investigaciones Biomédicas (2008-2010). La Dra. Hernández es integrante del Comité Evaluador del PAPIIT en el Área de las Ciencias Biológicas y de la Salud (UNAM). El Dr. David Romero es miembro de la Comisión de Admisión de la Academia de Ciencias de Morelos, A.C. y participa también en la Comisión Especial de evaluación del desempeño de los profesores con nivel IX en el Programa de Estímulos al Desempeño del Personal Docente (UAEM).

Investigadores del CCG participaron como evaluadores en otros programas bajo la responsabilidad del CONACYT (Programa Estancias Internacionales 2010 y Programa Nacional de Posgrados de Calidad 2010, Dr. Víctor González; Subcomisión de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias, Grupos-Jóvenes-Centroamérica, Dra. Isabel López) y la Academia Mexicana de Ciencias (Programa de Becas para el XX Verano de la Investigación Científica, Dra. Georgina Hernández). Los Dres. Guillermo Dávila y Otto Geiger son integrantes de la Comisión Evaluadora del PRIDE del CCG y el Dr. Geiger participa también en la Comisión Evaluadora del PRIDE en el Instituto de Biotecnología.

La Dra. María del Carmen Vargas Lagunas fue distinguida con el Reconocimiento UNAM “Sor Juana Inés de la Cruz” otorgado a académicas sobresalientes en sus áreas de conocimiento y en sus ámbitos de desempeño profesional. Académicos del CCG recibieron los reconocimientos correspondientes a 35 años (Dr. Miguel Lara), 30 años (Lic. Edith Cinta y Dra. Georgina Hernández) 25 años (Dra. Lourdes Girard), 20 años (Quím. Patricia Bustos), 15 años (TLC Angeles Moreno y Dr. Humberto Peralta) y 10 años (Dr. Sonia Silvente) de servicios académicos en la Universidad. El M. en IBB. Oscar Rodríguez Sánchez recibió el el reconocimiento por parte de la Academia de Ciencias de Morelos, como Coordinador General y Operativo del Diplomado “Pensamiento Científico en el Aula” 2004-2010. El Dr. Miguel Lara Flores desde enero de 2010, participa como Secretario Académico de la Coordinación de la Investigación Científica de la UNAM.

Docencia.

Durante 2010, la población estudiantil total estuvo integrada por 200 alumnos, de los cuales 130 de ellos pertenecen a la Licenciatura en Ciencias Genómicas, 56 son estudiantes de posgrado (50 de doctorado y 6 de maestría), y 14 son tesis de licenciatura.

El esfuerzo del CCG en la formación de estudiantes de posgrado se ha concentrado fundamentalmente en el Doctorado en Ciencias Biomédicas (DCB), uno de los pocos Programas de Doctorado directo con que cuenta la UNAM. Se graduaron en el año cinco alumnos de posgrado con tutores del CCG, cuatro de ellos de Doctorado y uno de Maestría. Se impartieron durante 2010 un total de diez cursos fundamentales ó tópicos selectos de posgrado, incluyendo temas de antagonismo microbiano, avances de genómica, biología sintética, fisiología microbiana y secuenciación masiva, entre otros. El Dr. Pablo Vinuesa (responsable del posgrado ante el DCB), organizó el programa institucional del Curso Propedéutico, en el que se prepara a los alumnos interesados en ingresar al DCB y mantuvieron reuniones con los estudiantes de posgrado del Centro con miras a planear mejor los cursos de doctorado, armonizando los intereses de los tutores y los alumnos.

Con el fin de mitigar la problemática derivada de carencia de becas para alumnos en su fase terminal de estudios de Doctorado, la Dirección del CCG continuó durante el 2010 el programa de apoyo, consistente en el otorgamiento de alojamiento en la Unidad Habitacional del CCG, por un período único limitado a seis meses, que les permita la redacción del artículo internacional y tesis necesaria para su graduación.

El esfuerzo docente del CCG a nivel Licenciatura se concentra en la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG), la cual opera en las instalaciones del CCG bajo la responsabilidad del Instituto de Biotecnología y el CCG. En este año se graduaron los alumnos correspondientes a la cuarta generación de la licenciatura en ciencias genómicas. Tres de los 35 estudiantes de esta generación, optaron por obtener su titulación por alto nivel académico.

El proceso de selección e ingreso para estudiantes de la LCG opera de manera muy rigurosa, basado en guías de estudios, la aplicación de exámenes de selección sobre matemáticas, biología y química, así como entrevistas personales con el Subcomité de Admisión. Para el ingreso de la octava generación, en 2010, se presentaron 240 aspirantes, de los cuales se admitieron solamente a veinticuatro.

La formación de los estudiantes de la LCG, una tarea estimulante y placentera, requiere de un esfuerzo considerable por parte del personal del CCG. Una muestra de ello es que, de los cincuenta cursos impartidos en la LCG durante este año, treinta y seis de ellos estuvieron bajo la responsabilidad directa del personal del CCG. Asimismo, se impartieron tres talleres adicionales para estos alumnos. Entre los veinte estudiantes de la LCG adscritos a grupos de investigación del CCG, cuatro de ellos se titularon por trabajo de investigación.

La intensa actividad necesaria para la operación exitosa del DCB y la LCG no excluye la participación del CCG en otros programas docentes. En este año, además de los mencionados, se graduaron seis alumnos de Licenciatura, se impartieron cuatro cursos en otras Licenciaturas y se asesoró a trece estudiantes de servicio social. Por último, se impartieron dieciocho conferencias en otros programas, a nivel de licenciatura y posgrado, sobre el área de competencia del CCG.

La formación de licenciados y doctores con conocimientos en ciencias genómicas es una de las contribuciones del CCG y la UNAM para el desarrollo futuro de la genómica en la Universidad y en el país.

Comunicación e Intercambio académico.

El personal del CCG participó en la organización de eventos nacionales e internacionales. Destacan la organización del *International Microbial Biodiversity Symposium 2010* realizado del 14 al 16 de Octubre de 2010 en Cuernavaca, Mor., México. Este congreso fue organizado por la

Dra. Esperanza Martínez en el marco de las actividades académicas del año Internacional de la Biodiversidad. El Dr. Guillermo Dávila Ramos fue Miembro del International Scientific Advisory Board of the 9th European Nitrogen Fixation Conference, Ginebra, Suiza. La Dra. Georgina Hernández fue Miembro del International Advisory Board del Vth International Congress on Legume Genetics and Genomics. Pacific Grove, CA, USA.

El Dr. Julio Collado fue nombrado Presidente fundador de la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática (2009-2012). La Dra. Esperanza Martínez-Romero es Presidenta del Comité Internacional de Taxonomía de *Rhizobium- Agrobacterium*, mientras que el Dr. David Romero es Secretario de la International Society for Plasmid Biology and other Mobile Genetic Elements (2008-2010). El Dr. Jesús Caballero fue Delegado de México ante la Red BIOFAG del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED). El Dr. Sergio Encarnación continúa como Presidente de la Sociedad Mexicana de Ciencias Genómicas.

En el ámbito nacional, el Dr. Julio Collado organizó el curso *Sequence Mining in Biological Databases: A case with EMBOSS and MRS* (Cuernavaca, Mor. Mex. Marzo 22 – 26, 2010) y la *Semana Nacional de Bioinformática NNB-2010* (Cuernavaca, Mor. Mex. Agosto 02 – 06, 2010). Las Dras. Esperanza Martínez e Ivonne Toledo participaron en el Comité Organizador de la *VII Reunión Nacional de la Red Mexicana de Bioenergía, A.C.* (Cuernavaca, Mor., Mex. Octubre 25 – 28, 2010), mientras que el Dr. Christian Sohlenkamp participa en el Comité Organizador del *2º Congreso Nacional de Biología Molecular y Bioquímica de Bacterias*, que se realizará en Veracruz en 2011. Por último, el Dr. Víctor González organizó el curso *Elementos de Bioinformática* (CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor., Septiembre 27- Octubre 1, 2010).

Se continuó el programa de invitados internacionales expertos en ciencias genómicas, “Frontiers in Genomics” organizado por el Centro de Ciencias Genómicas, el Instituto de Biotecnología, la Licenciatura en Ciencias Genómicas y la Sociedad Mexicana de Ciencias Genómicas, con el apoyo de la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) y el Howard Hughes Medical Institute. Participaron 23 expertos líderes mundiales en diferentes áreas de las Ciencias Genómicas, provenientes de las siguientes instituciones:

- Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa.
- Boston University, USA.
- Cold Spring Harbor Laboratory, USA.
- Harvard Medical School, USA.
- Michigan State University, USA.
- Purdue University, USA.
- Stanford University, USA.
- Swammerdam Institute for Life Sciences, The Netherlands.
- The Australian National University. Canberra, Australia.
- The University of Queensland, Australia.
- University of California, Berkeley, USA.
- University of California, Davis, California USA.
- University of California, Riverside, USA.
- University of California, San Diego, USA
- University of Central Florida College of Medicine, USA.
- University of Colorado, USA.
- University of Connecticut, USA.
- University of Maryland School of Medicine, USA

- University of Wisconsin-Madison, USA.
- Virginia Bioinformatics Institute, USA.
- Wellcome Trust Sanger Institute, Cambridge, UK.

Dicho programa beneficia a la LCG como un seminario impartido durante todo el año escolar a alumnos del tercer año. Un segundo seminario se ofrece a la comunidad académica del CCG y del IBt, y por videoconferencia a cualquier institución educativa del país. La Facultad de Medicina y el Instituto de Ecología participan como sedes para la difusión de estos seminarios en el campus de Ciudad Universitaria.

Con el fin de propiciar un mayor conocimiento de las líneas de investigación del CCG, así como una mayor interacción entre el personal académico, se continuó con la organización de la Reunión Académica interna, la cual se llevó a cabo del 14 al 16 de diciembre de 2010. La Reunión estuvo conformada por 23 presentaciones orales (30 minutos duración cada una) por parte de los investigadores del CCG. Asimismo, hubieron 41 presentaciones de carteles, en donde participaron los estudiantes (licenciatura y posgrado), así como los técnicos académicos del CCG.

Se recibieron en el CCG adicionalmente a 23 investigadores visitantes internacionales, quienes participaron impartiendo seminarios y discutiendo proyectos de investigación con académicos del Centro. Asimismo tuvimos cinco alumnos visitantes de licenciaturas nacionales.

El personal académico participó en diversos congresos, presentando 49 trabajos en congresos internacionales (22 por invitación) y 37 en congresos nacionales (21 por invitación). Se realizaron veinte visitas a instituciones nacionales y extranjeras por miembros de la comunidad académica del centro, presentándose un total de 22 conferencias. Adicionalmente académicos del centro participaron en comités científicos de proteómica y bioinformática.

Divulgación científica

El CCG participó en la organización del diplomado “Pensamiento Científico en el aula”, programa estatal para profesores de secundarias y de preparatorias coordinados por la Academia de Ciencias de Morelos. Desafortunadamente, este programa, que había procedido de manera ininterrumpida por más de 7 años, fue suspendido en junio de 2010 ante la falta de apoyo de la Secretaría de Educación del Estado de Morelos.

Académicos del CCG participaron en diversas actividades de divulgación que incluyen 4 artículos en revistas nacionales, 27 conferencias de divulgación en diferentes instituciones, 17 intervenciones en programas de radio y TV a nivel nacional y estatal, 16 entrevistas y participaciones en medios impresos y en cuatro medios electrónicos, además de fungir como miembros de jurados de concursos científicos en el estado. Asimismo, se atendieron diecisiete visitas guiadas a las instalaciones del CCG.

Convenios

Se continúa la participación de los Dres. Jaime Mora y Jesús Caballero en sendos convenios de Licenciamiento de Tecnología para la producción de biofertilizantes basados en *Rhizobium* y *Azospirillum*, respectivamente, con la empresa Asesoría Integral Agropecuaria y Administrativa, S.A. de C.V.

Los Dres. Jesús Caballero y Humberto Peralta participaron en la impartición de un total de ocho Talleres de transferencia de tecnología y uso de biofertilizantes, dirigidos a productores agrícolas en México, bajo el auspicio conjunto de la Confederación de Fundaciones Produce (Cofupro), la Coordinación de Innovación y Desarrollo-UNAM y la SAGARPA.

Las Dras. Esperanza Martínez e Ivonne Toledo colaboran por el CCG en el convenio CCG-CIE-Gobierno del Estado de Morelos para la investigación de *Jatropha curcas* destinada a la producción de biodiesel.

El Dr. Julio Collado participa, con el apoyo del CONACYT, en un Convenio de colaboración con la empresa Grupo Ambar, para desarrollo de servicios bioinformáticos potencialmente comercializables. El Dr. Collado participa junto con el Dr. Enrique Morett (IBt), en un convenio de colaboración con la empresa Winter Genomics para desarrollo de herramientas y análisis bioinformáticos de proyectos genómicos de secuenciación masiva, bajo los auspicios del CONACYT. Es de resaltar que el laboratorio del Dr. Collado recibió en 2010 la verificación del nivel 1 de capacidades de procesos en sus procesos bioinformáticos, emitida por la Unidad de Verificación de Tecnologías de Información de Normalización y Certificación Electrónica, (NYCE). Esta verificación, única en el Estado de Morelos y una de las pocas a nivel nacional, facilitará grandemente la comercialización de los procesos bioinformáticos generados en el laboratorio del Dr. Collado.

El CCG y la LCG, en el marco de un acuerdo conjunto con la Fundación México en Harvard, implementaron el apoyo económico que permitió la realización de la estancia de investigación de un alumno de la LCG en el laboratorio de la Dra. Pamela Silver, del Department of Systems Biology, Harvard Medical School, Harvard University.

Infraestructura y mantenimiento del CCG

Durante 2010 se continuó con la iniciativa, generada desde la Dirección del Dr. Julio Collado, para participar en la creación del consorcio para el establecimiento de la Unidad Universitaria de Secuenciación Masiva de DNA. Este consorcio está integrado por la Coordinación de la Investigación Científica, los Institutos de Biotecnología, de Neurobiología y de Investigaciones Biomédicas, las Facultades de Química y Medicina así como el Centro de Ciencias Genómicas.

Con recursos obtenidos a través del Programa de Fortalecimiento de Infraestructura Científica del CONACYT recursos propios, se expandió nuevamente en un tercio la capacidad de almacenamiento y procesamiento del cluster de cómputo del CCG. Asimismo, se adquirieron un Sistema Espectrofotométrico Multi volumen Epoch™ (BioTek), una Centrífuga refrigerada para microplacas, mod. 4-16K marca Sigma, una Campana de flujo laminar horizontal Modelo GHFL-A12 Marca Veco, una Autoclave vertical modelo LabGenius, Marca Daigger y una Centrífuga 5424 Eppendorf con rotor FA-45-24-11 10.

Con recursos obtenidos de la Coordinación de la Investigación Científica, se adquirieron nuevas licencias de software, un medidor NanoDrop para DNA y 12 terminales de cómputo, para sustituir aquellas dañadas en el edificio de la LCG.

Con recursos obtenidos de la DGTIC, se inició la implementación de un cluster de cómputo para la LCG.

Con recursos adicionales otorgados por la Rectoría de la UNAM, y como parte de los trabajos de mantenimiento 2010, se instaló un nuevo cuarto para cultivo de tejidos vegetales. Se rehabilitó el sistema de extinguidores y mangueras contra incendio en el CCG. Se continuó con

el mantenimiento de pintura y jardinería del CCG, rehabilitación de instalaciones sanitarias, sustitución de plafones e instalación de luminarias ahorradoras en el interior de los laboratorios. Es importante señalar que la gran mayoría de los trabajos de mantenimiento se hicieron con el apoyo de los trabajadores de base.

1. ESTRUCTURA ACADÉMICA

COMISIÓN DICTAMINADORA

Dr. Georges Dreyfus Cortés
Instituto de Fisiología Celular-UNAM

Dra. Carmen Gómez Eichelmann
Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM

Dra. Horacio Merchant Larios
Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM

Dr. José Luis Puente García
Instituto de Biotecnología-UNAM

Dr. Xavier Soberón Mainero
Instituto de Biotecnología-UNAM

Dra. María Teresa Tusié Luna
Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM

COMISIÓN EVALUADORA DEL PRIDE

Dr. José Guillermo Dávila Ramos. Centro de Ciencias Genómicas.

Dr. Georges Dreyfus Cortés. Instituto de Fisiología Celular.

Dra. Elda Guadalupe Espín Ocampo. Instituto de Biotecnología.

Dra. Otto Geiger. Centro de Ciencias Genómicas.

Dra. Carmen Gómez Eichelmann. Instituto de Investigaciones Biomédicas.

CONSEJO INTERNO

Presidente

Dr. David René Romero Camarena.

Secretaria

Dra. María de Lourdes Girard Cuesy.

Representante Electo ante el CTIC

Dr. Sergio Manuel Encarnación Guevara.

Consejeros Representantes del Personal Académico

Dra. Esperanza Martínez Romero.

Dr. Sergio Manuel Encarnación Guevara.

Consejeros designados

Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero.

Invitados

Dr. José de Jesús Caballero Mellado[†]

Representante ante el CAABYS

Dr. Rafael Palacios de la Lama.

Coordinador LCG

Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann.

Responsable de Posgrado

DIRECCIÓN

Dr. David René Romero Camarena.

Director.

Patricia Vázquez Anaya.

Asistente.

SECRETARÍA ACADÉMICA

Dra. María de Lourdes Girard Cuesy.

Secretaria Académica.

María Dolores Cuéllar Ávila.

Asistente.

M. en IBB. Oscar Rodríguez Sánchez.

Divulgación Científica.

SECRETARÍA TÉCNICA

Dr. Víctor M. González Zúñiga.

Secretario Técnico

María Luisa Castañeda González.

Asistente

SECRETARÍA ADMINISTRATIVA

C.P. Felipe Nava Fabián	Secretario Administrativo
María Elena Mérida Fierros	Asistente
Lic. María del Carmen Armijo Abdo	Jefa del Departamento de Compras
Leticia Vázquez Anaya	Asistente
Lic. Mirna Pérez Sánchez	Jefa del Departamento de Personal
Ma. Guadalupe Martínez Bahena	Asistente
C.P. Pablo Castorena Fuentes	Jefe del Departamento de Presupuestos
María Romana Pérez Barrón	Asistente
Heriberto Marbán	Auxiliar
Lic. Gustavo R. Rodríguez Díaz	Jefe del Departamento de Servicios Generales

PROGRAMAS DE INVESTIGACIÓN

Programa	Responsable
Dinámica Genómica	Dr. Rafael Palacios de la Lama.
Ecología Genómica	
Ecología Molecular y Evolución	Dra. Esperanza Martínez Romero.
Microbiología del Suelo y Agrícola	Dr. Jesús Caballero Mellado.†
Interacciones entre Pro- y Eucariotes	Dr. Otto Geiger.
Genómica Computacional	Dr. Julio Collado Vides.
Genómica Evolutiva	Dr. J. Guillermo Dávila Ramos.
Genómica Funcional de Eucariotes	Dra. Georgina Hernández Delgado.
Genómica Funcional de Procariotes	Dr. Jaime Mora Celis.
Ingeniería Genómica	Dr. David R. Romero Camarena.

UNIDADES DE APOYO ACADÉMICO

Unidad de Posgrado

Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann	Responsable
Lic. Gladys Avilés Ortega.	Asistente

Seguridad Radiológica

Dr. Christian Sohlenkamp.	Responsable
---------------------------	-------------

Unidad de Informática y Biblioteca

Dr. Pedro Julio Collado Vides.
Lic. Edith O. Cinta Elías.
Javier Peza Villa
Ing. Victor del Moral Chávez.

Coordinador de la Biblioteca
Responsable de la Biblioteca
Bibliotecario
Encargado de Informática

LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

Dr. Rafael Palacios de la Lama .
Lic. Iliana Bahena Arellano.
M en C. Romualdo Zayas Lagunas.

Coordinador
Asistente
Responsable de cómputo

2. POBLACIÓN

PERSONAL ACADÉMICO

INVESTIGADORES

NOMBRE Y GRADO	NOMBRAMIENTO	SNI	ESTÍMULOS
1. Dr. Jaime Mora Celis	Investigador Emérito	Emérito III	PRIDE D
2. Dr. Rafael Palacios de la Lama	Investigador Emérito	Excelencia	PRIDE D
3. Dra. Ma. Esperanza Martínez Romero	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel III	PRIDE D
4. Dr. Pedro Julio Collado Vides	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel III	PRIDE D
5. Dr. David René Romero Camarena	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel II	PRIDE D
6. Dr. José Guillermo Dávila Ramos	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel III	PRIDE D
7. Dr. José de Jesús Caballero Mellado [†]	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel III	PRIDE D
8. Dr. Otto Geiger	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel III	PRIDE D
9. Dr. Miguel Angel Carlos Cevallos Gaos	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel II	PRIDE C
10. Dr. Miguel Lara Flores	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
11. Dra. Georgina Hernández Delgado	Inv. Tit. C TC Definitivo	Nivel II	PRIDE D
12. Dr. Pallavolu Maheswara Reddy	Inv. Tit. B TC (Obra Det.)	Nivel II	PRIDE B
13. Dra. Isabel María López Lara	Inv. Tit. B TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
14. Dra. Susana Brom Klanner	Inv. Tit. B TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
15. Dr. Sergio M. Encarnación Guevara	Inv. Tit. B TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
16. Dr. Victor Manuel González Zúñiga	Inv. Tit. B TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
17. Dr. Michael Frederick Dunn	Inv. Tit. A TC Definitivo	Nivel I	PRIDE B
18. Dra. Ma. de Lourdes Girard Cuesy	Inv. Tit. A TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
19. M. en C. Margarita Flores López	Inv. Tit. A TC Definitivo	Nivel I	PRIDE C
20. Dr. Alejandro García de los Santos	Inv. Tit. A TC (Contrato)	Nivel I	PRIDE C
21. Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann	Inv. Tit. A TC (Contrato)	Nivel II	PRIDE D
22. Dr. Miguel Angel Ramírez Romero	Inv. Tit. A TC (Contrato)	Nivel I	PRIDE C
23. Dr. Mario Ramírez Yáñez	Inv. Tit. A TC (Contrato)	Nivel I	PRIDE B
24. Dr. Christian Sohlenkamp	Inv. Tit. A TC (Contrato)	Nivel I	PRIDE C
25. Dra. Sonia T. Silvente Keller	Inv. Tit. A TC (Contrato)	Nivel I	PRIDE B
26. Dr. Osbaldo Resendis Antonio	Inv. Aso. C TC (Obra Det.)	Nivel I	PRIDE C
27. Dra. Paulina Estrada de los Santos	Inv. Aso. C TC (Obra Det.)	Nivel I	PRIDE B
28. Dr. Fernando José Alvarez Vasquez	Inv. Aso. C TC (Obra Det.)		

POSDOCTORALES

NOMBRE Y GRADO	BECARIO-PERIODO	SNI
1. Dr. Matthieu Damien Ch. Defrance	UNAM (23 Junio, 2009 - 22 Abril, 2010)	
2. Dra. Loreto Naya Aquilué	UNAM (21 Octubre, 2009 -)	
3. Dr. Manojkumar Arthikala	UNAM (12 Noviembre, 2009 -)	
4. Dra. Delina Guadalupe Montes Sánchez	UNAM (11 Octubre, 2010 -)	
5. Dra. Rosaura Aparicio Fabre	CONACYT(1° Marzo, 2009 -)	Candidato
6. Dra. Araceli Huerta Moreno	NIH-NIGMS (Julio 2009-)	Nivel I
7. Dra. Irma Martínez Flores	NIH-NIGMS (Julio 2009-)	Nivel I
8. Dr. Martín Peralta Gil	NHI- SRI (2006-2010)	Nivel I
9. Dr. Ernesto Aldo Ormeño O. Dr.	INECOL(1° Abril, 2008 -)	Candidato

TÉCNICOS ACADÉMICOS

NOMBRE Y GRADO	NOMBRAMIENTO	SNI	ESTÍMULOS
1. Quím. Yolanda Pérez Tejada Domínguez	Tec. Tit. C TC Definitivo		PRIDE D
2. Lic. Edith Olga Cinta Elías	Tec. Tit. C TC Definitivo		PRIDE C
3. Dra. Icela Ivonne Toledo García	Tec. Tit. C TC Definitivo		PRIDE C
4. Dr. José de Jesús Arellano García,	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE C
5. Q.I. Virginia Patricia Bustos Arcos	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE D
6. M. en IBB Araceli E. Dávalos Rodríguez	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE C
7. M. en C. Ma. Socorro Gama Castro	Tec. Tit. B TC Definitivo	I	PRIDE C
8. Dr. Alfonso Leija Salas	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE B
9. Dr. Humberto Peralta Díaz	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE C
10. M. en IBB Oscar Rodríguez Sánchez	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE B
11. M. en C. Rosa I. Santamaria G.	Tec. Tit. B TC Definitivo		PRIDE D
12. Dra. Ma. del Carmen Vargas Lagunas	Tec. Tit. B TC Definitivo	I	PRIDE C
13. M. en ATI César A. Bonavides Martínez	Tec. Tit. B TC (Obra Det.)	Candidato	PRIDE C
14. Dr. Cesar Rodríguez Sánchez	Tec. Tit. B TC (Obra Det.)		PRIDE B
15. Dra. Mónica T. Rosenblueth Laguette,	Tec. Tit. B TC (Obra Det.)	I	PRIDE C
16. M. en IBB Ma. Lourdes Blanco López	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE C
17. Q.F.B. Sandra Contreras Martínez	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE C
18. M. en B. Magdalena Hernández Ortíz	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE C
19. M. en B. Ma. de los Angeles Pérez O.	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE B
20. M. en C. Marco A. Rogel Hernández	Tec. Tit. A TC Definitivo	Candidato	PRIDE D
21. Lic. Julio C. Martínez Romero	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE C
22. Lic. Heladia Salgado Osorio,	Tec. Tit. A TC Definitivo	I	PRIDE D
23. QFB Lourdes Martínez Aguilar	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE C
24. M. en C. Rafael Díaz Méndez	Tec. Tit. A TC (Contrato)		PRIDE B
25. Lic. Delfino García Alonso	Tec. Tit. A TC (Obra Det.)		PRIDE B
26. Ing. Ma. Gabriela Guerrero Ruíz,	Tec. Tit. A TC Definitivo		PRIDE C
27. Pas. Ing. Víctor Manuel Del Moral Chávez	Tec. Tit. A TC (Obra Det.)		PAIPA B
28. Biól. Laura Cervantes de la Luz	Tec. Aso. C TC Definitivo		PRIDE C
29. M en IBB Sara Isabel Fuentes Membreño	Tec. Aso. C TC Definitivo		PRIDE C
30. Tec. Lab. Ma. de los Angeles Moreno O.	Tec. Aso. C TC Definitivo		PRIDE C
31. Tec. Lab. Rosa Maria Ocampo Vargas,	Tec. Aso. C TC Definitivo		PRIDE C
32. Ing. Omar Alejandro Aguilar Vera	Tec. Aso. C TC (Contrato)		PRIDE B
33. I.Q. Javier Rivera Campos	Tec. Aso. C TC (Contrato)		PRIDE C
34. Dr. Hermenegildo Taboada Castro,	Tec. Aso. B TC Definitivo		PRIDE C
35. T.L.I. Marisa Rodríguez Padilla,	Tec. Aso. B TC (Obra Det.)		PRIDE B

PERSONAL ACADÉMICO DE PROYECTO

1. Shirley Alquicira Hernández
2. Kevin Alquicira Hernández
3. Cristina Bojórquez Espinosa
4. Oliver Castillo Quevedo
5. José Waldo Díaz Marías
6. José Espíritu Salazar
7. Julio Augusto Freyre González
8. José Luis Fuentes Martínez
9. Jair Santiago García Sotelo
10. Angélica Paola Hernández Pérez
11. Alejandra Cristina López Fuentes
12. Ruth Martínez Adame
13. Kalpana Nanjareddy
14. Liliana Porrón Sotelo
15. María Ricarda Rivero Zaragoza
16. María Paz Elizabeth Salas Ocampo
17. Gerardo Salgado Osorio
18. Alberto Santos Zavaleta
19. Hilda Solano Lira

UATI

1. Víctor Manuel del Moral Chávez
2. José Waldo Díaz Marías
3. Romualdo Zayas Lagunas
4. Iván Uhthoff Aguilera
5. Joel Gómez Espíndola
6. Alfredo José Hernández Alvarez
7. José Espíritu Salazar

PERSONAL ADMINISTRATIVO

NOMBRE

1. Felipe Nava Fabián
2. Ma. del Carmen Armijo Abdo
3. Pablo Castorena Fuentes
4. Mirna Pérez Sánchez
5. Gustavo R. Rodríguez Díaz
6. Gladys E. Avilés Ortega
7. Amparo Gutiérrez Castañeda
8. Cinthya A. Caro Cerda
9. Ma. Luisa Castañeda González
10. María Dolores Cuéllar Ávila
11. Ma. Elena Mérida Fierros
12. Martha E. Ochoa Valencia
13. María R. Pérez Barrón
14. Leticia Vázquez Anaya
15. Patricia Vázquez Anaya

CATEGORÍA

- Secretario Administrativo
Jefe Depto. Compras
Jefe Depto. Presupuestos
Jefe Depto. Personal
Jefe Depto. Serv. Grales.
Asistente Procesos
Asistente Procesos
Asistente Ejecutivo
Asistente Ejecutivo
Asistente Ejecutivo
Asistente Ejecutivo
Asistente Ejecutivo
Asistente Ejecutivo
Asistente Ejecutivo

PERSONAL DE BASE

NOMBRE	NOMBRAMIENTO
1. Roberto Delgado Ríos	Archivista
2. Heriberto Marbán Ocampo	Auxiliar de Contabilidad
3. Verónica Aguirre Linares	Auxiliar de Intendencia
4. Ángeles Espinobarros Jaimes	Auxiliar de Intendencia
5. Clara Gante López	Auxiliar de Intendencia
6. Martín García Solís	Auxiliar de Intendencia
7. Claudia L. Guzmán Hernández	Auxiliar de Intendencia
8. Carmen Linares Aguilar	Auxiliar de Intendencia
9. Graciela Quiñones García	Auxiliar. de Intendencia
10. Adrián Ramírez Navarrete	Auxiliar de Intendencia
11. Fulgencia Román Cervantes	Auxiliar de Intendencia
12. Enrique Alonso Beltrán	Auxiliar de Laboratorio
13. Ma. Guadalupe Figueroa Sámano	Auxiliar de Laboratorio
14. Jesús Montaña Ramos	Auxiliar de Laboratorio
15. Adriana Salazar Estrada	Auxiliar de Laboratorio
16. Silvia Trujillo Jiménez	Auxiliar de Laboratorio
17. Javier Peza Villa	Bibliotecario
18. Pedro Figueroa Román	Jardinero
19. L. Susana Dávila Ramos	Jefe de Laboratorio
20. Pedro Alonso Beltrán	Laboratorista
21. Ma. Ascención Bustos Villegas	Laboratorista
22. Antonia Jaimes Aguilar	Laboratorista
23. Jesús Muñoz García	Laboratorista
24. Jadaú Sánchez Nava	Laboratorista
25. Araceli Sánchez Alcalá Lozada	Laboratorista
26. José L. Zitlalpopoca Sánchez	Laboratorista
27. José Leyva García	Oficial de Transporte
28. Roberto Manjarrez Solórzano	Oficial de Transporte
29. Alberto Morett Sánchez	Oficial de Transporte
30. José Antonio Trujillo Jiménez	Oficial de Transporte
31. Pastor Miranda Balladares	Oficial Administrativo
32. José Luis Navarro Nava	Gestor Administrativo
33. Luis Olvera Pastrana	Gestor Administrativo
34. José Marcelo Gante Román	Peón
35. Jorge Elías Ríos Muñoz	Peón
36. Víctor Manuel Bustos Zagal	Profesor Titulado
37. Concepción Hernández Lévaro	Secretario
38. Lucila Lulo Ochoa	Secretario
39. Elvia Miranda Miranda	Secretario
40. Ma. Guadalupe Martínez Bahena	Secretario
41. Luis Antonio Martínez Bustos	Secretario
42. Ma. Araceli Sánchez Soto	Secretario
43. María A. Santos Zavaleta	Secretario
44. Fausto Pantitlán Hernández	Técnico electromecánico
45. J. Enrique Rivas Ramírez	Técnico
46. Ma. Luisa Arroyo Aguilar	Vigilante
47. Genaro Gante Leonides	Vigilante
48. Humberto Hernández Cortéz	Vigilante
49. Dolores R. Hernández y Ramos	Vigilante
50. Ma. Carmen Mendoza Hernández	Vigilante
51. Bernardo Juárez Valadéz	Vigilante
52. Juan Lemus Magaña	Vigilante
53. Juan Sixto Olea Román	Vigilante

**PROMOCIONES Y NUEVAS CONTRATACIONES
DEL PERSONAL ACADÉMICO**

Nombre	Nombramiento	Fecha
Promoción		
Georgina Hernández Delgado	Investigador Titular C T.C.	28-Ene-10
María Gabriela Guerrero Ruiz	Técnico Académico Titular A T.C.	28-Ene-10
Definitividad		
Lourdes Martínez Aguilar	Técnico Titular A T.C.	20-Sep-10
Concurso abierto		
Pablo Vinuesa	Investigador Titular A T.C.	11-Jun-10
Omar Alejandro Aguilar Vera	Técnico Académico Asociado C T.C .	06-Ago-10
Javier Rivera Campos	Técnico Académico Asociado C T.C	06-Ago-10
Obra determinada		
Fernando José Alvarez Vasquez	Investigador Asociado C T.C	19-Oct-10
Víctor Manuel del Moral Chávez	Técnico Académico Titular A T.C	1º-Ene-10

ESTUDIANTES TESISISTAS EN EL CCG

ALUMNO	PROGRAMA
1. Acosta Rodríguez José Luis	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
2. Alarcón González Ana Yanci	Licenciatura en Biología.UAEM
3. Altúzar Molina Alma Rosa	Doctorado en Ciencias Bioquímicas, UNAM
4. Álvarez Pérez Gil Ana Luz	Licenciatura en Biología.UAEM
5. Andrade Domínguez Andrés	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
6. Arteaga Ide Alejandra Ivette	Licenciatura en Biología.UAEM
7. Ávila Casanueva Agustín Bernardo	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
8. Bahena Velasco César	Licenciatura
9. Balderas Martínez Yalbi Itzel	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
10. Bolaños Avellaneda Luis Manuel	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
11. Castro González Rocío	Doctorado en Biotecnología, UAEM
12. Cervantes de la Luz Laura	Maestría en Ciencias, UAEM
13. Cervantes Rivera Ramón	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
14. Checa Rojas Alberto	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
15. Cubillas Ramírez Ciro Alberto	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
16. Cruz Álvarez Angélica	T. L. I. Farmacéutico-UAEM
17. Dávila Martínez Yadira	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
18. Díaz Méndez Rafael	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
19. Elizalde Contreras Miguel	Licenciatura en Biología.UAEM
20. Flores Pacheco Gerardo	Maestría en Ciencias, UAEM
21. Gómez Hernández Nicolás	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
22. González Silva Napoleón	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
23. Hernández Tamayo Rogelio	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
24. Higareda Almaraz Juan Carlos	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
25. Landeta Escamilla Cristina	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
26. López Guerrero Martha Guadalupe	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
27. López Leal Gamaliel	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
28. López López Aline	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
29. Lozano Aguirre Beltrán Luis Fernando	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
30. Martínez Batallar Angel Gabriel	Licenciatura en Biología, UAEM
31. Martínez Guerrero Erick Iván	Licenciatura, I. Tecnológico de Zacatepec
32. Martínez Obregón Fatima Berenice	Maestría en Ciencias Bioquímicas, UNAM
33. Medina Andrés Rigoberto	Licenciatura. UAEM
34. Medina Rivera Alejandra Eugenia	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
35. Mendoza Soto Ana Belén	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
36. Meneses Moreno Niurka	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
37. Miranda Fabiola	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
38. Nava Castro Sebastián	Licenciatura en desarrollo Rural
39. Nova Franco Bárbara	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
40. Ortiz Berrocal Marlene	Lic. en Biología experimental,UAMI
41. Pech Canul Ángel de la Cruz	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
42. Pedraza López Francisco	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM

43. Pérez Segura Gabriela	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
44. Ramírez Puebla Tabita Shamayin	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
45. Ramírez Torres Alberto Carlos	Licenciatura en Biología. UAEM
46. Reyes González Alma Ruth	Doctorado en Ciencias, UAEM
47. Reyes Pérez Agustín	Doctorado en Ciencias Biológicas, UNAM
48. Rivera Rosas Patricia	Maestría en Biotecnología, UAM-I
49. Rivera Urbalejo América	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
50. Rodríguez Pérez Violeta	Licenciatura en Biología. BUAP
51. Rodríguez Bucheli Torres Torija Pablo	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
52. Rogel Hernández Marco Antonio	Doctorado en Ciencias Biológicas, UNAM
53. Rosas Pérez Tania	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
54. Sachman Ruíz Bernardo	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
55. Sahonero Canavesi Diana Ximena	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
56. Salazar Bustamante Emmanuel	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
57. Salazar Salazar Corelly	Doctorado en Biología Experimental, UAMI
58. Sandoval Calderón Mario	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
59. Sandoval Ferrera Carla Sofía	Maestría en Ciencias Bioquímicas, UNAM
60. Santillán Godínez Orlando	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
61. Servín Garciadueñas Luis Eduardo	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
62. Solís Oviedo Rosa Lidia	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
63. Tondopo Jiménez Estephany	Licenciatura en Biología, UNICACH
64. Trejo Hernández Abigail	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
65. Vacaseydel Aceves Nora B	Maestría en Ciencias, IPN
66. Vences Guzmán Miguel Ángel	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
67. Villaseñor Toledo Tomás	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
68. Wong Villarreal Arnoldo	Doctorado en Biotecnología, UAEM
69. Zamorano Sánchez David Salvador	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM
70. Zavaleta Pastor Maritza	Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM

ESTUDIANTES DE LA LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

ESTUDIANTES

NOMBRE DEL ALUMNO

BACHILLERATO DE PROCEDENCIA

4ª Generación

1. Alexander Rascón Cynthia	Colegio México Bachillerato
2. Arzate Mejía Rodrigo Gacel	C.B.T.i.s. no. 56
3. Athie Cuervo Alejandro	Escuela Moderna Americana
4. Banda Vázquez Jesús Agustín	ENP Plantel No.2 "Erasmus Castellanos Quinto"
5. Cantú Alessio Robles Vito Adrián	La Salle Cuernavaca
6. Carranco Arenas Ana Paola	UAEM Plantel "Sor Juana Inés de la Cruz"
7. Cobián Güemes Ana Georgina	Preparatoria La Paz
8. Del Castillo Velasco Herrera Martín	ENP Plantel N° 9 "Pedro de Alba"

- | | |
|---|--|
| 9. Delgadillo Silva Luis Fernando | Escuela Regional de Edu. Media Sup. de Ocotlán |
| 10. Díaz de León Guerrero María del Sol | Instituto Thomas Jefferson |
| 11. Enríquez Gasca María del Rocío | ITESM-CCM |
| 12. Fuentes Jiménez Daniel Alberto | Centro Universitario Cultural México |
| 13. Galindo Ramírez Roberto | CCH Sur |
| 14. García Muñoz Willebaldo | Colegio de Bachilleres de Oaxaca |
| 15. Granados Castro Alejandro Adrián | Instituto Don Bosco |
| 16. Izquierdo Rangel Emiliano | Preparatoria Oficial de la U. de Gto. |
| 17. Lomnitz Lynn Jason Gunther | Escuela de Lancaster A.C. |
| 18. Manzano Marín Alejandro | Preparatoria Contemporánea |
| 19. Méndez Rangel Akram Sharim | CECYT 9 “Juan de Dios Batiz” |
| 20. Miranda Rodríguez Jerónimo Roberto | C.C.H. Sur |
| 21. Montaña Gutiérrez Luis Fernando | Escuela Tomás Alva Edison |
| 22. Paz Cortés Enrique | ITESM Campus D.F. |
| 23. Quintana Kageyama Jorge Enrique | ITESM Campus Cuernavaca |
| 24. Rangel Guerrero Damaris Ketinó | ITESM Campus Irapuato |
| 25. Rodríguez Arévalo Jorge Isaac | Bachillerato Técnico #4 |
| 26. Sandoval Velasco Marcela | Liceo Michoacano |
| 27. Soto Guzmán José Eduardo | PREFECO Melchor Ocampo |
| 28. Toledo Flores Deborah Fernanda | Instituto Salvatierra |
| 29. Trejo Arellano Minerva Susana | CETIS 162 |
| 30. Urquiza García José María Uriel | Instituto Luis Vives A. C. |
| 31. Vargas Abonce Stephanie Elizabeth | Universidad Autónoma Chapingo |
| 32. Velarde Garduño David Arturo | Escuela Tomás Alva Edison |
| 33. Velázquez Camacho Oscar | Escuela Preparatoria de la U. de Guanajuato |
| 34. Zarco Iturbe Jazmín | ENP Plantel No. 2 “Erasmus Castellanos Quinto” |
| 35. Zenteno de León Silvia Vanesa | ENP Plantel No. 6 “Antonio caso” |

5ª Generación

- | | |
|---------------------------------------|--|
| 1. Avelar Rivas Jesús Abraham | CBTis 49 |
| 2. Bermúdez Barrientos José Roberto | Centro Educativo Patria |
| 3. Camacho Zaragoza José Manuel | Colegio Primitivo y Nacional UMSNH |
| 4. Cuéllar Partida Gabriel | Centro de Estudios Lomas |
| 5. Durán Rodríguez Luis | CECyT Miguel Othón |
| 6. Flores Espinosa José Rodrigo | C.C.H. Sur |
| 7. García Gómez Mónica Lisette | Logos Escuela de Bachilleres |
| 8. Gómez Romero Laura Lucila | ENP Plantel No. 2 “Erasmus Castellanos Quinto” |
| 9. Hernández Acuña Ulises | Universidad Tecnológica de México |
| 10. Hernández Armenta Claudia Ivonne | ENP Plantel No. 2 “Erasmus Castellanos Quinto” |
| 11. Ibarra Morales Dafne Andrea | Colegio Izapa A.C. |
| 12. Ibarra Soria Ximena | Bachillerato Colegio Madrid |
| 13. Iñiguez Rabago Luis Pedro | Colegio Suizo de México |
| 14. Jiménez Marín Leticia Berenice | Tecnológico de Monterrey CCM |
| 15. Ledezma Tejeida Daniela Elizabeth | Centro Escolar del Lago A.C. |
| 16. Migueles Lozano Oscar Arturo | C.C.H. Azcapotzalco |

17. Moreno Mayar José Víctor
18. Noriega Ortega Beatríz Elizabeth
19. Paulín Paz Luis Felipe
20. Pérez Villatoro Fernando Ramón
21. Priego Espinosa Daniel Alejandro
22. Ramos Madrigal Jazmín
23. Reyes López José
24. Reyes Quiróz Alejandro
25. Ríos de Anda María Elena Mitzzy
26. Riveros Mckay Aguilera Fernando
27. Romero Navarro Jorge Alberto
28. Sámano Sánchez Hugo Carlos
29. Valtierra Gutiérrez Ilse Ariadna

Tecnológico de Monterrey CCM
 Instituto Arboledas
 Cobaem 02
 Preparatoria Tapachula
 Centro Cultural Jalil Gibrán
 CECyTEM-04 Puruándiro
 ITESM Campus Cuernavaca
 ITESM Campus Querétaro
 Colegio Partenón
 Nuevo Continente
 ENP Plantel No. 6 "Antonio Caso"
 Liceo Michoacano
 Escuela Tomás Alva Edison

6ª Generación

1. Berrocal Quezada Nelson Augusto
2. Buendía Buendía Jorge Eduardo
3. Díaz Sánchez Francisco Javier
4. Flores Cárdenas Nelly Michelle
5. Fonseca Guzmán Ana Martha Yael
6. García Soriano Daniela Azucena
7. López Moyado Isaac Fernando
8. López Hernández José Fabricio

9. Medina Abarca Héctor
10. Noé González Melvin Jesús
11. Ortíz Sánchez Marco Antonio
12. Pérez Rico Yuvia Alhelí
13. Romero Moreno Ricardo Josué
14. Ruíz Velasco Leyva Mariana
15. Samaniego Castruita José Alfredo

16. Soto Jiménez Luz Mayela
17. Treviño Garza Abiel

18. Vargas Velázquez Amhed
19. Vázquez Verdín Juan Manuel
20. Zepeda Martínez Jorge Arturo
21. Zepeda Mendoza Marie Lisandra

ENP Plantel No. 6 "Antonio Caso"
 ENP Plantel No. 2 "Erasmus Castellanos Quinto"
 ITESM Campus Toluca
 Instituto José María Morelos
 Liceo Franco Mexicano
 Preparatoria Emiliano Zapata BUAP
 Universidad La Salle Cuernavaca Preparatoria
 Universidad De La Salle Bajío Campus Juan
 Alonso de Torres
 Liceo Franco Mexicano A. C.
 Escuela Hispano Mexicana
 ENP Plantel No. 1 "Gabino Barreda"
 ENP Plantel No. 6 "Antonio caso"
 Colegio Williams
 Escuela Tomás Alva Edison
 Escuela Preparatoria Federal por Cooperación
 Luzac
 Centro Escolar del Tepeyac
 Centro de bachillerato Tecnológico Industrial y de
 Servicios No. 24
 CECyT 6 "Miguel Othón de Mendizabal"
 Preparatoria "Gral. Enrique Ramírez"
 Universidad Autónoma Chapingo
 Bachillerato Técnico #4 Universidad de Colima

7ª Generación

1. Alatríste González Paulina
2. Arriola Martínez Luis Renato
3. Barloa Hernández Nancy

Centro Universitario México
 Colegio Indoamericano S.C.
 Escuela Preparatoria No. 2 (UADY)

- | | |
|--|---|
| 4. Castro Mondragón Jaime Abraham | CBTis 134 |
| 5. Contreras Paniagua Ximena | Colegio Suizo de México |
| 6. Cortés Fernández de Lara Josué D. | ENP Plantel No. 9 "Pedro de Alba" |
| 7. García Nieto Pablo Eduardo | ENP Plantel No. 4 "Vidal Castañeda y Nájera" |
| 8. Hernández Wences Alejandro | Colegio México Bachillerato A.C. |
| 9. Jiménez Sabinina Vilma | Colegio Williams de Cuernavaca |
| 10. Lecanda Sánchez Aarón | Logos Escuela de Bachilleres S.C. |
| 11. Molho Medina Melissa Gabriela | ENP. Plantel No. 6 "Antonio Caso" |
| 12. Muñoz González Felipe de Jesús | Colegio de Bachilleres del Estado de Sonora
Plantel Villa de Seris |
| 13. Muñoz Hernández Eduardo Vladimir | ENP Plantel No. 9 "Pedro de Alba" |
| 14. Ochoa Méndez María de la Soledad | Fac. de Medicina Veterinaria y Zootecnia UNAM |
| 15. Palacios Flores Kim | ITESM Campus Cuernavaca |
| 16. Ramírez Hernández Daniel Alejandro | Tecnológico de Monterrey Campus León |
| 17. Reyes Gopar Helena | UVM |
| 18. Rivas Rojas Melisa Alejandra | ITESM Campus Tampico |
| 19. Ruíz Buendía Gustavo Agustín | Universidad Autónoma Chapingo |
| 20. Salgado Muñoz Carlos Felipe | Universidad De La Salle Bajío Campus Juan
Alonso De Torres |
| 21. Sandoval Espinosa Carmen del Rocío | Colegio Indoamericano S.C. |

8va. Generación

- | | |
|--|--|
| 1. Alemán Navarro Estefanía | C.C.H. Plantel Sur |
| 2. Arias Del Angel Juan Antonio | Colegio de Bachilleres del Estado de Michoacán
Plantel Apatzingán |
| 3. Borges Monroy Rebeca | Green Hills School |
| 4. Bravo Núñez María Angélica | Colegio Indoamericano S.C. |
| 5. Cabrera Quio Luis Enrique | ENP Plantel No. 2 Erasmo Castellanos Quinto |
| 6. Escalona Meléndez Juan | Centro Escolar del Lago A.C. |
| 7. Esquivel Balseca Josue Roberto | Cobao Plantel No. 35: Jalapa Del Marques |
| 8. Hernández Patiño Claudia Erika | ENP Plantel No.6 Antonio Caso |
| 9. Hernández Rodríguez Benjamín | Escuela Preparatoria Oficial Anexas a la Normal de
Chalco |
| 10. Jiménez Barrón Laura Teresa | Centro Universitario Doctor Emilio Cárdenas |
| 11. López Castillo Lucia Sarahí | ENP Plantel No. 6 Antonio Caso |
| 12. Matadamas Guzmán Meztli | Colegio Anglo Mexicano de Coyoacán |
| 13. Mojica Ávila Ana Karen | ENP Plantel No.5 José Vasconcelos |
| 14. Padilla Gómez Jonathan | CEB José Vasconcelos 5/3 |
| 15. Peñaloza Figueroa Fernando | PREFECO No. 5 Nicolas Bravo |
| 16. Regalado Pérez Julián | Preparatoria Nuevo Continente |
| 17. Rodríguez Sarmiento Diego | Escuela Moderna Americana |
| 18. Salas González Isaí | ITESM-CCM |
| 19. Samaniego Castruita Daniela
Luzac | Escuela Preparatoria Federal por Cooperación |
| 20. Solís Pinson Ana Belén | ENP Plantel No. 6 Antonio Caso |

21. Tirado Magallanes Roberto	Instituto Cultural de Occidente
22. Vargas Landín Dulce Beatriz	Preparatoria Universidad La Salle
23. Vera Cruz Diana	ITESM Campus Hidalgo
24. Werner Sunderland Mariana	Centro Universitario Anglo Mexicano

Datos actualizados al inicio del Semestre 2011-2 (Enero, 2011)

ESTUDIANTES EN ESTANCIAS DE INVESTIGACIÓN

- Victoria Lizeth Campos Toscueto. Licenciatura. Ingeniero Químico. Facultad de Química, UNAM.
-
- Nadya Myroslava Chaira Alcaraz. Licenciatura de Ingeniería en Biotecnología. Instituto Tecnológico de Sonora. “XX Verano de la Investigación Científica”.
- José Manuel Villalobos Escobedo de Ingeniería Bioquímica del Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez. XIV Verano de la Investigación Científica del Pacífico
- Daniel Antonio Fernández Ugaz. Licenciatura en Biología de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos de Perú.
- Aarón Lecanda. Licenciatura en Ciencias genómicas, UNAM.
- Carlos Salgado. Licenciatura en Ciencias genómicas, UNAM.
- Ing. Christian Cisneros Pérez. Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, Chiapas.

3. INVESTIGACIÓN

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN EN LOS PROGRAMAS DEL CCG

La investigación científica en el CCG se realiza en siete programas de investigación, a saber: Programa de Dinámica Genómica; Programa de Ecología Genómica; Programa de Genómica Computacional; Programa de Genómica Evolutiva; Programa de Genómica Funcional de Eucariotes; Programa de Genómica Funcional de Procariotes y Programa de Ingeniería Genómica. Cada programa está coordinado por un investigador titular, quien normalmente trabaja en coordinación con otros investigadores titulares y asociados, así como con posdoctorados, técnicos y estudiantes de licenciatura, maestría y doctorado. Este tipo de organización ha resultado ser sumamente exitosa para promover la colaboración y facilitar mejores iniciativas de investigación. Ésta se realiza básicamente en modelos bacterianos, plantas (*Phaseolus vulgaris*) y humanos.

Dinámica Genómica

Se continuó el proyecto sobre Variación Estructural en Duplicaciones Segmentarias del Genoma Humano. En este proyecto se identificaron aproximadamente 150 eventos de variación estructural mayor a 1 Kb en duplicaciones segmentarias con un alto grado de identidad (mayor a 99%). Actualmente se está analizando la naturaleza de cada uno de estos eventos y se propondrán hipótesis sobre el mecanismo probable de generación.

Se generó un visualizador virtual para poder detectar y observar directamente las secuencias repetidas del genoma humano. Este visualizador permite detectar las relaciones entre todas las combinaciones de cromosomas humanos y pensamos que será de utilidad para localizar, en forma directa y rápida, regiones que compartan un ascendente evolutivo.

El proyecto central del laboratorio se ha definido como COIN-VGH (Context Dependant Individualization of Nucleotides and Virtual Genomic Hybridization). Este proyecto representa una nueva estrategia para definir variaciones presentes en un genoma secuenciado en relación al Genoma Humano de Referencia. El algoritmo desarrollado puede detectar distintos tipos de variantes, incluyendo cambios de nucleótidos (SNP's), indeles de diferente tamaño, y eventos de variación estructural. En la actualidad esta estrategia puede utilizarse en regiones haploides de genomas secuenciados que produzcan lecturas relativamente grandes. El algoritmo se ha aplicado con éxito para determinar variación en los genomas de Craig Venter (secuenciado por el método de Sanger, con aproximadamente 30,000,000 de lecturas de un tamaño promedio de 800 nucleótidos) y de James Watson (secuenciado por el método 454, con aproximadamente 76,000,000 de lecturas de un tamaño promedio de 250 nucleótidos).

En el futuro se planea aplicar esta estrategia en genomas secuenciados por metodologías de última generación que producen lecturas cortas y una cobertura muy amplia del genoma. Planeamos también adaptar el algoritmo para lograr detectar variación tanto en regiones haploides como diploides del genoma humano.

Ecología Genómica

Este programa se concentra en el estudio de poblaciones bacterianas, su diversidad y taxonomía, así como en la base molecular de las funciones bacterianas que participan en las interacciones de las bacterias con las plantas, animales y humanos. Además de estos aspectos de la investigación básica, se desarrollan aplicaciones para el mejoramiento del ambiente, la agricultura y la medicina. El programa comprende tres grupos independientes con seminarios en común e interacción académica constante.

Grupo de Microbiología Ambiental y Simbiótica

Diversidad y genómica de simbioses selectos de plantas e insectos

Analizamos con enfoques dependientes e independientes de cultivo las bacterias asociadas a rizósfera de maíz y a *Jatropha curcas*. Publicamos el estudio sobre los endófitos de frijol. En artrópodos estudiamos el microbioma del intestino del alacrán y de mariposa monarca y los endosimbiontes del niij y de la cochinilla del carmín. Hemos encontrado especies nuevas no descritas, algunas no cultivables como *Candidatus Dactylopiibacterium carminicum* que suponemos pudiera participar en la síntesis del carmín (Ramírez-Puebla et al. 2010).

Para entender el funcionamiento de las bacterias en sus nichos naturales hemos iniciado el estudio de transcriptoma de *R. etli* Ch24-10 en la rizósfera de maíz y metatranscriptómica del niij en su insecto hospedero. De los Azufres hemos obtenido los metagenomas de diferentes biomas, todos ellos ácidos (pH alrededor de 2). En uno de ellos, hipertermófilo, predominan las arqueas. Hemos identificado nuevas especies.

Continuamos también con el proyecto de Manejo y propagación de *Jatropha curcas* para la producción de biodiesel (Colaboración con el CIE y el Gobierno del Estado de Morelos).

Grupo de Microbiología del Suelo y Agrícola

Anotación del genoma de 4 especies de Burkholderia fijadoras de nitrógeno asociadas a plantas

Las cepas de *Burkholderia* en proceso de anotación son: *B. unamae* MTI-641^T y *B. silvatlantica* SRMrh-20^T, ambas descritas por nuestro Grupo de investigación, así como *B. tuberum* STM-678^T y *Burkholderia* sp. PVA5. Los genes contenidos en estas bacterias son analizados con el objetivo de conocer la existencia de mecanismos de promoción del crecimiento de las plantas y determinar la posibilidad de usar *B. unamae* y *B. silvatlantica* como biofertilizantes, en el biocontrol de fitopatógenos y en biorremediación.

El primer resultado de la secuencia, mediante pirosecuenciación, arrojó un número de scaffolds variable para cada una de las cepas analizadas: 960 para la cepa MTI-641, 643 para STM-678, 519 para SRMrh-20 y 491 para *Burkholderia* sp. PVA5. El tamaño de los scaffolds varió de 100 a 200,000 pb. El genoma de mayor tamaño corresponde al de *B. unamae* MTI-641 (9,641,094 pb) y el de menor tamaño a *Burkholderia* sp. PVA5 (7,768,574 pb). Cabe destacar que estos genomas son un 50 a 100% más grande que el de la mayoría de las especies bacterianas secuenciadas a la fecha.

Actualmente, los 4 genomas han sido re-secuenciados y se encuentran en proceso de ensamblado por el equipo bioinformático del IMG (Integrated Microbial Genomes) del JGI (Doe Joint Genome Institute).

En particular, *B. unamae* MTI-641^T fue enviada para una segunda ronda de secuenciación a BGI-Hong Kong. El genoma fue secuenciado mediante la tecnología de Illumina, construyendo una librería de 200 pb.

La anotación de los 4 genomas continúa en proceso. En cuanto los diferentes replicones de cada uno de los genomas sean cerrados, el análisis se enfocará principalmente a determinar la presencia de genes bacterianos relacionados con la interacción de la bacteria con la planta, así como se procederá a un análisis comparativo con otras especies de *Burkholderia*, particularmente las patógenas con el objetivo de obtener información sobre la evolución de microorganismos virulentos, y asegurar la ausencia de genes de virulencia y de patogenicidad en las especies *B. unamae* y *B. silvatlantica*, las cuales son consideradas de gran potencial agrobiotecnológico. También, se analizará el metabolismo del nitrógeno, en particular, los aspectos involucrados en el proceso de fijación de nitrógeno y nodulación de *B. tuberum* STM-678^T con plantas leguminosas, y la comparación de estos procesos con especies de la familia *Rhizobiaceae*.

Se continuará con la anotación de genes involucrados en la interacción planta microorganismo

utilizando la plataforma del Integrated Microbial Genomes en el Joint Genome Institute. Iniciar un análisis genómico comparativo entre especies de *Burkholderia* asociadas y patógenas a plantas. También se compararán los 4 genomas con el de aquellas especies de *Burkholderia* patógenas o patógenas oportunistas de humanos y animales.

La Dra. Ann Hirsch, investigadora a cargo del proyecto de secuenciación de los genomas en Estados Unidos, planea visitar nuestro laboratorio en enero 2011 para organizar el material que se publicará sobre el análisis de los genomas.

Debido al inesperado fallecimiento del Dr. Jesús Caballero, el Grupo de Microbiología del Suelo y Agrícola queda ahora bajo a responsabilidad de la Dirección y la Dra. Paulina Estrada de los Santos. Los proyectos se encuentran en distintos grados de avance, y deberán de ser concluidos durante 2011 para proceder a la reubicación del personal que conforma este grupo.

Grupo de Interacción entre Pro- y Eucariotes

*Diversidad de productos de las sintasas de ácidos grasos y de policétidos de *Sinorhizobium meliloti*.*

Anteriormente a la secuenciación completa de *S. meliloti* se conocía que los rhizobios poseen al menos 4 proteínas acarreadoras de grupos acilo (ACPs) diferentes. Cada una de estas 4 ACPs está involucrada, de una u otra forma, en la síntesis de compuestos necesarios para la interacción con la planta hospedadora. Nuestro análisis del genoma de *S. meliloti* ha revelado la existencia de dos posibles nuevas ACPs, cuya función aún no se puede deducir, pero debe ser la biosíntesis de compuestos diferentes al de las otras ACPs. El objetivo de este proyecto es identificar los compuestos sintetizados por las nuevas ACPs así como las rutas biosintéticas utilizadas y sus funciones. Ya hemos demostrado que estas dos nuevas proteínas, SMB20651 y SMC01553, deducidas del genoma de *S. meliloti* 1021, pueden funcionar como ACPs ya que presentan la modificación con 4'fosfopanteteína, el grupo prostético de las ACPs. Se obtuvieron anticuerpos policlonales frente a His-SMB20651 y a His-SMC01553 y con ellos hemos podido demostrar que la proteína SMB21651 se produce en cantidades significativas en cultivos en medio PY de *S. meliloti* y no se detecta la presencia de SMC01553. De forma sorprendente, la expresión conjunta en *E. coli* de las proteínas SMB20651 y AcpS, enzima que transfiere el grupo prostético a la ACP, genera tanto holo-SMB20651 como formas aciladas de SMB20651. Esto se debe a que holo-SMB20651 se modifica por enzimas de *E. coli* y está en concordancia con el hecho de que en ensayos in vitro, holo-SMB20651 puede ser malonilada por la enzima FabD. Por otro lado, holo-SMC01553 no puede ser modificada in vivo en *E. coli*. En colaboración con el Dr. Sergio Encarnación se estudia por espectrometría de masas los posibles productos que acarrear las ACPs.

Mutantes de *S. meliloti* en *fadD*, que codifica para una acil CoA sintetasa específica para ácidos grasos de cadena larga, adquieren el fenotipo de "swarming". Mediante marcajes radioactivos estamos estudiando los cambios lipídicos que puedan dar origen a este fenotipo de "swarming". Así, en los extractos celulares de mutantes en *fadD* se acumulan productos que migran como ácidos grasos, mientras que en los sobrenadantes de estos cultivos se acumulan tanto estos productos como otros de carácter menos hidrófobo. En colaboración con la Dra Laura Álvarez Berber del Centro de Investigaciones Químicas de la UAEM se ha encontrado que efectivamente hay una acumulación significativa de ácidos grasos libres en la mutante con respecto a la cepa silvestre. Esto nos indica que hay un remodelado de los ácidos grasos presentes en los lípidos de membrana. Este remodelado se observa en la cepa silvestre porque en esta se reutilizan los ácidos grasos liberados, mientras que en la mutante en *fadD* no se pueden reutilizar. Nos interesa saber cuáles son las enzimas implicadas en la liberación de estos ácidos grasos.

Biosíntesis de lípidos de ornitina y sus funciones.

La presencia de lípidos derivados del amino ácido ornitina es generalizada en bacterias encontrándose tanto en bacterias Gram-negativas como en Gram-positivas. Sorprendentemente, no se conocían ni su biosíntesis ni los genes o enzimas implicados. Durante nuestros estudios sobre la biosíntesis de lípidos de membrana sin fósforo en *Sinorhizobium meliloti* hemos identificado por primera

vez dos genes estructurales involucrados en la biosíntesis de lípido de ornitina (OL) a los que hemos denominado *olsA* y *olsB*. También estamos identificado genes responsables de modificaciones con 2-hidroxilación que aparecen en el OL de algunas bacterias tales como *Burkholderia*. Hemos identificado a *bcam2401* como el gen responsable de la hidroxilación del ácido graso amidificado de OL de *Burkholderia cenocepacia*. Esto concuerda con el hecho de que mutantes de *B. cenocepacia* en *bcam2401* aún presenta hidroxilación en el ácido graso secundario de OL. La sobreexpresión de *bcam2401* en *B. cenocepacia* da lugar a la aparición de dos nuevos lípidos que probablemente corresponden a OL y 2-OH-OL hidroxiladas en el ácido graso amidificado. Se continuará con la caracterización de la función de *bcam2401* y en la búsqueda del gen responsable de la 2-hidroxilación del ácido graso secundario del OL.

Análisis comparativo de los transcriptomas de diferentes cepas de Sinorhizobium meliloti.

En nuestro grupo se ha estudiado en los últimos años en mucho detalle la biosíntesis y degradación de lípidos de membrana en *S. meliloti*. Se construyeron mutantes que carecen de lípidos de membrana específicos. La mutante CS111 carece del lípido de membrana fosfatidiletanolamina (PE) mientras que la mutante OG10017 carece del lípido de membrana fosfatidilcolina (PC). Las dos mutantes muestran algunos fenotipos específicos. La mutante OG10017 no causa la formación de nódulos en las raíces de su planta hospedera alfalfa y la mutante CS111 solamente crece en medios de cultivo con altas concentraciones de calcio. Queríamos saber si las diferencias en la composición lipídica influyen el transcriptoma. Se comparó el transcriptoma de cada mutante con la cepa silvestre y se compararon también los transcriptomas de las dos mutantes entre si.

En estos estudios se descubrieron varias diferencias a nivel transcripcional entre las dos mutantes y la cepa silvestre. Por ejemplo la mutante deficiente en PE (CS111) muestra una inducción fuerte de la transcripción de genes probablemente involucrados en la oxidación de metanol mientras que la mutante deficiente en PC (OG10017) muestra una reducción de varios genes que codifican para proteínas estructurales de los flagelos.

Hemos analizado los resultados obtenidos, diseñamos nuevos experimentos y estamos en proceso de caracterizar estas mutantes en más detalle.

Relación estructura-función de la enzima fosfatidilcolina sintasa.

La enzima fosfatidilcolina sintasa pertenece a la superfamilia de CDP-alcohol fosfatidiltransferasas. Los miembros de esta familia son proteínas integrales de membrana, que hasta ahora se han resistido a un análisis estructural. Para identificar los residuos de amino ácidos esenciales para la función se mutagenizaron 53 residuos conservados de amino ácidos a alanina. Se determinó la actividad de Pcs de cada uno y se identificaron 7 residuos cuya mutación causó la pérdida de actividad. En los siete residuos de amino ácidos identificados se construyeron mutantes adicionales. Se piensa que dos de los residuos identificados están involucrados en la unión al cofactor manganeso. Se estableció una colaboración con el Dr. José Luis Ruvalcaba del instituto de física de la UNAM para determinar el contenido de manganeso de diferentes versiones mutadas de la Pcs por medio de PIXE (particle induced X-ray emission). Para conocer más sobre la topología de la Pcs de *S. meliloti* se construyeron fusiones traduccionales de fragmentos de la Pcs con fosfatasa alcalina (*phoA*) y beta-galactosidasa (*lacZ*). También estamos en proceso de purificar la Pcs de *S. meliloti* con el propósito de cristalizar la proteína y determinar posteriormente su estructura.

Ciclos de lípidos membranales en rizobias y sus contribuciones a la señalización.

En la mayoría de las bacterias, los lípidos de membrana incluyen los glicerofosfolípidos fosfatidilglicerol (PG), cardiolipina (CL), y fosfatidiletanolamina (PE). Algunas bacterias forman también derivados metilados de PE como la monometil-PE (MMPE), la dimetil-PE (DMPE), o la fosfatidilcolina (PC). En la bacteria *Sinorhizobium meliloti*, que puede formar nódulos fijadores de nitrógeno en simbiosis con *Medicago*, PC puede ser formada por dos vías de biosíntesis diferentes. En la vía de metilación, PC se sintetiza a través de tres metilaciones sucesivas utilizando el donador de grupos metil *S*-adenosil-L-metionina y la enzima fosfolípido *N*-metiltransferasa (PmtA) mientras que en la vía de la fosfatidicolina

sintasa, colina esta condensada directamente a CDP-diacilglicerido con la formación de CMP y PC. El PC de *S. meliloti* se requiere para interactuar simbioticamente con *Medicago*. En *Legionella pneumophila*, PC se requiere para la adhesión a macrófagos vía el receptor del factor activador de trombocitos. Actualmente, no es claro si *S. meliloti* también requiere de PC para adherir eficientemente a los pelos radicales de *Medicago* y si hay un receptor en plantas que reconozca a PC. En simbiosis con plantas, la micorriza arbuscular forma liso-fosfatidilcolina, una señal que causa la inducción de un transportador de fosfato. Se resolverá si *S. meliloti* también sea capaz de producir liso-fosfatidilcolina y que causa la inducción del transportador de fosfato en *Medicago truncatula*. Se identificará un receptor en *M. truncatula* que reconoce específicamente a fosfocolina, el gen codificante para el receptor y las funciones del receptor.

Existen pocos ejemplos de ciclos de lípidos en bacterias. Hemos identificado un gen (*smc00171*) que esta inducido en condiciones limitantes de fosfato inorganico y su producto SMc00171 actua como una fosfolipasa C (PlcP) sobre el fosfolípido membranar bacteriano PC formando diacilglicerido y fosfocolina. El diacilglicerido puede ser utilizado para la formación de lípidos membranales sin fosforo, como la diacilgliceril trimetilhomoserina o el sulfoquinovosildiacilglicerol. La fosfocolina liberado por la fosfolipasa C PlcP esta degradada por la fosfatasa BetC a colina y fosfato inorganico. La colina puede ser oxidada a glicina betaina por BetB y BetA. Así en limitación de fosfato, fosfolípidos de la membrana bacteriana son reemplazados por lípidos membranales sin fosforo y el fosfato liberado puede ser utilizado para la síntesis de otras biomoléculas esenciales, como los ácidos nucleicos. Alternativamente, en la asociación simbiótica, diacilglicerido puede ser reciclado por diacilglicerido cinasa a ácido fosfatidico, una posible señal y precursor biosintético de los fosfolípidos de la membrana.

Tenemos varias indicaciones que *S. meliloti* puede degradar fosfolípidos de membrana a liso-fosfolípidos y ácidos grasos. Los genes y procesos que causan dichas degradaciones en los rizobios son actualmente desconocidos. Existen varios genes candidatos en el genoma de *S. meliloti* que podrían participar en los procesos mencionados. Pretendemos que con la inactivación de dichos genes candidatos y los análisis lipídicos de las mutantes resultantes, podemos proponer para varios de los candidatos en qué pasos están involucrados. Se estudiará si los liso-fosfolípidos formados son degradados aún más al fosfoalcohol y otros ácidos grasos o si fueran reciclados para convertirse en fosfolípidos completos otra vez. Existen en el genoma de *S. meliloti* varias transferasas predichas que probablemente transfieren grupos fosfoalcohol de los fosfolípidos a glucanos periplasmáticos o a componentes de los lipopolisacáridos formando como segundo producto diacilglicerido y pretendemos resolver las funciones de dichas transferasas.

En el genoma de *S. meliloti* existe un homólogo (SMc04041) a una probable liso-fosfolipasa PldB de *Escherichia coli*. Se construyó una mutante de *S. meliloti* en la cual el gen *smc04041* fue reemplazado por una casete de resistencia a espectinomicina y parece que dicha mutante acumula liso-PC y liso-PE transientemente. Además se clonó el gen *smc04041* en un vector pET17b para su expresión en *E. coli* y en un vector de amplio rango hospedero para su expresión en *S. meliloti*. La expresión de *smc04041* en ambos hospedadores causa la formación incrementada de ácidos grasos libres. Estos datos iniciales in vivo sugieran que *smc04041* codifica para una liso-fosfolipasa que puede degradar a liso-PC o liso-PE a ácidos grasos libres y a los glicerofosfoalcoholes respectivos.

En el genoma de *S. meliloti* también existen dos homólogos (SMc00930 y SMc01003) a fosfolipasas del tipo patatina cuyo representante ExoU de *Pseudomonas aeruginosa* es un factor importante de virulencia. Actualmente, se construyen mutantes knock-out de *S. meliloti* en *smc00930* o en *smc01003*. Se clonaron respectivamente los genes *smc00930* y *smc01003* en el vector pET17b para su expresión en *E. coli* y en un vector de amplio rango hospedero para su expresión en *S. meliloti*. La expresión de *smc00930* en *E. coli* causa la formación temporal de un lípido que migra como liso-PE mientras que a expresión de *smc01003* en *E. coli* causa la acumulación de ácidos grasos libres y estos datos sugieren que ambos, SMc00930 y SMc01003, participan en la remodelación de lípidos membranales bacterianos.

Identificación de una lipasa específica para cardiolipina en Streptomyces coelicolor.

Anteriormente describimos que *Streptomyces coelicolor* ocupa una enzima para la biosíntesis del lípido de membrana cardiolipina (CL) que es típica de eucariotas pero que no se había descrito en bacterias. Además de CL, membranas de *S. coelicolor* contienen los lípidos lyso-CL y diliso-CL, los cuales son derivados de CL. Estamos intentando de identificar los genes y codifican para las actividades necesarias.

Papel del lípido A en interacciones de bacterias gram-negativas con plantas.

Anteriormente construimos y caracterizamos las mutantes sencillas deficientes en los genes que codifican para las fosfatasa responsables para las desfosforilaciones del lípido A en *Rhizobium etli* llama. *lpxE* y *lpxF*. También se construyó y se caracterizó la doble mutante deficiente en ambas actividades. Los resultados de este proyecto se publicaron en la revista BBA-Molecular and Cellular Biology of Lipids.

Otro proyecto que apenas se empezó trata de la caracterización de una deacilasa de *R. etli* posiblemente responsable para eliminar un ácido graso de lípido A dentro de nódulos. El lípido A de *R. etli* es penta-acilado dentro de nódulos pero principalmente hexa-acilado en vida libre. Junto con el grupo del Dr. Chris Raetz (Duke Medical School) encontramos un gene candidato para esta actividad que llamamos *pagL*. Se construyó una mutante de *R. etli* en el gen *pagL*, la cual se analizó bioquímicamente y estamos en proceso de analizar el fenotipo de nodulación de esta mutante.

Mostrar la función del lípido de membrana lisil-fosfatidilglicerol (LPG) en bacterias gram-negativas. ¿Qué papel tienen AtvA en las interacciones de las bacterias con hospederos eucariotas?

Los avances anteriores en cuanto a la función de LPG se publicaron en Sohlenkamp et al. (2007). Posteriormente a esta publicación encontramos que LPG en bacterias gram negativas es un intermediario del metabolismo. Mutantes de *R. tropici* deficiente en el gene *atvA* acumulan hasta un 15 % de LPG, indicando que la proteína AtvA utiliza LPG como sustrato. Vimos que mutantes de *A. tumefaciens* en el gene *acvB* que es un homólogo de *atvA* de *R. tropici* también acumulan el lípido de membrana LPG. Un aspecto muy interesante es que estas mutantes sean deficientes en la formación de tumores en plantas. Esto indica que se necesita la actividad de un AcvB o AtvA funcional para establecer una relación simbiótica o patógena entre bacterias y hospedero. Estamos intentando de establecer un ensayo enzimático para AtvA para ver cuales son los sustratos y cuales son los productos de la reacción catalizada por AtvA. También estamos intentando de sobre-expresar un transportador de lisina en *R. tropici* para de esta manera poder marcar LPG con isótopos radiactivos de manera eficiente.

Biosíntesis y papel de lípidos de ornitina hidroxilados en Rhizobium tropici y Agrobacterium tumefaciens.

En un tamizaje de expresión funcional identificamos el gene *olsE* de *R. tropici*. Este gene codifica para una hidroxilasa de superfamilia de "hidroxilasas de ácidos grasos". Se construyeron mutantes de *R. tropici* en *olsX* y en *olsC*, otra hidroxilasa que hidroxila el lípido de ornitina (OL) en *R. tropici*. La identificación del gene *olsE* y la construcción y caracterización de las mutantes se describe en el manuscrito de Vences-Guzmán et al., que se mandó a la revista Molecular Microbiology.

Hasta ahora solamente sabemos que la hidroxilación introducida por OlsE se encuentra en la ornitina pero se desconoce la posición exacta. Se estableció una colaboración con el Dr. Anthony Ribeiro de Duke NMR Center, Durham, NC, USA para determinar la estructura del lípido de ornitina S2. Se están purificando cantidades en el rango de mg de los distintos OLs, de sus lisolípidos derivados y de la ornitina hidroxilada para poder determinar sus estructuras por NMR. También se construyeron mutantes de *A. tumefaciens* deficientes en *olsB* y *olsE*. Estamos caracterizando estas mutantes en vida libre y en condiciones de interacción con papa.

Biosíntesis de glicolípidos en Agrobacterium tumefaciens.

Hemos visto que *A. tumefaciens* sintetiza varios glicolípidos en condiciones de limitación de fosfato. Mediante una búsqueda bioinformática buscando genes cuyos promotores contienen una caja *pho* en *A. tumefaciens* identificamos dos genes codificando glicosiltransferasas. Estamos expresando estos genes en *E. coli* y además se están construyendo mutantes de *A. tumefaciens* deficientes en estos genes. Queremos mostrar que estas glicosiltransferasas están inducidas en condiciones de limitación de fosfato y queremos determinar la estructura de los glicolípidos sintetizados.

Genómica Computacional

El laboratorio trabaja en el estudio a nivel genómico de la regulación genética microbiana, específicamente en *E. coli*. Buscamos entender la célula como un sistema molecular integrado, con enfoques de bioinformática, de modelaje y colaboraciones con colegas experimentalistas.

Líneas mayores de investigación.

- 1.- Expandir el estudio y el concepto de “*gensor units*” concepto nuevo en biología molecular recientemente publicado por nuestro grupo.
2. - Curación de regulación genética: inicio de transcripción, ubicación de la regulación transcripcional en el contexto de sistemas moleculares de sensado-respuesta (*gensor units*).
3. – Modelaje computacional de la regulación transcripcional, diseño, mantenimiento y expansión de RegulonDB.
4. – Bioinformática, análisis de mapeo con tecnologías de secuenciación de nueva generación de promotores y unidades transcripcionales –en colaboración con el grupo del Dr. Enrique Morett.
5. – Implementación de modelo de calidad en los procesos tanto de desarrollo de software, así como de otras actividades de investigación.
- 6.- Colaboración con la empresa Grupo Ambar, con iras a desarrollar servicios bioinformáticos de calidad.
- 7.- Colaboración con la empresa Winter con miras a desarrollar herramientas bioinformáticas de frontera en el análisis de mapeo masivo en diversos proyectos genómicos.

Objetivos en el año:

A) *Gensor Units*. A inicios de año se publicó el concepto de “*gensor units*”, un nuevo concepto en biología molecular propuesto por nuestro grupo. El continuar el estudio de *gensor units* desde distintas perspectivas como se menciona abajo, es uno de los objetivos centrales en nuestro trabajo para el 2011.

Este año se pretende continuar expandiendo el número de *gensor units* por curar, así como trabajar en la integración de varios *gensor units* en la regulación múltiple, e iniciar su clasificación en términos de propiedades dinámicas y fisiológicas. Asimismo analizaremos en más detalle su regulación con énfasis en genes aparentemente no regulados, así como su conservación evolutiva y su modelaje dinámico.

La investigación, representación gráfica, curación, clasificación, análisis evolutivos y eventual modelaje dinámico de *gensor units* se realiza por posdocs, curadores, bioinformáticos, investigadores y alumnos de doctorado en el laboratorio. Por ejemplo, la conservación evolutiva y búsqueda de sitios de regulación en *gensor units* forma parte del proyecto doctoral de Alejandra Medina. Predicciones interesantes pueden ser sujetas a evaluación experimental en colaboración con el Dr. Agustino Martínez del Cinvestav, Irapuato con quien mantenemos colaboración desde años atrás.

Dentro de los temas de análisis de la dinámica de la regulación, la alumna Yalbi Balderas continuará con los estudios de las preferencias en las conformaciones activas de reguladores transcripcionales.

Se continuará asimismo la curación de la regulación transcripcional, con énfasis en: A) Arquitectura de frases y sitios de regulación (Martin Peralta). B) Criterios de evidencias de métodos de “*high throughput*” o métodos masivos de información de regulación transcripcional, como son métodos

de identificación masiva de sitios de pegado, mapeo de promotores y de unidades de transcripción (Verena Weiss y curadores).

Procesos de calidad. El año pasado obtuvimos el nivel 1 en calidad de desarrollo de software dentro del modelo de MOPROSOFT. Este año se pretende continuar expandiendo diversos procesos de RegulonDB dentro de dicha norma de calidad; prepararnos para pasar a nivel 3 en dicha norma; desarrollar un modelo de calidad del trabajo de curación y empezar su implementación; y finalmente expandir a otros procesos la cultura de calidad en el laboratorio.

Estos objetivos están asimismo relacionados con nuestro compromiso de colaboración con Grupo Ambar en la generación de procesos de calidad de bioinformática. En dicha colaboración deberemos aprender e implementar procesos de calidad en servicios, como son la atención a usuarios de RegulonDB.

Dinámica de la regulación. El Dr. Fernando Alvarez ha ingresado al laboratorio a fines del 2010. El Dr. Alvarez trabajará en el modelaje matemático de la dinámica de la regulación. Con el trabajo del Dr. Alvarez se pretende fortalecer estas inquietudes de modelaje de la regulación genética. Uno de los temas relacionados es el de la clasificación de gensor units, así como la gran asimetría en el uso de conformaciones activas por reguladores en *E.coli*, puesto de manifiesto en el proyecto de Yalbi Balderas. De igual forma, algunos de estos aspectos se trabajan en colaboración con el Dr. Agustino Martínez.

Expandir RegulonDB a genomas patógenos de E.coli y otros genomas microbianos.

Continuando con la colaboración con el grupo del Dr. José Luis Puente, en particular con el Dr. Víctor Bustamante, generaremos una base de datos de la red de regulación transcripcional de los genes de virulencia de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium. Esto nos servirá como infraestructura para incluir otros genomas microbianos.

Mapeo genómico con secuenciación de nueva generación de promotores y unidades de transcripción. Labs del Dr. Enrique Morett y grupo coordinado por el Dr. Barry Wanner.

Ambas colaboraciones están asociadas a donativos provenientes de NIH. Nuestra participación consiste en la elaboración de métodos bioinformáticos para el procesamiento de los datos con miras a darle la solidez metodológica a los promotores y unidades de transcripción mapeados con estas metodologías; definir las evidencias y formas de subir estos datos a RegulonDB; evaluar metodologías afines para decidir si se suben experimentos de otros laboratorios –ie. Palsson- a RegulonDB y –o EcoCyc; realizar análisis comparativos entre los resultados obtenidos y lo previamente conocido; reconstruir en lo posible la red de regulación de interacciones activas en distintas condiciones de crecimiento de *E.coli*.

Genómica Evolutiva

El objetivo del Programa es comprender los procesos evolutivos asociados a la simbiosis entre *R. etli* y el frijol. Así mismo busca entender los mecanismos de replicación e incompatibilidad de los plásmidos de *Rhizobium* y definir los mecanismos de regulación transcripcional mediados por los factores sigma. Desarrolla varios proyectos específicos:

Microevolución Genómica de Rhizobium. Secuenciación e identificación de las diferencias genéticas entre cepas de R. etli

Los resultados de este proyecto han sido publicados en un artículo (González, V. *et al.* 2010 Appl. Environ. Microbiol. 19: 6504). Un artículo describiendo la variación nucleotídica y recombinación en *R. etli* esta en proceso de revisión en Applied and Environmental Microbiology. Además publicamos un análisis de la evolución de las secuencias de inserción y su relación con la historia evolutiva del plásmido simbiótico (Lozano, L., *et al.* 2010. Appl. Environ. Microbiol. 76: 6504). Estos últimos representan las tesis doctorales de los alumnos José Luis Acosta y Luis Lozano. Con ello consideramos concluido este proyecto.

Análisis Genómico de Bacteriófagos de R. etli

Este proyecto ha generado conocimiento importante sobre la diversidad genómica de *Rhizobium etli* y los genomas de los bacteriófagos de *R. etli*. Dado que en los genomas completos de *R. etli* secuenciados hasta la fecha encontramos genes homólogos a bacteriófagos, tales como los que codifican para lisosimas, integrasas y DNA transferasas, pensamos que los bacteriófagos pudieran tener un papel relevante en la diversificación de esta bacteria. Para probar esto desarrollamos dos líneas de investigación complementarias. La primera fué la determinación de la estructura genómica de varias cepas de *R. etli* y el análisis de recombinación homóloga. Esta ha originado una publicación (González, V., et al. 2010, Appl. Environ. Microbiology 76: 1604) y un manuscrito enviado a publicación que representa la tesis doctoral del primer autor (Acosta, J. L., Appl. Environ. Microbiol.). En ambas hay agradecimientos explícitos al PAPIIT. La segunda línea de investigación comenzó prácticamente desde cero, y consistió en obtener evidencia de bacteriófagos de *R. etli* capaces de llevar información genética bacteriana, así mostrar su potencial para generar diversidad genética. Esta línea tiene un grado de avance satisfactorio y actualmente estamos en proceso de generar un manuscrito para publicar estos resultados, que hemos presentado en congresos nacionales e internacionales. Dado que esta parte del proyecto ha sido la más difícil resalto a continuación algunos de nuestros logros:

Aunque por muchos años los bacteriófagos de *Rhizobium* se han utilizado como medios de tipificación de cepas y se reconoce que pudieran tener un papel relevante en la ecología de *Rhizobium*, es muy poco lo que se conoce de su biología y de sus genomas. De hecho solamente tenemos conocimiento de la secuencia completa de dos bacteriófagos que infectan *Sinorhizobium meliloti*. Al iniciar el proyecto carecíamos de metodologías apropiadas para la obtención de bacteriófagos del suelo. Aunque esta fué una limitante importante, ahora ya no lo es y podemos aislar bacteriófagos de diversos tipos de suelo. A diferencia de los bacteriófagos de enterobacterias que pueden aislarse prácticamente en un solo paso, para obtener los bacteriófagos de *R. etli* es necesario un procedimiento de enriquecimiento de los lisados en 5 pasos sucesivos. Esto sugiere que la concentración de bacteriófagos para las cepas de *R. etli* probadas es baja.

Obtuvimos 14 bacteriófagos procedentes de suelos de 4 diferentes localidades del país. Es importante mencionar que solo obtuvimos bacteriófagos infectivos de *R. etli* a partir de suelos donde crecían leguminosas o bien había antecedentes de cultivo de frijol. Estos bacteriófagos son capaces de infectar un rango variable de cepas de *R. etli*. El más infectivo puede lisar 50 de 64 cepas probadas y el menos infectivo solamente 2. Además hay un conjunto de bacteriófagos que lisan de 10 a 20 cepas.

La caracterización molecular del genoma de estos bacteriófagos muestra que todos son de DNA de doble cadena y que 3 de ellos tienen modificaciones en el ADN que no permiten la acción de endonucleasas y la clonación in vivo (por transformación en *E. coli*) de los fragmentos genómicos obtenidos por nebulización (fragmentación física del ADN). Obtuvimos la secuencia genómica de 9 bacteriófagos cuyos tamaños en general están entre 43 y 53 kb, con la excepción del bacteriófago 10 que tiene un genoma de 115 kb. De acuerdo a su similitud genómica, estos bacteriófagos son de cuatro tipos muy diferentes entre sí. De cada uno de estos bacteriófagos tenemos la predicción y la anotación funcional de los genes, los cuales resultaron en su mayoría hipotéticos (70%) y el resto involucrados con la replicación, formación de la cápside y la interacción con el huésped (lisozima). Encontramos pocos genes bacterianos en los genomas de estos bacteriófagos, con la excepción notable del bacteriófago 10 que lleva genes homólogos a los de la síntesis de cobalamina y genes homólogos a los necesarios para la replicación y partición de los plásmidos de *Rhizobium* (repC, y parA y parB).

En conjunto estos resultados nos dan una buena perspectiva para entender las biología de la interacción entre *R. etli* y los bacteriófagos, y el papel de estos en la diversificación de esta especie. Consideramos que este proyecto tiene un avance del 90%.

Determinación del Pangenoma de Rhizobium etli y su Comparación con Especies y Biovariedades de Rhizobium Simbiontes del Frijol Común (Phaseolus vulgaris).

Las bacterias son los organismos más adaptados a vivir en cualquier condición ambiental en el planeta. Esta capacidad se debe en gran parte a la flexibilidad genética que tienen. Con la aplicación de tecnologías de secuenciación masiva de genomas se ha revelado que las especies bacterianas tienen una mayor diversidad genética de la que se ha mostrado únicamente con la secuencia de cepas representativas de las especies. Nosotros hemos estudiado la simbiosis entre *Rhizobium etli* y el frijol, cuya interacción incorpora el nitrógeno atmosférico en forma de amonio, al ciclo vital de los organismos. En años recientes determinamos la secuencia completa de *R. etli* bv. *phaseoli* CFN42, la cepa usada como modelo de estudio por muchos grupos de investigación nacionales e internacionales. Esta cepa tiene un genoma de 6,529 kb, con un cromosoma de 4,381 kb y 6 plásmidos grandes que suman 2148 kb. Uno de los plásmidos, llamado pSim, tiene la mayoría de los genes necesarios para la establecer la simbiosis. Actualmente se conocen en total 12 genomas de otras especies de *Rhizobium*. Las comparaciones genómicas entre estas especies ha mostrado que el cromosoma esta muy conservado en contenido genético y orden de los genes (sintenia) entre las especies cercanas, como por ejemplo *R. etli* y *R. leguminosarum*. Sin embargo, la sintenia se pierde cuando se compara *R. etli* con especies alejadas filogenéticamente como *Bradyrhizobium japonicum*. Los plásmidos son muy variables genética y estructuralmente, y solamente algunas regiones de ellos se conservan entre especies cercanas. En particular, los plásmidos simbióticos son sumamente diferentes y solo conservan los genes comunes de nodulación y fijación de nitrógeno. Para entender mejor como han evolucionado los plásmidos simbióticos en relación al resto del genoma, hemos obtenido la secuencia genómica completa de la cepa *R. etli* bv. *phaseoli* CIAT652, y hecho la secuencia genómica parcial de otras 6 cepas de *R. etli* bv. *phaseoli* de diferente origen geográfico. En contraste con los análisis genómicos previos, hemos encontrado que entre cepas de *R. etli* el pSim es una molécula muy conservada en secuencia nucleotídica (98-100%). En comparación, el cromosoma y el resto de plásmidos, son más variables en secuencia nucleotídica (90-94% de identidad). Esta observación sugiere varias hipótesis: 1. La interacción simbiótica de *R. etli* bv. *phaseoli* y el frijol es de origen reciente, como puede ser reciente la incorporación del plásmido simbiótico al genoma de *R. etli* bv. *phaseoli*; 2. Hay una sola clase de plásmido simbiótico en *R. etli* bv. *phaseoli* y este ha cambiado por rearrreglos genéticos (pérdida, ganancia, duplicación e inversión de genes) con muy poca divergencia nucleotídica. 3. *R. gallicum* y *R. etli* bv. *mimosa*, especies que nodulan *Mimosa affinis* y frijol, podrían ser organismos cercanos a la línea que dió origen a *R. etli* y su plásmido simbiótico.

Para probar estas hipótesis queremos obtener la secuencia genómica de 10 cepas de *R. etli* bv. *phaseoli* de diferente origen geográfico y contenido de plásmidos; una cepa de *R. gallicum* y una de *R. etli* bv. *mimosa*. Esto lo haremos mediante tecnologías de secuenciación de nueva generación (Solexa-Illumina, 454-Titanium) apoyándonos para la evaluación y refinado de los ensamblados en secuencia capilar (Sanger) y en los genomas de referencia de *R. etli* bv. *phaseoli* CFN42 y CIAT652. De las comparaciones genómicas entre estas cepas obtendremos diversas clases de datos. Uno de ellos es la extensión de la variabilidad genética en plásmidos y cromosomas, y la determinación y modelamiento del pangenoma. Esto quiere decir, definir el genoma básico o “core” y los genes variables de cepa a cepa. También obtendremos datos que nos permitirán trazar la historia evolutiva de los plásmidos simbióticos y el contexto genómico en los que funcionan. Finalmente, propondremos un modelo genómico del surgimiento de la simbiosis *R. etli*-frijol, en relación a otras asociaciones simbióticas de *Rhizobium* con otras leguminosas cultivadas y silvestres.

Hasta ahora tenemos un armamento mínimo de contigs y “scaffolds” (200-300 contigs) para las cepas IE4771 y Mim1. Estamos en proceso de obtener datos para definir una estrategia para cerrar el

genoma. Este es un proyecto conjunto con investigadores de diferentes programas: Esperanza Martínez (Ecología Genómica), Víctor González, Miguel A. Cevallos y Guillermo Dávila (Evolución Genómica), y David Romero y Pablo Vinuesa (Ingeniería Genómica), así como estudiantes y técnicos académicos de los mismos programas. El proyecto fue recientemente apoyado por Conacyt Ciencia Básica 2009.

Movilización de plásmidos simbióticos de cepas noduladoras de frijol.

Este proyecto se realizó en colaboración con el grupo de la Doctora Susana Brom (Programa de Ingeniería Genómica). El propósito es el de analizar la heterogeneidad de las estructuras de los plásmidos capaces de transferencia conjugativa en bacterias simbióticas de frijol. Como modelo se utilizó una cepa aisladas en España *S. fredii* GR64. Esta cepa contiene un plásmido simbiótico (pSym) diferente del presente en la cepa tipo de *R. etli* CFN42 (p42d) y un plásmido autotransferible (PAT) indispensable para la movilización de su pSym, este último resultó incompatible con el p42d. El PAT fue secuenciado, anotado y comparado con la base de datos. Los análisis de la secuencia muestran que una región (~1/3 del plásmido) tiene homología con una zona del p42d. Otro segmento es homólogo a una región contigua del p42a, esta incluye la región de transferencia. Las categorías funcionales son en su mayoría de genes relacionados a funciones metabólicas y de transporte. Este trabajo fue sometido para su publicación en la revista *Journal of Bacteriology* (diciembre de 2010).

Factores Sigma y Reguladores Transcripcionales en Rhizobia

Rhizobia se caracteriza por contener un importante número de genes que codifican a factores sigma y a reguladores transcripcionales, los cuales forman un grupo de genes que ha recibido muy poca atención. Con el desarrollo de este proyecto, se pretende generar información que pueda ser usada para entender como se organiza la red de regulación de Rhizobia. En este sentido, hemos concentrado nuestros primeros esfuerzos en estudiar a los factores sigma de *R. etli*. Para ello, planteamos tres líneas de investigación que se encuentran en proceso. En la primera, hemos estudiado las propiedades de las regiones promotoras reconocidas por SigA. Resultados derivados de este estudio fueron los siguientes:

1. Deducción de la secuencia de 36 promotores de *R. etli*.
2. Demostración de que los 36 promotores aislados son reconocidos por σ^{70} de *R. etli in vivo*.
3. Deducción de la secuencia consenso del promotor reconocido por σ^{70} de *R. etli*.
4. Demostración experimental de la correcta identificación del consenso obtenido.
5. Demostración de que los promotores de *R. etli* no son funcionales en *E. coli*.
6. Demostración de que las propiedades termodinámicas de los promotores de *R. etli* y de *E. coli* son las mismas.
7. Demostración de que los promotores aislados son reconocidos por σ^{70} de *R. etli in vitro*.
8. Demostración de que los promotores aislados no son reconocidos por σ^{70} de *E. coli in vitro*.
9. Demostración de que todas las bases que forman parte de un promotor reconocido por SigA, (y que es representativo de *R. etli*), son indispensables para el buen funcionamiento de dicho elemento genómico.

Para continuar con este trabajo, y con la finalidad obtener y localizar la mayor cantidad de promotores reconocidos por SigA, recientemente implementamos la técnica Chip-Seq. Actualmente contamos con un banco de fragmentos de aproximadamente 200 pb que está en espera de ser secuenciado usando la plataforma Solexa-Illumina, por lo que creemos que podemos consolidar la obtención de resultados hacia la segunda mitad del año 2011.

La segunda línea de investigación que se encuentra en proceso pretende estudiar las propiedades estructurales y funcionales de SigA. En una primer aproximación, se probó si la proteína SigA es capaz de complementar la función de RpoD en *E. coli*. Para ello, se usó una cepa de *E. coli* que porta un alelo termosensible del gen *rpoD* (*Ec-rpoD^{ts}*), a la que se le introdujo, de forma independiente, un plásmido que transcribe al gen *sigA* de manera constitutiva, y en otro caso el mismo plásmido pero ahora portando al gen *rpoD* silvestre. Posteriormente fue evaluado el crecimiento de las cepas complementadas a la temperatura no permisible. Los resultados demostraron que SigA puede complementar la función de

RpoD, pero con una menor eficiencia. Con la finalidad de estudiar la relación estructura-función de SigA, inicialmente decidimos concentrarnos en analizar la función de una región que es exclusiva de SigA y que no está relacionada con la unión al promotor. Para establecer si dicha región es indispensable para la función de SigA, se fabricó una mutante que mantiene el marco de lectura de *sigA* intacto, pero que elimina un segmento de 22 aminoácidos que se localiza aledaño al dominio de reconocimiento de la caja -10. El fenotipo de la mutante obtenida fue probado en la cepa Ec-rpoD^{ts} a la temperatura no permisible, encontrándose que la cepa crece a una velocidad significativamente menor a la de la cepa complementada con el alelo de *sigA* silvestre. Continuando con este análisis, se sintetizaron genes quiméricos entre *sigA* y *rpoD* que intercambian segmentos aledaños al dominio de unión a la caja -10 del promotor. El fenotipo de estos genes mutantes se encuentra aun en evaluación, por lo que planeamos que de observarse diferencias importantes, se procederá a mutagenizar al azar la región hasta ahora delimitada, para tratar de localizar los aminoácidos importantes que permitan mantener la función de SigA en la cepa Ec-rpoD^{ts}.

La tercer línea de investigación que hemos desarrollado tiene como objeto estudiar las propiedades estructurales y funcionales asociadas a los factores RpoH de *R. etli*. Resultados derivados de este estudio fueron los siguientes:

1. Demostración de que RpoH1 es indispensable para sobrevivir ante el estrés por calor y al estrés oxidativo.
2. Demostración de que RpoH2 es indispensable para sobrevivir ante el estrés salino y osmótico.
3. Demostración de que *rpoH1* es regulado primariamente por SigA.
4. Demostración de que *rpoH2* es regulado primariamente por RpoE4.
5. Deducción de una secuencia consenso potencialmente reconocida por las proteínas RpoH de *R. etli*.
6. Identificación de 21 candidatos probablemente regulados por RpoH1.

Para continuar con esta línea de investigación, y con la finalidad de obtener y localizar la mayor cantidad de promotores reconocidos por RpoH1, recientemente hemos logrado la inmunoprecipitación de fragmentos DNA unidos a RpoH1, mismos que se encuentran en espera de ser secuenciados usando la plataforma Illumina-Solexa. Por otra parte, con el objeto de identificar el conjunto de genes reconocidos por cada una de las proteínas RpoH, en una primer instancia hemos obtenido los perfiles de transcripción a partir de cultivos crecidos en estrés por calor (para el que es indispensable RpoH1), y en estrés salino (en donde es requerido RpoH2), mediante la técnica RNA-seq. Actualmente hemos podido determinar que conjunto de genes son específicos para responder a las condiciones de estrés mencionadas, y nos encontramos haciendo el análisis de las regiones reguladoras asociadas a genes sobre-expresados en cada condición, para tratar de deducir las secuencias promotoras reconocidas por cada uno de los factores RpoH. Pensamos que la complementación de resultados usando el enfoque Chip-seq y el de RNA-seq nos permitirán deducir de forma confiable a los sigmulones dependientes de ambos RpoH de *R. etli*. Finalmente, hemos iniciado con el estudio de las condiciones en que se expresan todos los genes sigma de *R. etli*, así como la obtención de los perfiles de transcripción de *R. etli* creciendo en fase estacionaria, medio mínimo, y en el suelo. Esperamos obtener los resultados de este análisis durante el transcurso del año 2011.

Caracterización molecular de los mecanismos de represión transcripcional que actúan sobre el operón repABC del plásmido simbiótico de R. etli CFN42.

En este proyecto hemos determinado que el operón *repABC* se regula negativamente por la acción conjunta de las proteínas RepA, una ATPasa tipo Walker; RepB, una proteína que reconoce la región parS o centromérica; y dos sitios cis: parS y el operador del operón. La represión completa del operón *repABC* requiere de la participación conjunta de estos cuatro elementos. La ausencia de cualquiera de ellos reduce la eficiencia de la represión. RepA y RepB son proteínas homodiméricas en solución pero pueden entablar contactos entre ellas. RepA como apo-proteína es incapaz de pegarse al operador del sistema, un palíndromo imperfecto que se encuentra entre el sitio de inicio de la transcripción y el codón inicial de RepA. La proteína RepA-ATP se une al DNA de modo inespecífico, sin embargo, RepA-ADP se pega exclusivamente al sitio operador del operón. Tenemos mutantes hiper-represoras que se pegan específicamente al operador en presencia de ATP o ADP y ya no requieren la participación de RepB y

parS. En este momento estamos determinando cuál es el papel molecular de RepB y *parS* en la represión del operón *repABC*.

Mecanismo in vivo e in vitro de la acción del pequeño RNA antisentido (ctRNA) que se encuentra codificado en la región intergénica repB-repC del operón repABC y que modula la expresión de RepC, la proteína iniciadora de la replicación.

Sabemos ahora que la interacción entre el ctRNA y su RNA blanco ocurre se requieren de los primeros 10 nucleótidos de el ctRNA del extremo 5'. Estos mismos nucleótidos son esenciales para el fenómeno de incompatibilidad. Los nucleótidos que conforman la única asa del ctRNA no juegan un papel relevante en la acción reguladora de esta molécula. Los nucleótidos del extremo 3' son importantes para que se pueda terminar la transcripción del propio ctRNA. Estamos determinando cuáles son los nucleótidos importantes del ctRNA para que se pueda generar un nuevo grupo de incompatibilidad sin alterar su capacidad de autoregulatoria. De igual modo estamos determinado cuáles son los nucleótidos importantes del RNA blanco para su interacción con el ctRNA.

Mecanismo de regulación postraduccional de RepC y su posible relación con el fenómeno de incompatibilidad.

Nuestra hipótesis de trabajo es el considerar que RepC tiene dos conformaciones: una como monómero activo capaz de iniciar un ciclo replicativo y otra como dímero (u oligomero) capaz de inhibir la replicación del plásmido. Hemos logrado identificar que el extremo carboxi-terminal de RepC es el que está directamente involucrado en el fenómeno de incompatibilidad. Estamos trabajando para identificar la región de RepC involucrada en el proceso de dimerización. Sabemos ahora que la sobre expresión de RepC limita fuertemente el crecimiento de *Rhizobium*. Suponemos que esta limitación surge por que se está titulando un elemento esencial para el crecimiento de la cepa, probablemente algún elemento del replisoma. Esta hipótesis goza de sustento ya que la expresión exógeno de DnaB alivia parcialmente el arresto del crecimiento. En el transcurso de este año ahondaremos en los mecanismos moleculares que moldean este fenómeno.

Mecanismos por los cuales la percepción del quórum modula el número de copias del plásmido simbiótico de la cepa de Rhizobium NGR234.

Hemos determinado que en este fenómeno participan dos proteínas de la familia LuxI: TraI y NgrI. En este año nos proponemos identificar cuáles son las acil-homoserinlactonas que sintetizan TraI y NgrI y la jerarquía del sistema. También determinaremos cuáles son las regiones del promotor *repABC* esenciales para el control del número de copias que depende de la percepción del quórum y las proteínas y sus sitios de acción involucradas en este fenómeno.

Mecanismos de la tolerancia al etanol que presenta Zymomonas mobilis. (colaboración con el Dr. Alfredo Martínez del IBt)

Grosso modo, hemos generado en el laboratorio dos cepas hipertolerantes al etanol y pretendemos, a través de secuencia masiva, identificar las mutaciones que afectan estas cepas contrastando la secuencia de las cepas mutantes con la cepa silvestre que, por cierto, ya se cuenta con ella. Pretendemos analizar los transcriptomas de las cepa silvestre y de las cepas mutantes en presencia y ausencia de etanol. Suponemos que este tipo de datos nos podrá dar indicaciones relevantes de cómo ocurre la tolerancia al etanol en esta especie bacteriana.

Genómica Funcional de Eucariotes

*Transcriptómica y otras respuestas globales del frijol al estrés abiótico.
Toxicidad por metales.*

El análisis de las respuestas del frijol a la toxicidad por Mn fue realizado, en gran parte, por el alumno de doctorado Oswaldo Valdés López quien se graduó a fines de 2009. En este año, otros miembros del grupo participaron en este proyecto para tratar de concluir algunos aspectos que Oswaldo dejó inconclusos y así poder publicar este trabajo. Los resultados obtenidos del transcriptoma de nódulos de frijol en toxicidad por Mn (comparados con nódulos control) se analizaron con el programa PathExpress para determinar aquellas vías metabólicas significativamente inducidas o reprimidas en este estrés. Con base en el análisis del transcriptoma, se seleccionaron algunos genes de interés y se está analizando su expresión diferencial por RT-PCR cuantitativa o en tiempo real (qRT-PCR) para así comprobar los datos obtenidos con los macro-arrays. Se analizó por qRT-PCR el perfil de expresión de los genes de factores de transcripción. Se realizó una caracterización histológica de las etapas iniciales de infección así como del desarrollo de los nódulos en plantas de frijol ante toxicidad por Mn. El próximo año se piensa concluir estos experimentos para enviar a publicación este trabajo.

En este año se inició la caracterización fisiológica de las plantas de frijol en simbiosis con rhizobia, expuestas a toxicidad por Al y por Cu. Dicha caracterización ha incluido el fenotipo simbiótico (eficiencia de nodulación, fenotipo y desarrollo de nódulos por histología, actividad de la nitrogenasa), así como otros parámetros que en otras plantas son característicos de la toxicidad por Al tales como: acumulación de este elemento, de peróxido de H y de callosa, peroxidación de lípidos y muerte celular. Para detectar estos parámetros se montaron técnicas histológicas que permiten determinarlos tanto en raíces como en nódulos de plantas estresadas. El próximo año se continuará con esta caracterización y con el análisis de la expresión de los micro-RNAs ya que estos proyectos se enfocan en gran medida a entender el papel de estos reguladores en dichas condiciones de estrés por toxicidad a metales.

Deficiencia de P (-P).

Como ya he informado en años pasados, nuestra investigación ha contribuido a entender las respuestas globales (genómica funcional) del frijol a este estrés, tanto en plantas en simbiosis con rhizobia como en condiciones no simbióticas (Hernández et al. 2007; 2009). También hemos determinado una vía de señalización esencial para la respuesta del frijol a -P, en la que participa el TF de la familia MYB: PvPHR1 y el miRNA: PvmiR399 (Valdés-López et al. 2008).

Con base en estos avances, hemos continuado este proyecto analizando dos genotipos de frijol que se conoce que tienen respuestas contrastantes a -P: el BAT477 que es tolerante a -P y el DOR364 que es sensible a este estrés. Se analizó la regulación transcripcional en raíces y nódulos de frijol de ambos genotipos contrastantes en estrés por -P. En este trabajo participó la tesista de licenciatura (UAEM) de Ana Luz Álvarez dirigida por Mario Ramírez. Nuestros datos iniciales indican que las variedades contrastantes pudieran tener diferencias importantes en la regulación de la vía del TF PvPHR1. Por tanto, continuaremos con este análisis para determinar si, en efecto, diferencias en la vía del PvPHR1 pudieran ser determinantes para la tolerancia o sensibilidad a -P. A este proyecto se han incorporado otros dos estudiantes quienes continuarán su trabajo el próximo año, bajo la coordinación estrecha de Mario Ramírez.

Estrés oxidativo.

El proyecto de las respuestas globales de los nódulos de frijol al estrés oxidativo ha sido coordinado por el Dr. Mario Ramírez de nuestro grupo. El sistema utilizado consiste en exponer a plantas noduladas de frijol al herbicida Paraquat (1 mM) por 48 hrs y posteriormente analizar los nódulos con base en nuestra plataforma de genómica funcional. Este año se avanzó en el análisis del transcriptoma de los nódulos estresados. Para ello se utilizó, por primera vez en nuestro grupo, un micro-array con ca. 20,000 genes de frijol, reportados en el Bean Gene Index de DFCI y otros (ca. 10,000) presentes en soya y que no están reportados para frijol. El chip se diseñó e imprimió en Italia en colaboración con el grupo de Francesca Sparvoli (ver adelante). Se realizó el perfil de expresión de genes de TF, utilizando nuestra plataforma de qRT-PCR. Se están analizando los datos del transcriptoma obtenidos con software como Mapman y PathExpress. También se avanzó en el análisis del transcriptoma de los bacteroides de los

nódulos estresados, con la colaboración de Sergio Encarnación. Se continuará con este proyecto el siguiente año y se espera enviar un trabajo a publicación.

Regulación transcripcional y post-transcripcional de la respuesta/adaptación del frijol a estrés abiótico: Papel de los TF y los micro RNAs (miRNAs).

Nuestro trabajo actual se ha enfocado en el análisis del papel de los TF (Valdés-López & Hernández 2008) y miRNA (Valdés-López et al. 2010) como reguladores maestros del desarrollo del nódulo y de la respuesta a estrés. Se conoce que varios de los miRNAs descritos en plantas tienen como genes blanco, cuya degradación es inducida por el miRNA, a genes de TF; es común que ambos tipos de reguladores actúen de manera sinérgica en la misma vía de señalización. El control genómico transcripcional y post-transcripcional de los TF y miRNAs es esencial para el desarrollo y la adaptación al estrés en plantas, sin embargo este conocimiento en el frijol es aún incipiente.

Los TF: PvTIFY y PvZAT como reguladores de la respuesta a -P.

Con base en nuestros resultados anteriores (Hernández et al. 2007; 2009), seleccionamos a los TF PvTIFY y PvZAT para investigar su posible participación en las vías de señalización de la respuesta de frijol a deficiencia de P. El PvTIFY se induce tanto en raíces como en nódulos de frijol limitados de P y el PvZAT se induce a raíces en -P y pudiera ser ortólogo de un TF que en Arabidopsis participa en la señalización en -P.

En cuanto al análisis del Tf PvTIFY en este año se avanzó en los siguientes aspectos: i) análisis de la expresión de PvTIFY (por qRT-PCR) en diferentes etapas de desarrollo de raíces y nódulos de frijol en -P vs. suficiencia nutricional (control), ii) análisis de la inducción de PvTIFY por metil jasmonato ya que en Arabidopsis se ha relacionado al TF TIFY (o JAZ) con la señalización por jasmonato, nuestra hipótesis es que en frijol pudiera estar involucrado tanto en la señalización por jasmonato como en la de -P, iii) fusiones de PvTIFY con las proteínas verde y amarilla fluorescente para determinar su localización intracelular, iv) clonación del promotor del gene de PvTIFY y fusiones con GUS para determinar su expresión a nivel celular, v) construcción del gene quimérico HIS-PvTIFY para expresar y purificar la proteína en *E. coli*, obtener anticuerpos y realizar experimentos de “pull-down” que permitan determinar qué proteínas se asocian con PvTIFY, vi) transcriptoma de raíces transgénicas con expresión de PvTIFY modificada por silenciamiento (RNAi) o por sobre-expresión para identificar el conjunto de genes que pudieran estar regulados por este TF en -P. El próximo año continuaremos con los diferentes aspectos de este proyecto.

Papel de los miRNAs de frijol en la regulación del desarrollo del nódulo y de su respuesta a estrés abiótico.

En este año publicamos un trabajo sobre el perfil de expresión de los miRNAs de frijol en diferentes órganos (nódulos, raíces, hojas) y en respuesta a estrés abiótico (Valdés-López et al. 2010). Este y los proyectos que hemos continuado con base en nuestros resultados los realizamos en colaboración con Carroll Vance de la U. de Minnesota, José Luis Reyes del IBt y Lourdes Girard del CCG.

Hemos detectado diversos miRNAs que muestran una expresión diferencial en nódulos de frijol estresados y nuestra hipótesis de trabajo es que estos pudieran tener papeles importantes en las vías de señalización ante estos estreses. Durante este año iniciamos el análisis de la función en nódulos de frijol de los miRNAs seleccionados: miR164, miR172, miR398, pvu-miR1511 y pvu-miR2119. El análisis de la expresión en nódulos de plantas estresadas reveló que el miR398 se induce en nódulos deficientes de P y de Fe y se reprime en toxicidad por Cu, y el pvu-miR1511 también se induce en deficiencias nutricionales. Este año se avanzó también en realizar las construcciones que permitirán silenciar estos miRNAs mediante el enfoque de “mimetismo” y sobre-expresarlos en “plantas compuestas” con raíces transgénicas de frijol. Del miR164 se está analizando principalmente su papel en toxicidad por aluminio y cobre. Observamos que el pvu-miR2119 se induce en estreses nutricionales (como -P y -Fe) pero principalmente en raíces y hojas. El miR172 pareciera ser “nódulo específico” ya que lo hemos detectado

principalmente en nódulos maduros y no en otros tejidos. Durante 2011 continuaremos este proyecto sobre el análisis de los miRNAs seleccionados.

Se colabora en proyectos con otros investigadores del país y del extranjero. Uno de estos es que apoya CONACYT en el marco de Proyectos de Cooperación Bilateral, entre el grupo de la Dra. Hernández y el de la Dra. Francesca Sparvoli del Instituto di Biologia e Biotecnologia Agraria (IBBA), CNR de Milán, Italia. El proyecto es sobre la caracterización a nivel de genómica funcional de la mutante *lpa* (low phytic acid) de frijol (*Phaseolus vulgaris*). Durante este año dos colegas italianos del IBBA realizaron estancias en el laboratorio de la Dra. Hernández y dos integrantes de su grupo realizaron estancias en IBBA. Obtuvimos avances interesantes en cuanto al fenotipo simbiótico y a la respuesta ante la deficiencia de P de la mutante *lpa*, así como el análisis transcripcional -usando chips con genes de frijol fabricados en Italia- tanto para la mutante *lpa* como para otras condiciones de estrés en frijol que se enmarcan en nuestros proyectos ya descritos. El próximo año continuaremos con este proyecto e intentaremos publicar nuestros primeros resultados.

Mecanismos de señalización por nitrógeno y carbono y su participación en el proceso simbiótico.

Las leguminosas son las únicas plantas de importancia agrícola, que desarrollan con bacterias del suelo, una simbiosis capaz de reducir el nitrógeno atmosférico (N₂), para cubrir las demandas de nitrógeno de la planta (FBN). Esta simbiosis se caracteriza por inducir en la raíz de la planta, el desarrollo de un órgano denominado nódulo. En él, se reúnen las condiciones óptimas para la expresión de los genes bacterianos asociados con la reducción de N₂, el funcionamiento de la nitrogenasa y la asimilación de amonio en la planta. Esto permite a las plantas crecer en suelos limitados o carentes de este elemento (Graham et al., 2003). Es importante señalar que la FBN no se lleva a cabo en suelos, en donde el nitrógeno está presente. Es decir, es un proceso inducido por la limitación de nitrógeno.

En términos metabólicos podemos señalar dos aspectos claves del proceso simbiótico entre leguminosas y *Rhizobium*:

(i) La simbiosis fijadora de nitrógeno, es un proceso inducido por la limitación de nitrógeno, que culmina en la diferenciación y el desarrollo de un nuevo órgano y la adquisición de una nueva función; la reducción de nitrógeno gaseoso.

(ii) El funcionamiento del nódulo se lleva a cabo en condiciones microaeróbicas lo que determina una reducción en la capacidad para utilizar carbono.

Sobre estos elementos, el proyecto tiene inicialmente dos objetivos:

1. Estudiar el papel de TOR en la simbiosis fijadora de nitrógeno. TOR se ha descrito como un señalizador general asociado a nitrógeno y cuya actividad afecta por un lado la síntesis de proteínas, dependiente de la percepción de nutrientes y la regulación del citoesqueleto independiente de la condición nutricional e insensible a rapamicina.

2. Conocer el papel de SnRK3 en el desarrollo de la simbiosis. La familia de cinasas tipo SnRK en plantas, se divide en tres subfamilias: SnRK1a/1b, SnRK2 y SnRK3, Las subfamilias SnRK2 y SnRK3 son específicas de plantas y están implicadas en respuestas de la planta a estrés ambiental. De la subfamilia SnRK3, dos transcritos (AtSR1 y AtSR2) han sido descritos. Aún cuando los genes tipo SnRK3 generalmente están asociados al metabolismo de azúcares, la acumulación del transcrito AtSR1 en presencia de citocininas, permite sugerir una relación entre este gene y el patrón de desarrollo de la planta

Aislamiento del cDNA de TOR (target of rapamycin).

Con la secuencia de TOR de Arabidopsis (NM_103891) (8007 pb, y 2454 aa) se identificó por tBLASTn un EST parcial de TOR, POD_008_G01 que codifica para 2535 pb del aminoácido 1750 a 2454 y el extremo 3'UTR. Se secuenció y se diseñaron los oligonucleótidos para completar el cDNA por RT-PCR con 5'RACE, con cuatro pasos se obtuvo la secuencia completa del gen, con un total de 8008 pb; 181 pb de 5'UTR, 7407 pb de ORF que codifican para 2469 amino ácidos y 239 pb de 3'UTR. Se confirma la identidad por comparar la proteína deducida.

Análisis de expresión de TOR

a) Se detectó el transcrito de TOR durante el desarrollo del nódulo.

Se encontró que el transcrito de TOR se puede detectar en la raíz de frijol desde el primer día después de la inoculación con *Rhizobium*. Los niveles del transcrito de TOR, tienen una tendencia a incrementar durante el periodo de maduración del nódulo. b) Se analizó el efecto de diferente fuente de nitrógeno en el nódulo maduro (17 días postinoculo). Los niveles más altos de transcrito se observan en los nódulos control a los que no se les añadió ningún compuesto y en los que se añadió glutamina.

Efecto del silenciamiento del gene TOR en raíces transformadas de frijol

Se obtuvieron raíces transgénicas de frijol con el gene TOR silenciado. El primer resultado obtenido por el análisis de microscopía, muestra que el silenciamiento de TOR altera la morfología de los pelos radiculares. Además de la deformación se observa una reducción importante en el número de pelos radiculares en las raíces silenciadas en el gene TOR.

Silenciamiento del gene TOR en nódulos de frijol

Uno de los resultados más sorprendentes que se obtuvieron fue el relacionado con el desarrollo del nódulo. Los resultados obtenidos muestran que el silenciamiento de TOR inhibe la formación del nódulo en las raíces silenciadas.

Aislamiento del cDNA de SnRK3

Se detectó el contig TC11919 con la secuencia del lado carboxilo terminal de ESTs de *Phaseolus vulgaris* N Jamapa y la secuencia de lado amino terminal del EST de Pv early gallantín. con oligos en ambos extremos se obtuvo el cDNA completo por RT-PCR de cDNA de raíz desnodulada de 26 días. El fragmento de 2032 pb con un ORF de 1565 pb, 5'UTR de 160 pb y 3'UTR 307 pb, codifica 520 aminoácidos.

Efecto del silenciamiento del gene SnRK3 en raíces transformadas de frijol

Las raíces silenciadas de SnRK3, pueden desarrollar nódulos de aspecto y tamaño normal. Sin embargo cuando se analizó el contenido de bacterias en el interior del nódulo, se encontró que los nódulos formados en raíces silenciadas en el gene SnRK3, no tiene bacterias en el interior y que el proceso de infección está abortado. Por otro lado se puede observar por microscopía confocal que las células en estos “pseudonódulos”, son células amorfas de apariencia hipertrofiada.

Estos datos, demuestran que el sensor celular de nitrógeno (TOR) está directamente asociado al proceso simbiótico entre leguminosas y *Rhizobium*. Queda por establecer si el efecto inhibitorio de la nodulación por el silenciamiento de TOR es debido a las alteraciones del pelo radicular y/o a la inhibición de la formación del meristemo nodular.

Por otro lado, se puede postular que el silenciamiento de SnRK3 no afecta la división celular inicial en la formación del nódulo pero si la diferenciación de células infectadas y no infectadas.

Hasta ahora, no existe ningún reporte en la literatura que relacione el proceso simbiótico con la regulación del gene TOR. Consideramos que estos datos marcarán un rumbo diferente en los estudios de la relación simbiótica entre plantas y bacterias del suelo y muy particularmente en aquellas asociaciones donde media un proceso de diferenciación.

a. Se está llevando a cabo el estudio de las diferentes etapas del proceso simbiótico por microscopía de luz y microscopía electrónica para establecer si el silenciamiento de TOR inhibe el desarrollo de los meristemas en el cortex de la raíz y si está afectado el proceso de invasión de la bacteria y la formación de los haces vasculares.

b. La expresión en tiempo real del gene TOR en las raíces transformadas con diferentes grados de silenciamiento de este gene. Se pretende correlacionar los niveles del transcrito de TOR con los diferentes aspectos de desarrollo del nódulo y el establecimiento de la bacteria.

c. Se iniciarán los trabajos para determinar la estructura y organización del citoesqueleto en los pelos radiculares de las raíces silenciadas en TOR.

- d. Se concluirá con los trabajos de microscopia confocal de las raíces silenciadas en el gene SnRK3.
- e. Se estudiarán los niveles del transcrito del gene SnRK3 en las raíces silenciadas de este gene
- f. Se iniciará el trabajo de microscopía de luz y electrónico para analizar las raíces silenciadas en el gene SnRk3
- g. Se iniciará el estudio del transcriptoma de las raíces silenciadas en los genes TOR y SnRK3 en colaboración con la Dra. Francesca Dr. Francesca Sparvoli del Instituto de Biología y Biotecnología Agraria, Milan, Italia.

Efecto del estrés hídrico en la regulación de genes de la biosíntesis de poliaminas en frijol

Construcción de los vectores RNAi y generación de plantas compuestas de frijol y soya

Las construcciones RNAi usadas para silenciar los genes de la biosíntesis de poliamina (ADC, ODC, SPD y SPM) y del catabolismo (DAO) se construyeron como se detalla a continuación:

El diseño de los oligos para la amplificación de los oligos se basó en las secuencias reportadas de ESTs derivados de una librería de cDNA de frijol y de soya. Para generar las construcciones de RNAi, fragmentos específicos para PvADC (400 pb), GmADC (320 pb), PvGmODC(314 pb), PvGmSPD (589 pb), PvGm SPM (397 pb), PvGm SAMDc (989)pb, de la región codificadora fueron amplificados por PCR, usando oligos específicos para cada gen. Todos los oligos contienen 2 sitios de restricción (*Asc/Swa* y *Bam/Spe* en el extremo 5' para poder clonarlos en el plasmido RNAi. Los fragmentos amplificados se clonaron primero en el vector pJET y fueron secuenciados para comprobar su fidelidad. Posteriormente los fragmentos fueron clonados en el vector pRNAi en orientación sentido y antisentido, separados por un intrón, por medio de dos pasos secuenciales de clonación. La construcción resultante se insertó posteriormente en los sitios *KpnI-PacI* del vector binario pRedRoot. Las nuevas construcciones generadas en el vector binario, así como el vector vacío (control) se introdujeron por electroporación en *Agrobacterium rhizogenes* K599, para generar las plantas compuestas y así examinar el efecto del silenciamiento de los genes de la biosíntesis de poliaminas (PAs) sobre la función del nódulo en condiciones de sequía.

Debido a que frijol y soya son difíciles de transformar y regenerar, se produjeron plantas compuestas, que consisten de la parte aérea si transformar y de raíces noduladas transformadas. El protocolo usado fue el reportado por Estrada Navarrete et al. 2007. Se utilizaron 4 vectores de RNAi: PvADC-RNAi, GmADC-RNAi y PvGmSPM -RNAi, que contienen elementos para silenciar los genes de arginina decarboxilasa (ADC) ornitina decarboxilasa (ODC), y espermina sintasa (SPM) en frijol y soya. Además se generó un quinto grupo de plantas compuestas con el vector vacío (control). A los 15 días de la infección con *Agrobacterium* comenzaron a hacerse evidentes los callos y a aparecer las primeras raíces peludas en el lugar de la infección (los nodos cotiledonares) en aproximadamente el 90% de las plantas infectadas. Posteriormente, luego de una semana, las plantas compuestas generadas se pasaron a nuevas macetas y se inocularon con *Rhizobium Ciat 899* frijol y con *Bradirrhizobium USDA110* soya. Luego de 21 a 35 días las plantas compuestas se separaron al azar y a un grupo se las dejó de regar durante 5 días para ver el efecto de la sequía sobre las plantas silenciadas.

Debido a que el vector pRedRoot contiene el gen que codifica para la proteína rojo fluorescente DsRED1, la presencia de fluorescencia nos permite seleccionar las raíces y nódulos silenciados. En general el patrón que se observó fue algunas plantas con todas las raíces y nódulos transformados y otras con sólo una parte del sistema radical transformado. No se observaron diferencias morfológicas entre las plantas control y las silenciadas.

Se colectaron tanto raíces como nódulos putativamente silenciados en los genes ADc, ODC y SPM de plantas de frijol y de soya, crecidas en condiciones de riego normal y sin regar para los análisis de microscopía, RT-PCR en tiempo real, contenido endógeno de poliaminas y actividad de las enzimas de PAS. Actualmente se están haciendo los cDNAs del material colectado para hacer análisis de PCR tiempo Real y poder determinar el grado de silenciamiento de los genes de la biosíntesis de poliaminas (Pas) usados para generar las plantas compuestas y ver en qué grado afecta su silenciamiento a la expresión de los otros genes de la biosíntesis de Pas.

Análisis de microscopía: Se analizaron por microscopía electrónica los nódulos de las plantas compuestas silenciadas en los genes de ADC y ODC. Se pudo observar que la inhibición en la expresión del gen de ADC afecta el desarrollo de núcleo y del nucléolo tanto en las plantas control como en las plantas estresadas. Este resultado resulta muy interesante puesto que se conoce que la ADC está involucrada en la condensación de la cromatina durante la división celular.

Los nódulos de las plantas silenciadas con ODC no mostraron alteraciones en su estructura.

*Regulación de la expresión genética de poliaminas y la defensa antioxidante en hojas y nódulos de *Glicine max* con tolerancia diferencial al estrés por sequía.*

Objetivo evaluar el efecto del estrés hídrico sobre la biosíntesis y el catabolismo de las poliaminas y del sistema antioxidante en los nódulos y hojas en plantas de soya, tolerantes y sensibles al estrés hídrico. Las plantas crecieron en invernadero en condiciones naturales de luz (día/noche), con una temperatura promedio de 26°C. Los tratamientos de sequía (sin riego) comenzaron a los 15 días de edad y se prolongaron durante 4 y 10 días. Se determinó el contenido relativo de agua (CRA) del primer trifolio y se observó que en las plantas tolerantes fue menos afectado por el estrés hídrico que en las plantas sensibles. Es interesante destacar que luego de 10 días de sequía no se observaron diferencias significativas en la fijación de nitrógeno entre las plantas control y las estresadas en el genotipo tolerante. Así mismo la fijación de nitrógeno fue un 20% menor en las plantas sensibles comparadas con las tolerantes.

Para determinar la función de los diferentes genes de la biosíntesis y catabolismo de las poliaminas (PAs) en la tolerancia a la sequía, se realizaron PCR para comparar los niveles de los diferentes transcritos en condiciones de estrés comparadas con el control. El patrón de expresión de los genes de la biosíntesis y catabolismo de las PAs se puede separar en general en tres categorías:

Nódulos: *estrés inducible* (ADC) sólo en el genotipo tolerante; *constitutivos* (DAO y PAO) y *estrés reprimible* (ODC, SAMDC, SPD y SPM).

Hojas: *estrés inducible* (SPD, SPM y PAO), sólo en el genotipo tolerante y (PAO) en ambos genotipos; *constitutivo* (DAO) y *estrés reprimibles* (ADC, ODC, SAMDC, SPD y SPM). Cabe destacar que en las plantas control no hubo diferencias de expresión entre el genotipo tolerante y el sensible en la mayoría de los genes excepto para SPM en nódulos y ODC en hojas, cuya expresión en ambos casos fue mayor en el genotipo sensible. Así mismo la disminución en los niveles de transcritos en condiciones de sequía fue mayor en el genotipo sensible. En todos los casos se observó el mismo patrón de expresión a los 4 días de sequía, sólo que las diferencias se acentuaron después de 10 días de estrés.

Cambios en las actividades enzimáticas: El estrés hídrico aumentó las actividades de ADC y SPD en las hojas de las plantas tolerantes. No hubo diferencias en las actividades de ODC entre las plantas control y las estresadas.

Contenido de PAS libres: similar a los cambios en las actividades de las enzimas, el contenido en los niveles de las Pas libres (put, spd y spm) fue mayor en el genotipo tolerante comparado con el sensible.

Con respecto a los patrones de expresión de las enzimas del sistema antioxidante evaluadas (CAT, CuZnSOD, MnSOD, APX y GR) no se observó en ningún caso inducción de su expresión en condiciones de sequía tanto en nódulos como en hojas. El único dato relevante es que los niveles del transcritos de la CuZnSOD son mayores en las hojas y nódulos del genotipo sensible comparado con el tolerante tanto en los controles en agua como en sequía

Recientemente en colaboración con el Dr Miguel Angel Ramirez hemos iniciado un proyecto en colaboración en el cual estamos caracterizando a nivel transcripcional por medio de la tecnología del RNA seq los dos genotipos de soya que poseen una sensibilidad diferente frente al estrés hídrico.

En este momento se están haciendo los análisis computacionales de las secuencias obtenidas.

El objetivo de este trabajo es identificar las vías metabólicas que están más afectadas por la sequía y que responden de manera diferente en el genotipo sensible comparado con el tolerante.

Bioingeniería de la vía de transducción de señales para la fijación simbiótica en arroz

En los últimos años ha habido un enorme progreso en la comprensión del mecanismo de transducción de señales temprana que originan la simbiosis rizobial en leguminosas. Aprovechando esta información, recientemente hemos iniciado un proyecto para construir la vía de señalización simbiótica temprana en arroz. Este trabajo debería promover una respuesta compatible del arroz a la inoculación rizobial y permitir una mejor apreciación de la habilidad de nodulación del arroz. Esta investigación proveerá información valiosa acerca de la factibilidad de la construcción de arroz nodulante y proveerá elementos para saber los requerimientos adicionales necesarios para llevar esta idea a nivel agrícola.

En este proyecto participan la estudiante de doctorado, M. en C. Alma Altúzar, la estudiante del propedéutico del doctorado, Lic. Marlene Ortiz Berrocal, y el estudiante de licenciatura Rigoberto Medina Andrés.

Avances

Transformación de callos de arroz con genes involucrados en la vía de señalización de la nodulación mediante la utilización de A. tumefaciens o biobalística: Se trabajó la técnica de cultivo de tejidos para transformar callos embriogénicos de arroz con los siguientes vectores: 1) RMh (*hpt*), 2) RMheG (*hpt+E11P-GUS*), 3) PhL (*hpt+LNP+LYK3+NFP*), 4) J5hL (*hpt+LNP+LYK3+NFP+DMI2*), 5) PhLeGCM (*hpt+LNP+LYK3+NFP+E11P-GUS+Cameleon3.6*), 6) PhLeGHP (*hpt+LNP+LYK3+NFP+E11P-GUS+Hyper*), 7) J5hLeGCM (*hpt+LNP+LYK3+NFP+DMI2+E11P-GUS+Cameleon3.6*), 8) J5hLeGHP (*hpt+LNP+LYK3+NFP+DMI2+E11P-GUS+Hyper*), 9) Rhe-ALM (*hpt+E11P-GUS+HK1**), 10) Rhe-CDM (*hpt+E11P-GUS+DMI3**), 11) Rhe-ALM-CDM (*hpt+E11P-GUS+DMI3*+LHK1**), 12) Rhe-ALM-CDM-etr1-1 (*hpt+E11P-GUS+etr1-1+DMI3*+LHK1**), 13) Rhe-ALM-CDM-abi1-1 (*hpt+E11P-GUS+abi1-1+DMI3*+LHK1**), 14) RheN1-2 (*hpt+E11P-GUS+NSP2+NSP1*), 15) RheN1-2E (*hpt+E11P-GUS+ERN1+NSP2+NSP1*), 16) RheN1-2EN (*hpt+E11P-GUS+NIN+ERN1+NSP2+NSP1*) y 17) OMEGA (*OcsP-hpt+E11GP-GUS+Cc1P-NSP1+Rcg2P-NSP2+GOS2-ERN+NINP-NIN+ENOD40P-ENOD40*).

Hasta el momento se han confirmado (a través de la técnica de PCR) las siguientes plantas transformadas: 6 RMh, 10 RMheG, 10 RMHEGHP, 59 Rhe-ALM-CDM-etr1-1, 30 Rhe-ALM-CDM, 61 RheN1-2 y 28 RheN1-2E, las cuales se encuentran en condiciones de invernadero para la producción de semillas de la F1 para experimentos posteriores.

Análisis de la expresión de los transgenes por RT-PCR: El análisis de la expresión de los transgenes por RT-PCR, a partir de cADN de hojas de las plantas transformadas, mostró una expresión adecuada de los genes controlados por promotores constitutivos (*Hyper*, *LHK1*, *abi1-1*, *NSP1*, *NSP2* y *ERN1*). Por otro lado, la expresión de GUS, el cual es controlado por el promotor inducible *E11*, solamente fue observada en plantas transformadas con Rhe-ALM-CDM-abi1-1, RheN1-2 y RheN1-2E en contraste con las plantas control (RMheG y RMHEGHP).

Conclusión del trabajo relacionado con la generación de plantas transformadas de arroz con los vectores pendientes.

Finalización del trabajo relacionado con la determinación del número de líneas transgénicas independientes usando análisis tipo Southern y determinación de los niveles de expresión de los transgenes en arroz por RT-PCR.

Determinación de los flujos de calcio y especies de oxígeno reactivas (ROS) en las raíces de las plantas transgénicas de arroz que expresan los genes receptores tipo cinasa en respuesta a la aplicación exógena de los factores Nod. Este trabajo será realizado en colaboración con el Dr. Luis Cárdenas (Instituto de Biotecnología).

Determinación de la activación del promotor de *ENOD11* en respuesta a la inoculación con rizobia o con los factores Nod en las raíces de arroz que expresan los receptores tipo cinasas y los factores de transcripción.

Identificación y análisis funcional comparativo de los componentes genéticos de la vía común de transducción de señales micorriza/rizobia en Medicago truncatula y arroz

La mayoría de las plantas terrestres, incluyendo al arroz, son capaces de establecer asociaciones simbióticas con hongos micorrícicos, la cual forma micorrizas arbusculares (MA) que incrementan la absorción de fósforo principalmente. Por su parte las leguminosas, además de establecer la endosimbiosis con MA, son capaces de formar simbiosis con rizobia, para dar lugar a la formación de nódulos fijadores de nitrógeno en la raíz. Estudios recientes en leguminosas revelaron que algunos de los componentes genéticos como *SYMRK*, *POLLUX/LjCASTOR*, *NUP85*, *NUP133*, *CCamK* y *CYCLOPS* son indispensables para la formación exitosa de MA, así como para el desarrollo de la simbiosis leguminosa:rizobia, integrando de esta forma una vía simbiótica común (VSC) para ambos tipos de interacciones.

Aunque nuestro conocimiento acerca de la transducción de señales en leguminosas avanza gradualmente, actualmente no se conoce mucho acerca de la interacción de proteínas que participan en la señalización de la VSC. Por lo anterior, hemos iniciado el proyecto “Identificación y análisis comparativo funcional de los componentes genéticos de la vía común de transducción de señales micorriza/rizobia en leguminosas y arroz” para establecer si la transducción de señales en la VSC se lleva a cabo a través de interacciones entre las proteínas derivadas de los genes *SYMRK*, *CASTOR/POLLUX*, *CCaMK* o *CYCLOPS* o a través de otras proteínas celulares que interaccionan con estas proteínas en el ambiente celular de leguminosas o de arroz. En el proyecto se planea determinar si las proteínas que interaccionan con los componentes proteicos previamente mencionados varían dependiendo de la naturaleza de la señal generada por los microsimbiontes, así como delinear su papel en la transmisión de señales a través de la VSC.

En este proyecto participarán el posdoctorado Dr. Manoj Kumar Arthikala y la estudiante de doctorado M. en C. Alma Altúzar Molina.

Objetivo

El objetivo de este proyecto es delinear los eventos/mecanismos que promueven el curso de la transducción de señales a través de una vía común (particularmente a través de las proteínas principales *SYMRK*, *CCaMK* y *CYCLOPS*) durante el desarrollo de la simbiosis FN/MA en *Medicago* y la simbiosis MA en arroz.

Dicho objetivo se alcanzará a través de las siguientes estrategias: (A) Aislamiento de proteínas interaccionantes (con *MtSYMRK* /*OsSYMRK*, *MtCCaMK* /*OsCCaMK* y *MtCYCLOPS*/*OsCYCLOPS*) por el sistema de dos híbridos de levadura y (B) Caracterización funcional de los genes de las proteínas interaccionantes por el sistema de RNAi en leguminosas.

Avances

Con el fin de identificar las proteínas que interactúan con MtSYMRK/OsSYMRK y MtCCaMK/OsCCaMK en *M. truncatula* y arroz se utilizaron fragmentos procesados de los cADNs de esos genes como carnadas para analizar en bibliotecas de cADN de raíces micorrizadas de arroz y de *Medicago* (cada gen con la biblioteca correspondiente y recíproca). Más de 8000 clonas mostrando interacciones fuertes con los cebos SYMRK y CCaMK fueron aisladas de la biblioteca de arroz y se obtuvieron secuencias de cerca de 300 clonas (el trabajo de secuenciación se realiza en colaboración con el Dr. Victor González).

La identificación de las proteínas interaccionantes se realizó mediante el análisis de las secuencias por BLAST, de las clonas derivadas de las bibliotecas de arroz y medicago contra sus bases de datos correspondientes.

Concluir la secuenciación de las clonas aisladas de las bibliotecas de *Medicago* y arroz e identificar las proteínas interaccionantes usando BLAST contra bibliotecas de ADN de ambas plantas.

Análisis funcional de los genes seleccionados usando la tecnología del RNAi (que se propone usar en un sistema de raíces peludas en *Medicago*).

Evaluar la expresión diferencial de esos genes bajo diferentes condiciones simbióticas usando RT-PCR.

Localizar *in vivo* las proteínas interaccionantes para delimitar su sitio de acción en la célula.

Genómica Funcional de Procariotes

Coevolución molecular y funcional de los genomas de Rhizobiales y Análisis genómico de la sustitución de genes ortólogos de la síntesis de arginina. C. Vargas, R. Díaz, M. L. Girard, Y. Mora, H. Peralta, G. Guerrero, A. Aguilar, J. Mora.

En 2010 se continuó con el proyecto sobre el Análisis genómico de Rhizobiales. Se terminaron los análisis respectivos a la variación de secuencia entre los ortólogos de cinco especies de Rhizobiales y la determinación del significado funcional evaluado con matrices que miden el cambio fisicoquímico residuo por residuo en polaridad, estructura secundaria, volumen, carga y composición típica de proteínas (Atchley 2005). Entre los hallazgos destacan: alta correlación de la firma de las especies con la tasa de sustitución no sinónima; abundancia específica de genes con menor dN para funciones de información y metabolismo; correlación de la dispersión de valores de las matrices con la firma de las especies; mediante clustering de los resultados de las matrices los ortólogos mostraron una asociación de perfiles fisicoquímicos algo diferente a la filogenética con mayor abundancia de la asociación *Agrobacterium-S. meliloti*, *Brucella* aparece más diferente en polaridad y carga (posiblemente por la mayor basicidad de los productos de organismos intracelulares como ya está reportado) y con menor composición típica de aminoácidos (explicable por la degradación del genoma en bacterias intracelulares). Preparamos los resultados para publicación que se encuentran en el manuscrito *Ortholog variability determines physico-chemical properties and functional specificity in Rhizobiales species*, por Humberto Peralta, Gabriela Guerrero, Alejandro Aguilar y Jaime Mora. Fue enviado a la revista PLoS ONE el 16 de diciembre de 2010 y se encuentra en revisión.

Adicionalmente se realizó una serie de análisis para el proyecto Análisis global de la adaptación funcional de *R. etli* mediante sustitución sistemática de genes (apoyado por DGAPA-UNAM con el donativo PAPIIT IN212710). Se realizó una comparación genómica entre cuatro secuencias de Rhizobiaceas pertenecientes a *S. meliloti* 1021 (cepa tipo y el organismo modelo del grupo), *A. tumefaciens* C58, *R. etli* (cepas CFN42 y CIAT652). El objetivo es tener información acerca del nivel de conservación de los genes ortólogos para decidir qué genes son más susceptibles de sustituirse mediante *recombineering* y de esta manera estudiar el efecto de las secuencias específicas de los ortólogos en otro fondo genómico.

Mediante corridas genómicas de Fasta all vs all se obtuvo una serie de datos que identifica las relaciones de ortología de los genes en replicones entre los organismos. Entre las cepas de *Re* se detectaron 4535 ortólogos. En la comparación de *At* y las cepas de *Re* se detectaron 2782 ortólogos. En la comparación de *Sm* con las cepas de *Re* se detectaron 2977 ortólogos. En la comparación de *At* y *Sm* 3053 genes. La combinación de los anteriores resultados dio como total de ortólogos, comunes a los cuatro genomas, 2307 genes. De este grupo de genes comunes cromosomales saldrán los candidatos para sustituirse.

Adicionalmente, el análisis contempló una comparación de conservación de la secuencia entre los ortólogos comunes. Lo anterior se realizó de dos maneras: por identidad a nivel de aminoácido (que es la forma usual), y por firma de la especie, que es un parámetro propuesto por nuestro grupo (Guerrero 2005, Díaz 2011), con el que se extrae la cantidad de residuos que son más particulares para una especie dada y que consideramos han sido adquiridos mediante adaptación; posiblemente tienen un significado funcional. Los datos de identidad se analizaron mediante curvas de distribución.

En las diversas comparaciones de pares, como *Re* CIAT652-*At*, *Re* CFN-*Sm*, *Re* CIAT-*Sm* y *Sm*-*At*, se pudo observar una tendencia de identidad similar, con picos máximos en 70-75% y 80-85%. El análisis de firma muestra la cantidad de residuos específicos para cada especie que posiblemente derivan de la adaptación. En este caso, la cepa CIAT652 tuvo la mayor cantidad de ortólogos con menor firma, 949 (entre 0 y 2%), seguida por la cepa CFN42 con 941. Las dos cepas muestran casi la misma distribución. Se realizó el análisis de sintenia entre las secuencias cromosomales en cuestión. En el caso de las cepas de *Re*, se encontró que el 98% (3389) de los genes ortólogos comunes eran sinténicos, lo que sumado al nivel de identidad mencionado (con pico máximo en 100%) refleja el alto nivel de parecido cromosomal entre estas dos cepas. Las regiones sinténicas comunes entre los cuatro cromosomas se utilizan para el proceso de selección de genes candidatos.

En el enfoque experimental se terminaron los ensayos para determinar el efecto de la sustitución de un gene sinténico, *argC*, en *S. meliloti* y complementación con los ortólogos de los diversos *Rhizobiales* en estudio. La complementación funcional se analizó por crecimiento, tiempo de duplicación, excreción de metabolitos, actividad enzimática de ArgC y novedosos parámetros como la eficiencia de traducción, detección directa de la proteína ArgC y transcripción del mensajero. Entre los resultados más importantes se encuentran: la secuencia codificadora tiene un papel importante en la dinámica transcripcional, posiblemente debido a la formación de estructuras secundarias del mRNA y al uso de codones (este efecto ha sido reportado recientemente en *E. coli*), la repercusión más importante es que la eficiencia traduccional es diferente para cada versión del ortólogo aún cuando son transcritos desde el mismo promotor; se describió el primer promotor para *argC* en *Rhizobiales*; la capacidad de complementación está relacionada al menor tamaño de firma pero hay otros efectos que son inesperados en la actividad de la enzima porque la secuencia de *A. tumefaciens*, con similar firma que *R. etli*, produjo una menor complementación bajo el promotor de *speB* (de *Sm*). Así mismo se realizaron los perfiles proteicos expresados por estas cepas en particular, perfiles en los que ha sido posible localizar e identificar mediante espectrometría de masas (MALDI-TOF) y programa MASCOT a la proteína ArgC de cada especie.

Los resultados se publicaron en el artículo *argC* orthologs from *Rhizobiales* show diverse profiles of transcriptional efficiency and functionality in *Sinorhizobium meliloti* por Rafael Díaz, Carmen Vargas-Lagunas, Miguel Angel Villalobos, Humberto Peralta, Yolanda Mora, Sergio Encarnación, Lourdes Girard, Jaime Mora, en *J. Bacteriology* (2011) 193:460-472.

Como parte de una nueva línea de trabajo sobre la modificación postraduccional de ArgC y su actividad biológica, se encontraron resultados interesantes para la complementación del *argC* de *S. meliloti*, ya que el ORF está anotado con un segmento adicional de 66 nucleótidos, lo que podría representar un segundo inicio de traducción adicionalmente al primer sitio anotado y que es el que mantiene completa homología al resto de *argCs*. Se encontraron diferencias en cantidad de proteína con uno (PM 33298 Da, pI 5.99) o dos sitios (35836 Da, pI 6.0) y diferente patrón de fosforilación postraduccional, la cual está presente únicamente en la versión con dos sitios. Adicionalmente, *A. tumefaciens* también presenta dos potenciales sitios de inicio de traducción, con una separación entre sí de 21 nucleótidos. La proteína con un sitio es de 33270 Da y pI 5.39, en tanto que la de dos sitios es de 34172 Da y pI 5.52. En ambos casos se encontraron fosforilaciones.

Para las proteínas de *M. loti* no se encontraron fosforilaciones, pero sí dos modificaciones postraducionales que alteraron el peso nativo de la proteína. La de *R. etli* no mostró modificaciones postraducionales. Al parecer, las fosforilaciones dependen del número de copias.

De manera importante, la versión ArgC de *S. meliloti* con dos sitios de inicio de traducción y expresada con el *pspeB* mostró una mayor capacidad de fijación de nitrógeno, lo cual indica una actividad biológica de ese segmento. Se continuarán y repetirán los ensayos para demostrar lo anterior con mayor precisión.

Análisis de la expresión del genoma de R. etli en vida libre y en simbiosis. E. Salazar, M. Hernández, G. Martínez, S. Contreras, Y. Mora, S. Encarnación, J. Mora.

En este proyecto se estudiaron diversas condiciones en vida libre y en simbiosis de *Rhizobium*, especialmente el efecto de una mutación en el gene regulador general de la fijación de nitrógeno, NifA. Este proyecto forma parte de la tesis del alumno del Doctorado en Ciencias Biomédicas, Emmanuel Salazar, que se encuentra en trámites de titulación. Los resultados se publicaron en el trabajo Characterization of the NifA-RpoN regulon in *Rhizobium etli* in free life and in symbiosis with *Phaseolus vulgaris* por Emmanuel Salazar, Javier Díaz-Mejía, Gabriel Moreno-Hagelsieb, Gabriel Martínez-Batallar, Yolanda Mora, Jaime Mora, y Sergio Encarnación, Applied and Environmental Microbiology 76:4510-4520, julio de 2010.

Regulación de la biosíntesis de arginina en Sinorhizobium meliloti Rm1021.

En este año hemos concentrado nuestros esfuerzos en la clonación, sobreexpresión, purificación y caracterización de la ornitina acetiltransferasa (ArgJ) y *N*-acetilornitina deacetilasa (ArgE) de la cepa Rm1021. Estos resultados están descritos en un manuscrito (Cruz, A., L. Girard and M. F. Dunn. Biochemical characterization of the ornithine *N*-acetyltransferase (ArgJ) from *Sinorhizobium meliloti* Rm1021) que estamos modificando para re-enviar al FEMS Microbiol. Lett. En breve, los resultados son los siguientes: (i). El ORF SMc02450 codificando una *N*-ornitina acetiltransferasa predicha (ArgJ) fue clonado por medio de PCR, sobreexpresado en *Escherichia coli* BL21(DE3) como proteína fusionada con el péptido 6His-Sumo y purificado por medio de cromatografía de afinidad con posterior remoción de la etiqueta 6His-Sumo. La misma estrategia fue utilizada en la sobreexpresión y purificación de la *N*-acetilornitina deacetilasa (ArgE, producto de ORF SMA1836) predicha. (ii). La ArgJ recombinante se produjo como dos péptidos (α , 23 kDa y β , 25 kDa, determinados por medio de SDS-PAGE) debido a un proceso de autoproteólisis. A su vez, estos péptidos forman la enzima activa ($\alpha\beta_2$ de 98 kDa, determinada por medio de cromatografía de gel). (iii). La ArgJ purificada posee actividad ornitina acetiltransferasa (V_{\max} 2154 nmol min⁻¹ mg protein⁻¹, K_M *N*-acetylornithine 2.1 mM and K_M L-glutamate 8.2 mM) pero no es capaz de sintetizar *N*-acetilglutamato a partir de glutamato y acetyl-CoA, lo cual indica que la enzima pertenece a la clase de ArgJs monofuncionales. (iv). La ArgJ purificada fue inhibida por la

ornitina (I_{50} of 2.4 mM) pero no por la arginina, *N*-acetilglutamato o citrulina. (v). La mutante Rm1021 *argJ::ΩKm* que carece de la actividad de ArgJ no mostró auxotrofia para la arginina. Nuestra hipótesis para explicar este resultado es que la actividad de *N*-acetilornitina deacetilada (ArgE) compensa la ausencia de actividad ArgJ en la mutante. Sin embargo, nuestros ensayos bioquímicos (con un ensayo basado en la detección de ornitina con ninhidrina) no detectaron la actividad de la ArgE en extractos preparados de la cepa silvestre, la mutante *argJ::ΩKm* o en la ArgE purificada. (vi). Una posible *N*-acetilglutamato sintasa de forma corta (Arg(A)), codificada por el SMc02449, ocurre río abajo y parcialmente traslapada la *argJ* pero está transcrita normalmente en la mutante *argJ::ΩKm*, indicando que la inserción en el *argJ* no tiene efecto polar sobre la transcripción de este gen.

En relación con otras enzimas de la vía de biosíntesis de arginina en *Sinorhizobium*, hemos clonado y purificado las *N*-acetilglutamato cinasas de *S. meliloti* (SMc01726) y de *Mesorhizobium loti* MAFF303099 (mlr4826) para abordar un estudio de cinética comparativa de las dos enzimas. Resultados previos sugieren que hay importantes diferencias en el grado de inhibición de estas enzimas por la arginina, al menos en extractos crudos. El objetivo es caracterizar cada enzima purificada (con posterior remoción de la etiqueta 6His-Sumo) para confirmar que estas diferencias realmente existen.

En el genoma de Rm1021 existen dos genes (SMc01017 y SMc02449) codificando posibles *N*-acetilglutamato sintasas de formas truncadas (Arg(A)s). Hemos clonado, sobreexpresado y purificado (con etiqueta 6His-Sumo) cada enzima con la finalidad de determinar si estas enzimas realmente tienen actividad *N*-acetilglutamato sintetasa. Debido a que la ArgJ es una enzima monofuncional, una actividad Arg(A) debe existir en *S. meliloti* para iniciar el flujo de carbono a través de la vía.

Los experimentos siguientes quedan por realizarse: (i). Mostrar la actividad de ArgE y Arg(A) en extractos de la cepa silvestre o la mutante *argJ*. También voy a incluir ensayos para estas actividades utilizando las enzimas purificadas. Tenemos otro protocolo para la determinación de la actividad ArgE que creo que va a ser mas sensible que el ensayo utilizado en experimentos anteriores. (ii). Mostrar que la posible *arg(A)* que traslapa la *argJ* está expresada en la mutante *argJ::ΩKm*. Como menciono anteriormente, tenemos datos obtenidos con fusiones transcripcionales con *gusA* que muestran que la inserción en el *argJ* no tiene efecto polar sobre la expresión del posible *arg(A)* ubicado río abajo.

Otros pendientes: (i). Determinación de la cinética comparativa de los ArgBs purificadas de *S. meliloti* y *M. loti*. (ii). Ensayos enzimáticos con las posibles Arg(A)s purificadas para detectar actividad de *N*-acetilglutamato sintasa. (iii). Ensayos para detectar la actividad de la ArgE (en extractos y en enzima purificada) utilizando un método de ensayo de más alta sensibilidad. (iv). Hemos casi terminado la construcción de mutantes (deleciones) de la *argE* y *argA* en *E. coli* BL21(DE3) para usarlos en estudios de complementación funcional con los genes *arg(A)s* y *argJ* de *S. meliloti*. (v). Analisis computacional del genoma de *S. meliloti* para identificar posibles reguladores de la biosíntesis de arginina con posterior comprobación experimental.

Determinación del papel biológico de la rizavidina (RavA) en Rhizobium etli CE3.

Este es el proyecto de licenciatura de la alumna Alejandra Arteaga Ide. Hemos construido una mutante *ravA::loxSp* y estamos en el proceso de determinar su cinética de crecimiento en comparación con la cepa silvestre y la mutante *ravA::loxSp* complementada con el *ravA* clonado en plásmido. En experimentos posteriores queremos determinar la habilidad de estas cepas para nodular frijol en experimentos de competencia. También estamos construyendo fusiones de la *ravA* con *gusA* para determinar la expresión del *ravA* en respuesta a la biotina exógena. Hemos clonado y purificado la RavA con etiqueta 6His-Sumo para posterior remoción de la etiqueta de afinidad y tenemos planeado el uso de la proteína purificada para determinar su efecto sobre el crecimiento de *R. etli* versus *Rhizobium tropici* (que no produce la rizavidina) en cultivos suplementados con la rizavidina exógena. Esperamos que los resultados de estos experimentos puedan proporcionar una idea acerca del papel biológico de esta proteína. Nuestra hipótesis de trabajo es que la RavA funciona en defensa de la *R. etli* contra otros microorganismos en el ambiente.

Potencialización de Streptomyces spp. para control biológico de Sigatoka negra con genes de prodigiosina y quitinasas de Serratia marcescens.

La responsable de este proyecto es la Dra. Griselda Karina Guillén Navarro, investigadora de El Colegio de la Frontera Sur. Por casi un año una alumna de este grupo, Martha Gutiérrez Román, ha estado trabajando en nuestro laboratorio en la caracterización enzimática de la quitinasas producidas por las especies de *Streptomyces* y *S. marcescens*. Gracias a los análisis de extractos crudos de cultivos inducidos con quitina por medio de cromatografía de gel y de intercambio aniónico, sabemos el número de quitinasas producidas por cada cepa y un poco sobre sus propiedades generales. Recientemente, hemos clonado (utilizando oligonucleótidos degenerados) y sobreexpresado las chitinasas B y C de *S. marcescens* cepa B2 para su posterior purificación y caracterización enzimática. Estamos trabajando en la clonación y sobreexpresión de la quitinasa A.

Se envió un manuscrito al World J. Microbiol. Biotechnol. el 21 de diciembre de 2010, que abarca la primer parte de nuestro trabajo (Gutiérrez-Román M. I., F. Holguín Meléndez, R. Bello Mendoza, K. Guillen-Navarro, **M. F. Dunn**, and G. Huerta Palacios. Production of prodigiosin and chitinases by tropical *Serratia marcescens* strains with potential to control plant pathogens).

Análisis funcional de las reductasas NirK y NorC de R. etli CFN42.

Rhizobium etli no tiene la capacidad de utilizar nitrato para respirar y carece actividad de nitrato reductasa. Las enzimas necesarias para llevar a cabo la reducción del nitrato no están codificadas en su genoma. En este trabajo llevamos a cabo la caracterización genética y funcional de las reductasas codificadas en *R. etli* CFN42. Mediante fusiones transcripcionales y experimentos de RT-PCR, determinamos que en vida libre *R. etli* regula la respuesta a óxidos de nitrógeno mediante la expresión coordinada de los genes *nirK* y *norC*. La expresión de estos genes en condiciones microaeróbicas es mediada por el regulador FixKf mientras que, para su inducción en respuesta a óxidos de nitrógeno se requiere del regulador NnrR. La regulación de estos genes mediada por NnrR presenta un patrón diferencial; mientras que en una mutante en *nnrR* no detectamos expresión microaeróbica de *norCB*, la expresión de *nirK* se mantiene. Nuestros resultados muestran que *nirK* está sujeto tanto a regulación positiva como a regulación negativa, mediada de forma positiva por los reguladores FixKf y NnrR, y de forma negativa por NifA. El arreglo genómico en el mismo operón de los genes *nirK* y *nnrR* en *R. etli*, sugiere que NnrR controla su propia expresión en respuesta al NO. La actividad de la nitrito reductasa y la expresión de *norC* son dependientes de NnrR. Por lo tanto, la expresión génica en respuesta al NO está finamente regulada en *R. etli* para prevenir los efectos deletéreos de la expresión de *nirK*.

El análisis funcional de las cepas *nirK*- y *norC*- mostró que las enzimas codificadas por estos genes son necesarias para reducir el nitrito y el óxido nítrico en condiciones microaeróbicas. En simbiosis, encontramos que la mutación en *norC* afecta la actividad de nitrogenasa cuando las plantas inoculadas con esta cepa crecen en presencia de nitrato. Esta disminución en actividad específica de nitrogenasa no se observa en las plantas inoculadas con la cepa mutante en *nirK*. Interesantemente, en estas condiciones se observa un aumento en la formación de complejos nitrosil-leghemoglobina en las cepas silvestre y mutante en *norC*. Nuestros resultados claramente demuestran que en *R. etli* se requiere el producto de *norC* para la destoxificación de óxido nítrico y que el nivel de tolerancia a éste está determinado por el balance de las actividades de NirK y NorC.

Estos resultados son la parte medular del artículo titulado “Regulation and Symbiotic Role of *nirK* and *norC* Expression in *Rhizobium etli*. Nicolás Gómez-Hernández, Alma Reyes-González, Cristina Sánchez, Yolanda Mora, María J. Delgado, and Lourdes Girard. Artículo aceptado para publicación en Octubre, 2010 (MPMI Vol. 24, No. 2, en prensa).

Este es el trabajo de tesis del alumno del Doctorado en Ciencias Biomédicas de la UNAM Nicolás Gómez Hernández, quien presentará su examen de grado en breve.

Análisis global del control transcripcional mediado por las proteínas tipo FNR StoRd y StoRf de R.etli.

En *Rhizobium etli* CFN42, la cascada de regulación inicia con un sistema de dos componentes, en el cual se ha reportado la presencia de una proteína sensora híbrida cuyo regulador de la respuesta cognado no ha sido descrito. Este sistema es indispensable para activar la expresión de *fixKf* que funciona como un activador tanto del operón *fixNOQPd* como de otros 4 reguladores de la familia CRP/FNR presentes en esta bacteria y que participan en la regulación del operón *fixNOQPd*. Dos de ellos, StoRd y StoRf, regulan negativamente la expresión de dicho operón, mientras que FnrNch y FnrNd en condiciones especiales lo regulan positivamente.

El objetivo principal de este trabajo es determinar el probable sitio de unión del (os) regulador (es) positivo y/o negativo del operón *fixNOQPd* de *R. etli* CFN42. En esta región reguladora identificamos una caja de anaerobiosis localizada a -41 pb del sitio de inicio de la transcripción, idéntica al consenso de FNR de *E. coli* (TTGAN6TCAA). Para determinar la participación de esta secuencia como sitio de reconocimiento de los reguladores que controlan la expresión de este operón, introducimos cambios puntuales para generar un sitio de reconocimiento de FixKf pero no de los reguladores StoR. Los resultados muestran que los cambios efectuados en esta caja ocasionan pérdida de la expresión. Dado que los nucleótidos que bordean esta caja son diferentes, podemos suponer que probablemente sean necesarios para el adecuado reconocimiento por el regulador transcripcional. Para analizar la presencia de otros sitios de regulación diferentes a la caja de anaerobiosis, se diseñaron fusiones transcripcionales que llevan diferentes fragmentos de esta región reguladora y se analizó su expresión en un fondo genético silvestre y en las cepas mutantes en los reguladores negativos StoRd y StoRf. Resultados preliminares sugieren que existen elementos importantes para la represión del operón por estas proteínas en la región río arriba de la caja de anaerobiosis. Lo anterior nos permite sugerir un modelo en el cual existen al menos dos cajas de regulación río arriba del inicio de transcripción del operón *fixNOQPd*, una probablemente involucrada en la represión y otra en la activación.

Este proyecto forma parte del trabajo de Tesis del alumno del Doctorado en Ciencias Biomédicas de la UNAM David Zamorano Sánchez, quien obtuvo la Candidatura al grado de Doctor el pasado mes de Octubre.

Análisis funcional del sistema regulatorio de dos componentes ActS/ActR de R. etli CFN42.

Las proteínas ActS-ActR, identificadas inicialmente en *Sinorhizobium meliloti* como esenciales para la tolerancia al ácido, pertenecen a la familia de sistemas de transducción de señales de dos componentes, implicados en regulación global en α -proteobacterias. Homólogos a estas proteínas son los reguladores RegB-RegA de *Rhodobacter capsulatus* y RegS-RegR de *Bradyrhizobium japonicum*.

El análisis de la secuencia completa de *R. etli* CFN42, muestra que existen genes con homología a *actS* y *actR*, sin que hasta el momento se haya reportado un análisis funcional de los mismos. Como se mencionó anteriormente, en *S. meliloti* y en *B. japonicum* estas proteínas participan en la regulación de genes involucrados en la fijación de nitrógeno. Por lo tanto, el objetivo principal de este proyecto es la caracterización funcional de ActS y ActR de *R. etli* CFN42 y determinar si participan en el control de la expresión de genes implicados en el proceso de fijación de nitrógeno. El análisis de la región del cromosoma de *R. etli* donde están localizados los genes *actS* y *actR*, sugiere que estos forman parte de un operón con los genes *ocdch1* (ornitina ciclodeaminasa) y *helO* (helicasa HrpA-like). Para definir la localización del o los promotores que controlan su expresión, se construyeron diferentes fusiones transcripcionales utilizando *gus* como gen reportero. El análisis de expresión se llevó a cabo inicialmente en el fondo silvestre en condiciones de alto y bajo oxígeno. Nuestros resultados muestran que existen al menos dos promotores (P1 y P2) el P1 localizado río arriba de *ocdch1* y el P2 río arriba de *actR*, dentro de la región codificante de *actS*. La expresión de ambos promotores en un fondo silvestre se induce en condiciones de bajo oxígeno. Experimentos futuros están planeados para la caracterización de dichos promotores. Para determinar si en *R. etli*, ActR participa en el control de la expresión de *fixKf*, comparamos la expresión microaeróbica de este gen en una cepa de *R. etli* silvestre y una cepa mutada en *actR*. Nuestros resultados muestran que el nivel de expresión en condiciones microaeróbicas del gen *fixKf* disminuye 5 veces en una mutante ActR. Por lo tanto, ActR es necesario para la máxima inducción

de la expresión de *fixKf* en condiciones de limitación de O₂. La región río arriba de *fixKf* muestra la presencia de una caja de anaerobiosis, la cual es reconocida por reguladores de la familia CRP/FNR y tres posibles cajas de reconocimiento de ActR. Actualmente estamos realizando un análisis de expresión con diferentes fragmentos de esta región para determinar el papel que cada uno de estos elementos genéticos tiene en el control de la expresión de *fixKf* en *R. etli*.

Este proyecto forma parte del trabajo de Tesis de la alumna del Doctorado en Ciencias de la UAEM Alma R. Reyes González, quien obtuvo la Candidatura al grado de Doctor el pasado mes de Noviembre.

Estudio funcional y fenotípico de una mutante FNR de Rhizobium etli CE3.

Rhizobium etli CFN42 induce la formación de nódulos fijadores de nitrógeno en las raíces de plantas de frijol (*Phaseolus vulgaris*). En esta bacteria la cascada de regulación de genes *fix* involucra a una proteína FixL atípica sin la participación de un homólogo estructural a FixJ y al menos a cinco reguladores tipo Fnr. El análisis de la secuencia de *R. etli* revela la presencia de 8 genes que codifican para proteínas de la familia CRP/FNR localizados en tres diferentes replicones (cromosoma, pf y pd). La función que estas proteínas desempeñan en vida libre y en simbiosis no ha sido estudiada a fondo. Interesantemente, mutaciones en algunos de estos reguladores afectan de diferente manera la eficiencia de la cepa para fijar nitrógeno. Esta especialización de proteínas de la misma familia es reflejo de la complejidad de la red de regulación en respuesta a una tensión baja de oxígeno. El objetivo de este proyecto es analizar la respuesta a nivel de expresión genética global de *R. etli* CE3 mediada por los reguladores tipo FNR y sus consecuencias fenotípicas y forma parte de la Tesis de la Biol. Patricia Rivera Rosas, estudiante de la Maestría en Biotecnología en la UAM-Iztapalapa.

Caracterización de la Cascada de Regulación FixL/FixK en Rhizobium etli CFN42.

Parte de la respuesta a nivel de expresión transcripcional a los cambios en la concentración de oxígeno y la consecuente expresión de genes importantes para el proceso de fijación de nitrógeno es llevada a cabo en *Rhizobiales* por sistemas de regulación de dos componentes. Uno de ellos FixLJ, donde FixL es la cinasa de histidina sensora y FixJ es el regulador de la respuesta que activa la expresión de los reguladores maestros FixK y NifA. Para el caso de *R. etli* CFN42, hemos propuesto un modelo de regulación para la expresión de genes *fix* el cual integra la participación de genes únicos y reiterados, localizados en diferentes replicones de la cepa (pRet42d, pRet42f y cromosoma). Este circuito regulatorio muestra una gran complejidad además de características novedosas cuando se le compara con los sistemas de regulación reportados para *S. meliloti* y *B. japonicum*, considerados convencionales. Entre estas diferencias podemos destacar que la expresión del operón *fixNOQPd*, el cual codifica para la oxidasa terminal tipo *cbb₃*, que opera en condiciones simbióticas, está bajo el control de al menos 5 reguladores tipo FNR. Por otra parte, la cascada de regulación de los genes *fix* (cascada FixL/FixK) inicia con una proteína FixL atípica sin la participación de un homólogo estructural a FixJ. Característica que comparte con *R. leguminosarum* bv. *viciae*, sin que hasta el momento haya sido identificado el homólogo funcional a *fixJ*. Hemos realizado diferentes estrategias para identificar al regulador de la respuesta que controla la expresión de *fixK* en *R. etli* CFN42 y en *R. leguminosarum* bv. *viciae*. Nuestros resultados recientes indican que en el pRet42f, además de *fixL*, se encuentran codificados uno o mas elementos necesarios para la expresión de *fixKf*. El análisis de la secuencia de este plásmido revela la presencia de 15 reguladores de la respuesta. De estos, 3 forman sistemas de dos componentes canónicos, 3 forman un posible operón con una cinasa de histidina sensora, 9 son “huérfanos” y 5 están anotados como miembros de la familia LuxR/FixJ. En este sentido, iniciamos recientemente el análisis de expresión de *fixKf* en una serie de mutantes de *R. etli* que incluyen a diferentes reguladores de la respuesta codificados en el pRet42f y a *actR*. Nuestros resultados indican que en el pRet42f se encuentra codificado un regulador de la respuesta diferente a *fixJ* responsable de controlar la expresión de *fixKf*.

El alumno de Doctorado David Zamorano Sánchez, está escribiendo un artículo científico con estos resultados como parte de su tesis doctoral para enviarlo a publicación a una revista internacional con arbitraje.

Análisis proteómico y de pequeñas moléculas de interacciones entre procariotas y eucariotes.

Los organismos procariotes y eucariotes cohabitan en una gran variedad de ambientes, típicamente coexistiendo, compitiendo por recursos ó cooperando, en algunos casos físicamente asociados en comunidades conocidas como biofilms o biopelículas y otros realizando procesos simbióticos. Las interacciones entre eucariotes y procariotas pueden tener un efecto drástico en sobrevivencia, colonización, patogénesis y simbiosis. A pesar de la importancia de estas relaciones se conoce relativamente poco a nivel molecular del desarrollo y establecimiento de algún tipo de estas interacciones biológicas específicamente las realizadas entre hongos y bacterias.

Mediante herramientas de genómica funcional estamos analizando la interacción entre dos patógenos *Candida albicans*-*Pseudomonas aeruginosa*, una interacción de tipo comensalista entre *Saccharomyces cerevisiae*-*Rhizobium etli* y una interacción simbiótica entre *Phaseolus vulgaris* y *R. etli*. Hemos encontrado que en biofilms mixtos *P. aeruginosa* sobreexpresa proteínas involucradas en la síntesis del sideróforo pioverdina, receptores para hidroxamatos, proteínas de membrana externa involucradas en resistencia a drogas, proteasas, y enzimas que participan en el metabolismo de lípidos. Determinamos que la concentración de pioverdina es el doble en biofilms mixtos con respecto al biofilm monoespecífico de *P. aeruginosa*. Además, hemos observado que *C. albicans* secreta moléculas pequeñas que fuertemente inducen la síntesis de pioverdina. Interesantemente, una de estas moléculas puede unir iones de hierro sugiriendo que esta molécula es un sideróforo de *C. albicans*. Es importante notar que la competencia por el metal probablemente involucra un mecanismo por el cual la bacteria censa moléculas secretadas por su competidor. Nuestros resultados sugieren que la captura de hierro y los factores de virulencia de ambos organismos son mecanismos importantes en la competencia entre *P. aeruginosa* y *C. albicans*.

En la interacción entre *S. cerevisiae* y *R. etli* descubrimos que en cocultivo ambas especies forman un biofilm mixto más estable y estructurado, cuya biomasa es diez veces mayor con respecto a los biofilms monoespecíficos. El incremento en biomasa del biofilm mixto es el resultado del establecimiento de una interacción de tipo comensalista, en la cual sugerimos que la bacteria actúa como un comensal y levadura como el hospedero. Encontramos que esta interacción depende de la producción de al menos dos moléculas pequeñas secretadas por el hongo y del funcionamiento de genes codificados en el plásmido simbiótico de la bacteria. Utilizando cepas “knockout” de *S. cerevisiae*, identificamos la ruta de síntesis de las moléculas pequeñas. Además, hemos identificado el mecanismo por el cual una de estas moléculas es transportada al interior de la célula bacteriana. Desde nuestro punto de vista estos resultados son fundamentales para el entendimiento de las interacciones biológicas ya que consideramos que los elementos involucrados en estas interacciones no son necesariamente específicos de nuestros modelos de estudio. En bacterias fijadoras de nitrógeno como *Rhizobium etli* no se han reportado estudios de secretoma, este es un término usado para describir el proteoma de todas las proteínas secretadas, incluyendo las extracelulares, las de membranas y las periplasmáticas. La aplicación de la proteómica al estudio de estas proteínas en cada una de las etapas de crecimiento de la bacteria, podrá elucidar varias incógnitas sobre la función de proteínas extracelulares, así como la vía que utilizan para ser exportadas.

Adicionalmente hemos analizado el secretoma de *R. etli* con el objetivo de determinar el papel de las proteínas que lo constituyen en el funcionamiento celular de la bacteria. Se analizaron las proteínas secretadas en las fases de crecimiento exponencial y estacionario, la fracción periplásmica, y las que se secretan en vesículas de membrana externa (OMV).

El análisis del secretoma de *R. etli* inducido con naringenina, mostró una cantidad importante de proteínas similares a proteínas involucradas en simbiosis, reportadas previamente en la cepa *Bradyrhizobium* sp. BTAi1. Adicionalmente analizamos extractos butanólicos de las OMV purificadas en presencia y ausencia de naringenina, los resultados obtenidos mostraron que en las OMV encontramos estructuras similares a las reportadas para los factores de nodulación.

Estudios mediante genómica funcional del Cáncer cérvico-uterino.

El Cáncer Cérvico uterino constituye la segunda causa de muerte relacionada al cáncer en mujeres a nivel mundial, mientras que en México ocupa el primer lugar así como en otros países en vías de desarrollo. Su agente etiológico es el virus del papiloma humano (HPV), presentándose en $\geq 99.7\%$ de los tumores. Mecanismos moleculares de regulación en el cáncer a niveles genómicos y transcriptómicos han sido investigados con anterioridad. Sin embargo, los cambios en el proteoma durante el proceso tumorigénico han sido poco abordados.

En mi laboratorio se siguen diversas líneas de investigación con la intención de generar un conocimiento lo más integral posible que nos permita colaborar en la comprensión de la biología del cáncer cérvico uterino.

MicroRNAs codificados por el virus del papiloma humano.

Los microRNAs (miRNAs) son RNAs pequeños de ~22 nucleótidos, los cuales regulan la expresión de genes post-transcripcionalmente induciendo un silenciamiento traduccional o la degradación del mRNA de sus genes blanco. Se ha descubierto recientemente que algunos virus asociados con distintos tipos de Cáncer codifican miRNAs, como es el caso de: citomegalovirus, el virus de la enfermedad de Marek, el virus de Epstein-Barr, Poliomasvirus, SV40 y gamma-herpes virus en general. Además, se ha encontrado que estos miRNAs virales regulan genes del hospedero, controlando procesos como: diferenciación celular, proliferación y apoptosis entre otros.

Recientemente en nuestro laboratorio hemos encontrado candidatos a miRNAs que han sido identificados (2 en el genoma de HPV 16 y 8 en del HPV18); mediante el análisis y secuenciación masiva de extracciones de RNAs pequeños de las líneas celulares HeLa (HPV18 positiva) y SiHa (HPV16 positiva). Así mismo se realizó una predicción de los posibles blancos que poseen estos miRNAs con el programa TargetScan; ya que es el más confiable para la predicción de blancos debido a que toma en cuenta la conservación evolutiva del sitio de pegado del miRNA. Este análisis nos arrojó un total de 1,273 blancos para los miRNAs de HPV18 y 1,367 para los sugeridos de HPV16 teniendo un total de 280 blancos comunes. Con estos genes se realizó un análisis de sobrerepresentación de GOs con el objetivo de identificar los procesos más afectados con base en la función de los genes blanco. Se obtuvo que procesos como el arresto del ciclo celular, regulación negativa de la proliferación epitelial, respuesta celular a estímulos externos y muerte celular, entre muchos otros se encuentran estadísticamente sobre representados con un P-valor < 0.01 como punto de corte estadístico.

Análisis global de la expresión protéica de líneas celulares de cáncer cérvico-uterino.

En este trabajo, buscamos identificar patrones de expresión protéica en cáncer cérvico-uterino compartidos por líneas celulares positivas y negativas para HPV, contrastándolas con la línea celular no-tumorigénica HaCat. Nuestros objetivos fueron la identificación de eventos celulares comunes que participan en la progresión y mantenimiento del cáncer; así como el establecimiento de un flujo de trabajo para resultados proteómicos. Analizamos por medio de 2D-SDS-PAGE y espectrometría de masas MALDI-TOF, los extractos protéicos de seis líneas celulares de cáncer cérvico-uterino, de las cuales obtuvimos un patrón consenso de 122 proteínas de las cuales identificamos 96 mediante espectrometría de masas de las cuales 66 proteínas son entidades únicas. Comenzando por este grupo central de proteínas, adquirimos una red de interacción proteína-proteína que apuntó, mediante análisis topológico, a algunas proteínas que pueden estar jugando un papel central en el proceso neoplásico, como 14-3-3zeta. Un análisis de sobre-representación de sitios de unión de factores transcripcionales realizado in silico reveló a c-Myc y a E2F1 como los factores transcripcionales responsables de orquestrar el fenotipo neoplásico.

Análisis del proteoma de tejido cerebral de ratones inoculados con líneas celulares de cáncer cérvico uterino.

En el cáncer las interacciones de los tumores con el organismo son de suma importancia, ya que la comunicación recíproca entre células neoplásicas y células adyacentes normales tienen un papel fundamental en generar un ambiente permisivo y de soporte para la conversión de un tejido sano a un tumor, la invasión y metástasis; pero a la vez también en el antagonismo de estos procesos y generar un ambiente en el cual haya supresión tumoral. Lo anterior y el concepto de microambiente enfatizan la idea de que no es suficiente sólo estudiar los tumores o las células de una manera aislada sin tomar en cuenta los componentes que los rodean. Esta visión de integración lleva a la idea de que no sólo el microambiente influye sino que todo el organismo, incluyendo órganos lejanos y los factores ambientales, juegan un papel fundamental en el cáncer, siendo más complejo de lo que parece, un estudio reciente muestra un tipo de comunicación tumor-tumor lejano mediado por células, en el cual células agresivas se diseminaban del tumor, circulaban por el cuerpo y eventualmente o podían regresar al tumor de dónde se originaban o colonizar a los tumores lejanos. Esta interacción tumor - órgano lejano se ha estudiado poco y en su mayoría se ha centrado en estudiar principalmente a aquellos órganos blanco de metástasis.

El cerebro es un órgano que interacciona con todo el organismo enviando e interpretando estímulos, por lo que consideramos debe tener un papel relevante en el proceso tumorigénico. Es por esto que este proyecto se centra en describir, mediante una posible explicación a nivel molecular, la comunicación entre un tumor de CaCu y el cerebro planteando la hipótesis de que existe una comunicación bidireccional y dinámica entre el tumor de CaCu y el cerebro. Sugerimos que esta comunicación puede estar mediada por la secreción de moléculas, tanto del cerebro como del tumor, que viajan a través del torrente sanguíneo propiciando como respuesta un cambio en el patrón de expresión proteica.

El objetivo del trabajo realizado ha sido determinar en un modelo murino (ratos timectomizados, nu/nu) el patrón expresión proteica del cerebro durante la progresión de tumores generados mediante xenotransplante con líneas celulares de CaCu, en comparación con cerebros de ratones no inoculados.

Se ha analizado por el momento, tanto en minigeles como en geles de dos dimensiones, cerebros de ratones inoculados con la línea celular de CaCu SiHa (HPV 16) y sus controles. En los minigeles de acrilamida se observan cambios en el patrón de las bandas de proteínas de los cerebros de ratones inoculados y los controles no inoculados. Este cambio se observa en tres réplicas de los tres tiempos de desarrollo del tumor establecidos en el proyecto, los cuáles son 30, 45 y 50 días.

Estos cambios son más notorios en los geles de dos dimensiones que hemos obtenido del tiempo 30 días. Ya que mediante el análisis y la comparación de los patrones de expresión obtenidos de las muestras de cerebro de ratones con tumor y los controles, se pueden observar proteínas que se encuentran diferencialmente expresadas, indicando que sí hay cambios en el proteoma del cerebro cuando está presente un tumor en otro sitio del organismo.

Dinámica Proteómica en Tumores de Cáncer Cérvico Uterino.

El ciclo celular se encuentra estrictamente regulado, es direccional, ordenado y está co-regulado con la muerte celular programada manteniendo un balance entre ésta y la proliferación, lo que comúnmente es llamado homeostasis. La desregulación del ciclo celular ha sido atribuida al desarrollo de múltiples enfermedades, particularmente a la transformación tumoral. Se ha propuesto que entre los cambios que las células presentan al convertirse en células cancerosas se observan 6 alteraciones esenciales: auto-suficiencia en señales de crecimiento, insensibilidad a señales inhibitoras de crecimiento, evasión de la muerte celular programada, potencial ilimitado de replicación, promoción de angiogénesis e invasión de tejido y metástasis.

En la investigación biomédica la carencia de modelos convenientes en cáncer que sostenga características del tumor es una deficiencia general en la investigación ya que, la estructura tridimensional nativa de los tumores gobierna numerosas interacciones autócrinas y parácrinas relacionadas con la tumorigénesis que el cultivo en monocapa es incapaz de ofrecer. Este problema se resuelve, en parte, generando tumores en ratones (xenotransplantes) que semejen la compleja red tridimensional, microambiente, condiciones de espacio y disponibilidad de nutrientes.

Para entender la dinámica proteómica del desarrollo tumoral se inocularon ratones nu/nu con la línea celular HeLa, se cosecharon los tumores a distintos tiempos con sus réplicas correspondientes, se obtuvo

el perfil proteómico de distintas etapas del desarrollo tumoral. Este proyecto tiene el objetivo de encontrar aquellos cambios dinámicos del proteoma, que esclarezcan aquellos mecanismos de adaptación que puedan ser blancos terapéuticos. Con la aplicación de técnicas de proteómica y por medio de MALDI-TOF, se han identificado algunas de las proteínas que cambian su expresión, así como aquellas proteínas únicas de cada etapa de la dinámica proteómica del tumor. Con esta información se crearan modelos para entender las posibles interacciones de estas proteínas a través de la dinámica tumoral y generar predicciones que ayuden a vislumbrar aquellos cambios específicos de la dinámica tumoral como blancos terapéuticos sobre el desarrollo, la metástasis y progresión

Desarrollo de la biología de sistemas en dos organismos: Rhizobium etli y células cancerosas.

El proyecto relacionado con *Rhizobium etli* consiste en desarrollar un esquema teórico que permita estudiar la fijación de nitrógeno e integrar la información generada por tecnologías a escala genómicas: principalmente a través del transcriptoma, proteoma y metaboloma. Los avances realizados en este proyecto se concentran principalmente en el desarrollo de una plataforma *in silico* que integra 450 genes codificando a 400 reacciones bioquímicas representando las principales vías metabólicas caracterizadas durante la fijación biológica de nitrógeno en *Rhizobium etli*. Esta plataforma computacional es central para el desarrollo del proyecto originalmente propuesto a mi ingreso al CCG-UNAM. Los resultados de este trabajo están en la fase de envío para su publicación en una revista internacional especializada en el tema.

Los beneficios prácticos del modelo computacional se visualizan al evaluar y sugerir *in silico* potenciales blancos para el desarrollo de cepas que podrían mejorar la fijación en una forma óptima. Además este modelo será fundamental para desarrollar hipótesis biológicas que contribuyan a develar los genes esenciales que participan para el éxito de la simbiosis planta-bacteria.

Un avance importante para el desarrollo de este proyecto representa la reciente identificación de cerca de 400 entidades proteicas con actividad catalítica presentes en *Rhizobium etli* durante la fijación de nitrógeno. Con la finalidad de realizar la integración de los datos en el modelo, se han desarrollado algunos programas que permitirán evaluar las condiciones óptimas para realizar este proceso de integración entre proteoma, transcriptoma y modelo, en general un problema de frontera en el área de biología de sistemas. Indudablemente, la integración con proteoma permitirá evaluar las capacidades del modelo, mejorarlo y eventualmente incrementar su capacidad predictiva.

Conjuntamente con estos avances, actualmente se cuenta ya con el metaboloma de *Rhizobium etli*. Este estudio es el primero desarrollado en Rhizobaceas y representa un avance significativo hacia en entendimiento metabólico de la bacteria fijadora de nitrógeno. Resultado de un estudio comparativo entre la actividad metabólica de *Rhizobium etli* entre un estadio de vida libre y durante la fijación de nitrógeno, se logro identificar la abundancia relativa de 220 metabolitos en ambas condiciones. Este proyecto y los avances presentado en este reporte se relacionan con mi propuesta original de investigación y son acordes con los objetivos a largo plazo del programa: integrar y construir la biología de sistemas en *Rhizobium etli*.

Finalmente, el estudio proteómico de células cancerosas es una línea reciente en el programa de proteómica del CCG-UNAM cuyo impacto es de gran relevancia para la sociedad mexicana. Mi propuesta de investigación en esta área se concentra en reconstruir una base de datos que incluyan las principales vías metabólicas que intervienen en el desarrollo del cáncer y desarrollar modelos computacionales que permitan analizar y cuantificar los estados metabólico característico de esta enfermedad. Los avances realizados en esta dirección se clasifican en dos. Primero se ha iniciado un proceso de revisión literaria del tema en cuestión, cuyo resultado concreto es la participación de la escritura de un capítulo relacionado con biología de sistemas en cáncer en un libro especializado en el tema (en proceso editorial). Conjuntamente, se ha trabajado en el desarrollo de esquemas teóricos propios para el análisis de la red metabólica a reconstruir. El plan de trabajo a futuro es integrar el proceso de reconstrucción metabólica, continuar con el desarrollo de modelos computacionales y finalmente comparar las predicciones realizadas con los datos de proteómica obtenidos en el centro. El objetivo a largo plazo es el desarrollo de modelos computacionales que permitan entender y explorar los

mecanismos bioquímicos de células cancerosas.

Ingeniería Genómica

Longitud de los segmentos empleados para conversión génica entre secuencias repetidas en Rhizobium etli.

El trabajo en esta área, bajo la responsabilidad de Fares Yáñez y la participación parcial de la Dra. Mildred Castellanos, continuó a estudiar el efecto de sobreproducción de *recG* y *radA*. Nuestro trabajo previo mostró que la sobreproducción de ambos genes por separado provocaba una supresión del efecto de sesgo a ganancia de marcadores, característico de este sistema. Estos datos, sin embargo, se debían a un efecto inesperado del vector empleado para sobreproducción, dado que el vector vacío provocaba un efecto similar. Aparentemente, este vector contiene un sistema de recombinación sitio-específico, que podría generar productos que se asemejan a auténticas convertantes. Estamos en la búsqueda de vectores que nos permitan lograr sobreproducción sin este indeseable efecto colateral. En un trabajo relacionado, Mildred Castellanos logró, durante 2009, la introducción del sitio *I-SceI* en el plásmido que empleamos para análisis de la longitud y posición de eventos de conversión. La ventaja de este sitio, es que permite la introducción de cortes en doble cadena *in vivo* en un sitio programado, mediante la expresión de la meganucleasa *SceI*. Durante 2010 estudiamos el efecto de estos cortes durante conversión, encontrando que la inducción de cortes en doble cadena en el plásmido entrante provoca un sesgo inverso al observado previamente, predominando ahora la conversión en favor de los marcadores en el plásmido residente. Estos resultados son una confirmación del papel de cortes en doble cadena para la conversión génica en *Rhizobium*. Durante 2011 continuaremos este análisis en fondos genéticos, *addA*, *recFrecF* y *addA-recF*, para evaluar el efecto de estos sistemas en conversión.

Identificación de genes esenciales para metabolismo en el plásmido p42e de Rhizobium etli CFN42.

Durante este año, elaboramos un manuscrito para publicación resumiendo los resultados de este proyecto, el cual fue aceptado ya en el *Journal of Bacteriology*. Continuaremos este trabajo durante 2011 para comprender la razón de la esencialidad de los genes RHE_PE00001 y RHE_PE00024. Para ello, emplearemos construcciones en donde el gene de interés se sujeta a el control de un promotor regulado, para lograr sobreexpresiones (en un fondo silvestre) ó subexpresiones (en fondos mutantes) de la función de interés. Paralelamente, se generarán construcciones que permitan subexpresión de la función de interés por RNA antisentido. Se hará un análisis fenotípico completo de estas construcciones, incluyendo análisis de metaboloma para tratar de inferir el papel de estos genes. Paralelamente, se fusionarán los ORFs correspondientes con GFP, para evaluar la localización celular de estos productos por microscopía de fluorescencia. Durante el primer semestre de 2011, a alumna Cristina Landeta deberá de obtener el título de Doctora.

Caracterización de la recombinasa sitio específica IntA codificada en el plásmido p42a de Rhizobium etli CFN42. Este proyecto, en colaboración con la Dra. Susana Brom, dio inicio en agosto de 2009, con el ingreso al Doctorado del alumno Rogelio Hernández Tamayo.

Durante 2010 se realizaron las fusiones de IntA con una cola de histidinas, necesarias para la sobreexpresión y purificación de esta proteína. Si bien las fusiones son activas en recombinación sitio-específica en *R. etli*, la sobreexpresión de esta proteína resultó infructuosa, debido a la acumulación de la proteína fusionada en cuerpos de inclusión. Este fenómeno se presentó también con la proteína fusionada, a pesar del uso de diferentes protocolos de inducción.

Para solucionar este problema, se fusionó IntA con MBP. Las fusiones resultantes son activas en recombinación sitio-específica en *R. etli*, lográndose la sobreexpresión de esta proteína de manera soluble. En este momento, hay avances importantes en la purificación de la proteína fusionada, la cual se empleará en este año para hacer ensayos *in vitro* de su actividad.

David Romero continúa colaborando con la Dra. Susana Brom (transferencia conjugativa mediada por recombinación sitio-específica en el pSym de *R. etli*, con el Dr. Alejandro García y la Dra. Susana Brom (funciones localizadas en el p42f de *R. etli*), Germán Bonilla y Dra. Valeria Souza (Instituto de Ecología, UNAM, análisis de diversidad empleando datos metagenómicos) y con Víctor González, Miguel Ángel Cevallos y Esperanza Martínez (Determinación del Pangenoma de *Rhizobium etli* y su Comparación con Especies y Biovariedades de *Rhizobium* Simbiontes del Frijol Común (*Phaseolus vulgaris*). Los tres primeros proyectos ya dieron lugar a sendos manuscritos, que ya fueron enviados para publicación.

Mecanismos de transferencia del plásmido simbiótico, dependiente de la presencia de plásmidos autotransferibles.

En éste proyecto han participado investigadores, estudiantes y técnicos del Programa de Ingeniería Genómica. Además recibimos ayuda de integrantes del Programa de Genómica Evolutiva.

Hemos determinado que la transferencia del plásmido simbiótico (pSim) en *R. etli* CFN42 es totalmente dependiente de la presencia de otro plásmido endógeno (p42a), el cual es autotransferible. Anteriormente identificamos y caracterizamos la región genética involucrada en transferencia conjugativa del p42a (Tun-Garrido et al., 2003). En una siguiente etapa, analizamos el mecanismo de transferencia del pSim, dependiente del p42a. Encontramos que la cointegración entre los plásmidos p42a y pSim es un evento indispensable para permitir la transferencia conjugativa del pSim. Dos sistemas alternativos permiten la cointegración, uno es un sistema de recombinación homóloga, dependiente de RecA, y el otro es un sistema de recombinación sitio-específica entre el plásmido simbiótico y el plásmido autotransferible p42a de *R. etli* CFN42. (Brom et al., 2004). Posteriormente iniciamos el análisis funcional de los plásmidos simbióticos de otras cepas de *Rhizobium*. Hemos determinado la capacidad de transferencia de los plásmidos simbióticos de distintas cepas de *Rhizobium* aisladas de nódulos de frijol, en España, y pertenecientes a distintas especies (*R. etli*, *R. gallicum*, *S. fredii*), tanto en su propio fondo genómico, como en fondos genómicos diferentes. Encontramos que el mecanismo de transferencia de pSim dependiente de plásmidos autotransferibles es compartido por otras cepas de *Rhizobium*, lo que nos permite enfatizar la generalidad de este fenómeno.

1) Sinorhizobium fredii GR64.

Entre las cepas analizadas, la GR64 (*Sinorhizobium fredii*), es interesante ya que nodula frijol, cuando *Sinorhizobium fredii* comúnmente nodula soya. El genoma de *S. fredii* GR64 posee un cromosoma y dos plásmidos, designados como pGR64a (~180 Kb) y pGR64b (~400 Kb). Hemos encontrado que el pGR64b es el plásmido requerido para establecer simbiosis y que el pGR64a es autotransferible a alta frecuencia, y permite la transferencia de pGR64b. La frecuencia de transferencia del pGR64a es la más alta que hemos detectado para un pSim que permite nodulación de frijol (10^{-4}). Es importante hacer notar que en GR64 el pSim es diferente del encontrado comúnmente en *R. etli*. Las cepas de *R. etli* se caracterizan por tener un pSim que presenta 3 reiteraciones de los genes *nifH*, dos de ellas flanquean una zona de aproximadamente 120 Kb donde se localizan los demás genes involucrados en el proceso simbiótico. El pSim de GR64 presenta una sola copia de *nifH*. Mediante experimentos tipo Southern, y posteriormente la obtención de la secuencia completa del p64a en colaboración con el grupo del Dr. G. Dávila, observamos que el pGR64a posee una gran zona (51 orfs) que tiene alta similitud con el pSim de *Rhizobium etli* CFN42, la cual incluye los genes de replicación *repABC*, pero no la zona que interviene en nodulación y fijación de nitrógeno. Otra región (36 orfs) es compartida con el p42a de *R. etli* CFN42, incluyendo los genes de transferencia. Además, el pGR64a es capaz de inducir la transferencia de un pSim que lleva genes para establecer simbiosis con frijol, pero que difiere del pSim típico de *etli*. Encontramos también que en el fondo genómico de *etli*, también induce la transferencia de su pSim, aunque a una frecuencia 100 veces menor, comparable a la descrita para el pSim típico de *etli*, mientras que el plásmido p42a de *etli* no es capaz de inducir transferencia del pSim de Gr64, y su propia transferencia disminuye drásticamente en el fondo genómico de ésta cepa.

Por análisis realizados en este año, encontramos que otra región del plásmido (38 orfs) presenta alta similitud con una región localizada en el cromosoma de *Sinorhizobium* sp NGR234.

En diciembre de 2010 sometimos a publicación un manuscrito sobre el análisis de los datos de secuencia del pGR64a, y su comportamiento funcional en diversos fondos genómicos.

2) Análisis de la región de transferencia de pGR64a de *Sinorhizobium fredii* GR64.

Para el análisis fino del sistema de regulación de la transferencia del pGR64a. Aprovechando la secuencia, se diseñaron oligonucleótidos para obtener productos de PCR de fragmentos de los genes *traI*, *traA* y *traR*, los cuales se clonaron y utilizaron para generar derivadas con mutaciones en éstos genes. Resultados iniciales indicaron que la frecuencia de transferencia disminuye drásticamente en las mutantes en *traA* y *traR*, pero no se ve afectada en la mutante en *traI*, sugiriendo que posiblemente el genoma contiene otros genes que codifican para acil-homoserin-lactonas capaces de suplir la función de *traI*.

En este año, el trabajo se continuó con el análisis funcional del oriT de plásmido, así como de dos genes presentes en la región de transferencia, clasificados originalmente como genes que codifican para proteínas hipotéticas conservadas (orf 147, orf 148). Los resultados mostraron que el oriT del pGR64a puede ser procesado tanto por la relaxasa codificada en este plásmido, como por la relaxasa codificada en el plásmido p42a de *R. etli* CFN42, y viceversa. Esto indica que las diferencias en funcionalidad entre ambos plásmidos se deben a otros elementos. En cuanto a los orfs 147 y 148, encontramos que mutantes con el orf 147 interrumpido son incapaces de efectuar transferencia conjugativa, mientras que la mutación en el orf 148 no afecta el proceso. Este trabajo constituye la tesis de Maestría en Ciencias de Laura Cervantes de la Luz, del Programa de Posgrado de la Fac. de Ciencias de la UAEM. En el 2011 pretendemos que obtenga el grado. Asimismo, el trabajo se preparará para enviar a publicación.

3) Participación de genes localizados en el plásmido simbiótico y/o cromosoma de *Sinorhizobium fredii* GR64 en la capacidad conjugativa del plásmido autotransferible pGR64a.

Este proyecto se enfocó a la determinación de la participación del fondo genómico de la cepa de *S. fredii* noduladora de frijol, GR64, sobre la capacidad de transferencia del plásmido autotransferible endógeno (pGR64a) y de uno exógeno (p42a), así como al análisis de si el pSim de la cepa GR64 contiene un oriT funcional, para determinar si el mecanismo de transferencia de éste plásmido es por movilización en *trans*, y no por cointegración como en el caso de CFN42. Específicamente, planteamos responder las siguientes preguntas. Específicamente, se plantearon 3 preguntas:

1)- La inhibición de transferencia del p42a de CFN42 en el fondo genómico de GR64 ¿está mediada por genes localizados en el pSim, o en el cromosoma de GR64?.

2)- La transferencia del pGR64a que se observa en las derivadas con mutaciones en los genes *traA* y *traI* ¿se debe a genes *traA* y *traI* localizados en el pSim, o en el cromosoma de GR64, que sustituyen la función de los mutagenizados?.

3-) El pSim de GR64 ¿contiene un oriT funcional?

Para responder estas preguntas, se construyó y analizó el comportamineto de una cepa curada del pGR64b (pSim), y se encontró que tanto los genes responsables de la inhibición de transferencia del p42a, como los que sustituyen al *traI* deben tener una localización cromosomal; y que el pGR64b no contiene un oriT similar al del pGR64a.

Este trabajo fue realizado por la alumna Nadya Chaira, como parte de una estancia de "XX Verano de la Investigación Científica". Además registró este trabajo para recibirse de la Licenciatura de Ingeniería en Biotecnología. Instituto Tecnológico de Sonora.

4) *Otras cepas de Sinorhizobium fredii noduladoras de frijol.* El estudio de otras cepas de *S. fredii* noduladora de frijol, mostró que otras cepas también contienen plásmidos autotransferibles, en una de ellas parece que este plásmido sufre rearrreglos a frecuencias muy altas. Estos plásmidos autotransferibles difieren de los anteriormente descritos en cuanto a que no parecen tener un efecto inductor sobre la transferencia de plásmidos simbióticos, y son compatibles con el descrito previamente, por lo que parecen tener distinto origen.

Este trabajo fue realizado por el pasante de LCG, Gabriel Yaxal Soto Ponce, quién obtuvo su título en abril de 2010.

Los siguientes proyectos se desarrollan en colaboración con el Dr. Alejandro García, la Dra. Susana Brom, el Dr. David Romero y la M. en IBB. Araceli Dávalos.

Identificación y caracterización de funciones esenciales para el crecimiento en medio mínimo codificadas en el plásmido p42f de R. etli CFN42.

El análisis fenotípico de nuestra colección de mutantes curadas de plásmidos nos permitió descubrir que la mutante CFNX186, que carece del plásmido p42f (642 kb), perdió la capacidad para crecer en un medio químicamente definido. En la secuencia completa de este plásmido están anotadas algunas proteínas que forman parte del metabolismo primario que podrían ser necesarias para el crecimiento en MM. Las dos primera son PanCB posiblemente involucradas con la biosíntesis de pantotenato, la tercera es KatG la única catalasa que posee esta bacteria y la cual está codificada corriente abajo de *panCB*, la cuarta es ArgE la cual pudiera ser necesaria para la síntesis de arginina, y la quinta es TpiAf la segunda triosa fosfato isomerasa de esta bacteria la cual pudiera participar en la utilización de fuentes de carbono gluconeogénicas como succinato.

Objetivo: Determinar si las proteínas PanC, PanB, KatG, ArgE y TpiAf son necesarias para el crecimiento de *R. etli* en medio mínimo.

Avance: El trabajo de doctorado del Biól. Tomás Villaseñor demostró que únicamente mutaciones en los genes *panCB* causan una deficiencia de crecimiento en MM. Las mutantes *panCB* son auxótrofas de pantotenato, las cuales recuperan su crecimiento tipo silvestre al ser complementadas con los genes *panCB* pantotenato. Sin embargo la cepa CFNX186 (p42f) complementada únicamente con los genes *panCB* solo recupera de manera parcial su crecimiento. El crecimiento de esta cepa tampoco mejora con un fragmento de plásmido p42f de aprox. 20 kb el cual contiene a los genes *panCB*, *oxyR* y *katG* crecida en un medio de cultivo suplementado con arginina y glucosa, lo cual indica que además de los genes *panCB* otras funciones necesarias para el crecimiento en MM están codificadas en este plásmido. Resultados adicionales de esta investigación indican que la presencia de genes *panCB* en plásmidos es una característica exclusiva de cepas de *R. etli* y *R. leguminosarum* pero no de otros rizobiales con plásmidos en los cuales los genes *panCB* tienen una localización cromosomal. Una comparación de la filogenia de *panCB* con la filogenia de las especies sugiere que *panCB* migraron del cromosoma a los plásmidos en dichas especies.

Análisis genómico, genético y bioquímico de la síntesis de pantotenato en Rhizobia.

El desarrollo del proyecto anterior, nos llevó a profundizar en el estudio de la vía de síntesis de pantotenato en *Rhizobia*, lo cual nos permitió observar que *Rhizobia* tiene una forma atípica de sintetizar pantotenato ya que la mayoría de sus miembros carecen de las enzimas KPR (*panE*) y ADC (*panD*) dos de las cuatro enzimas que componen la vía de síntesis de esta vitamina esencial para el metabolismo. KPR convierte α -cetopantoato a pantoato, mientras que ADC descarboxila aspartato para formar beta-alanina. Sabemos que algunas de estas bacterias son protótrofas de pantotenato, por lo cual deben de tener otras enzimas que suplan la función de KPR y ADC las cuales no han sido descritas en otros grupos bacterianos.

Objetivo: Determinar como se lleva a cabo la síntesis de pantotenato en las rhizobias que carecen de las enzimas KPR y ADC.

1. Buscar la enzima que descarboxila aspartato en un banco genómico de *R. etli* CFN42. Dado que *A. tumefaciens* C58 si tiene en su genoma un ortólogo de *panD*, pretendemos obtener una mutante auxótrofa

de beta alanina. Posteriormente, la mutante será complementada con el banco genómico de *R. etli* CFN42, y rescataremos aquellas clonas que logren crecer en placas de medio mínimo (sin beta alanina ni pantotenato). Se aislará el cósmido con el fragmento de DNA que complementó el crecimiento de la mutante y se identificará el gene que codifica para la enzima que descarboxila aspartato. Simultáneamente estamos tratando de montar el ensayo enzimático de aspartato descarboxilasa utilizando como sustrato aspartato marcado y como fuente de enzima un extracto crudo de proteína de *R. etli* CFN42, para determinar como producto de la reacción beta alanina marcada.

2. Dado que en el genoma de las rizobias el producto del gene anotado como *panE* tiene un bajo porcentaje de identidad (25%<) con su homólogo de enterobacterias y se encuentra ausente del genoma de *Rhizobium sp.* NGR234, *A. tumefaciens* C58, *Sinorhizobium meliloti*, *S. medicae*, *Brucella* (5 especies) y *Ochrobactrum* (2 especies), pretendemos utilizar a *R. etli* CFN42 como modelo para demostrar si el gene RHE_CH01710, homólogo remoto de *panE*, codifica para una α -ketopantoate reductase (KPR) funcional. Simultáneamente se obtendrá una mutante *ilvC* ya que se sabe que en enterobacterias y en *Corynebacterium glutamicum*, el producto del gene *ilvC* tiene actividad de reductasa sobre α -cetopantoato, por lo que pretendemos determinar el papel que juegan ambas enzimas en la síntesis de pantoato.

Análisis genómico, genético y bioquímico de la resistencia a metales pesados en R.etli CFN42.

Estamos utilizando a la cepa de *Rhizobium etli* CFN42 y a sus mutantes que carecen de plásmidos o con deleciones de los mismos, como modelo para contribuir a la identificación y caracterización funcional de los mecanismos que participan en la resistencia a metales pesados en esta bacteria. Numerosas proteínas cuya posible función podría ser la expulsión de cationes divalentes (Co, Ni, Zn, Cd, etc.) se encuentran codificadas en el cromosoma y en los plásmidos, pero se desconoce si son funcionales y el papel que podrían estar jugando en la resistencia a metales pesados de esta bacteria. Comparando las cinéticas de crecimiento de la cepa silvestre con las mutantes curadas de cada plásmido en presencia de diferentes metales pesados, descubrimos que la mutante CFNX185 que carece de 200 kb del plásmido p42e es sensible a cobalto (Co) y níquel (Ni). En la secuencia completa del plásmido p42e están anotadas las proteínas RHE_PE218, RHE_PE217 y RHE_PE215 las cuales podrían estar involucradas con la resistencia a estos metales. PE 218 está anotada como una posible bomba de expulsión de cationes perteneciente a la familia CDF, por datos de la literatura se sabe que estas proteínas expulsan Co, Zn y Cd. PE215 está anotada como una posible bomba de expulsión relacionadas con la proteína RcnA de *E. coli* que posiblemente expulse Ni y Co. PE 217 fue anotada como una proteína de función desconocida, sin embargo por un análisis bioinformática más detallado la ubicamos como el posible represor del gene PE215.

Objetivo: Determinar el papel que juegan las proteínas PE218, PE217 y PE215 en la resistencia a Ni, Co y a otros cationes divalentes.

Los principales avances de este proyecto se han concentrado en construir mutantes en cada uno de los genes antes mencionados para entender tanto su función como su regulación. Actualmente sabemos que únicamente el gene PE218 es responsable de la resistencia a níquel. Esta proteína no confiere resistencia a otros metales ya que la mutante no muestra una mayor sensibilidad con respecto a la silvestre en presencia de Co, Fe, Zn, Mn, Cd o Cu.

Análisis Filogenómicos y de Genómica Comparada para el Desarrollo de Marcadores Moleculares destinados a Estudios de Microbiología Ambiental y Evolutiva

Este proyecto se ha desarrollado desde su inicio en estrecha colaboración entre el Dr. Pablo Vinuesa con el Dr. Bruno Contreras Moreira, así como con un grupo de estudiantes, Iraís Figueroa Palacios (UAEM, tesis de Lic. concluída), Agustín Avila (PDCB-UNAM), Fabiola Miranda Sánchez (PDCB-UNAM), Jazmín Ramos Madrigal (LCG-UNAM), Pablo Rodríguez Bucheli (PDCB-UNAM), Bernardo Sachman (PDCB-UNAM) y Enrique Zozaya (LCG-UNAM; tesis de licenciatura concluída), quienes

realizan sus tesis de doctorado o licenciatura evaluando y aplicando marcadores moleculares para estudios de ecología de comunidades y genética evolutiva de rizobia, *Escherichia coli* y micobacterias. Estos trabajos se basan tanto en el análisis multilocus de secuencias de aislados ambientales como en la construcción y análisis a gran escala de librerías de marcadores selectos y linaje-específicos, obtenidos a partir de DNA ambiental de suelo y aguas. Irais Figueroa superó con la máxima calificación su examen de grado el día 15 de Enero de 2008, y Enrique Zozaya obtuvo mención honorífica para su trabajo de tesis finalizado el 12 de Marzo de 2010, y ya no están en el grupo. Bernardo está por recibirse de doctor en el semestre 2011-2 y Agustín y Pablo aprobaron sus candidaturas en primera instancia en el semestre 2011-1.

De manera más específica, las líneas de trabajo para el período 2010-2011 son las siguientes:

- 1) primers4clades-II: expandir las capacidades de nuestro actual servidor primers4clades para seleccionar marcadores de secuencias no codificantes, y programar una tubería de análisis filogenómico para la selección de marcadores moleculares óptimos para genética de poblaciones
- 2) Diversidad, cuantificación y distribución ambiental de *Escherichia coli* y de sus genes de virulencia y resistencia asociados a integrones de clase 1 en cuerpos de agua de Morelos: aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo
- 3) Ecología molecular y diversidad de rizobios y de sus genes simbióticos en bosques de selva seca baja caducifolia en México con distinto grado de conservación - aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo.

PRINCIPALES DISTINCIONES

La **Dra. Georgina Hernández**, fue re-designada como Miembro del Centre Advisory Board del Centre of Excellence for Integrative Legume Research, Australian Research Council, para el período 2009–2010. Enero, 2010.

El **Dr. Miguel Lara-Flores**, fue distinguido con el nombramiento de Secretario Académico de la Coordinación de la Investigación Científica de la UNAM. Enero, 2010.

La **Dra. María Carmen Vargas**, fue distinguida con el Reconocimiento UNAM “Sor Juana Inés de la Cruz” Marzo 8, 2010.

El **Dr. Julio Collado-Vides**, la **Lic. Heladia Salgado** y el **Ing. Víctor del Moral** obtuvieron la verificación del nivel 1 de capacidades de procesos de acuerdo a la norma NMX-1-059-NYCE-2005, emitida por la Unidad de Verificación de Tecnologías de Información de Normalización y Certificación Electrónica, (NYCE) A. C. Junio, 2010.

El artículo: **Martínez-Romero E.** “Coevolution in *Rhizobium*-legume symbiosis?” recibió el reconocimiento como uno de los artículos más destacados de su área.

El **Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann** fue electo miembro del *Agrobacterium* and *Rhizobium* subcommittee of the International Committee on Systematics of Prokaryotes.

La **Dra. Esperanza Martínez-Romero**, recibió un Reconocimiento por su destacada trayectoria científica y aportaciones para el fortalecimiento de la Asociación Mexicana de Microbiología A.C. Junio, 2010.

El **M. en IBB. Oscar Rodríguez**, recibió el reconocimiento por parte de la Academia de Ciencias de Morelos, como Coordinador General y Operativo del Diplomado “Pensamiento Científico en el Aula” 2004-2010, Cuernavaca, Morelos. Octubre, 2010.

El **Dr. Oswaldo Valdés López**, alumno del Doctorado en Ciencias Biomédicas en el CCG, recibió el Premio AgroBio 2010 en la Categoría de Tesis Doctoral. Octubre, 2010.

El **Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero y un equipo de alumnos de la Licenciatura en Ciencias Genómicas**, obtuvieron una medalla de oro en la competencia iGEM (International Genetically Engineered Machines competition) organizada por el Massachusetts Institute of Technology (MIT). Noviembre, 2010.

El **Dr. Julio Augusto Freyre González**, alumno del Doctorado en Ciencias Bioquímicas en el CCG, recibió el Reconocimiento al Mérito Estatal en Investigación 2009, en la categoría de Mejor Tesis Doctoral. Otorgado por el Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos en Diciembre de 2010.

El **Dr. Miguel Lara Flores**, Investigador Titular Definitivo, recibió el reconocimiento correspondiente a 35 años de servicios académicos en la Universidad.

La **Dra. Georgina Hernández Delgado**, Investigadora Titular Definitiva, recibió el reconocimiento correspondiente a 30 años de servicios académicos en la Universidad.

La **Lic. Edith Olga Cinta Elias**, Técnica Titular Definitiva, recibió el reconocimiento correspondiente a 30 años de servicios académicos en la Universidad.

La **Dra. María de Lourdes Girard Cuesy**, Investigadora Titular Definitiva, recibió el reconocimiento correspondiente a 25 años de servicios académicos en la Universidad.

La **Quim. Virginia Patricia Bustos**, Técnica Titular Definitiva, recibió el reconocimiento correspondiente a 20 años de servicios académicos en la Universidad.

El **Dr. Humberto Peralta Díaz**, Técnico Titular Definitivo, recibió el reconocimiento correspondiente a 15 años de servicios académicos en la Universidad. Marzo, 2010.

La **T.L.C. Ma. De los Ángeles Moreno Ocampo**, Técnica Titular Definitiva, recibió el reconocimiento correspondiente a 15 años de servicios académicos en la Universidad. Enero, 2010.

La **Dra. Sonia Teresa Silvente Keller**, Investigadora Titular, recibió el reconocimiento correspondiente a 10 años de servicios académicos en la Universidad.

PRODUCCIÓN PRIMARIA

Artículos publicados en revistas internacionales con arbitraje

1. Cervantes-Rivera, R., Romero-López, C., Berzal-Herranz, A., Cevallos, M. A. 2010. “**In vitro analysis of the mechanism of action of an antisense RNA that controls the replication of a *repABC* plasmid**”. *Journal of Bacteriology* **192**: 3268–3278.
2. Couillerot, O., Poirier, M.A., Prigent-Combaret, C., Mavingui, P., Caballero-Mellado, J. and Moenne-Loccoz, Y. 2010. “**Assessment of SCAR markers to design real-time PCR primers for Rhizosphere quantification of *Azospirillum brasilense* phytostimulatory inoculants of maize**”. *Journal Applied Microbiology* **109**(2): 528-538.
3. Dávila-Martínez Y, Ramos-Vega AL, Contreras-Martínez S, Encarnación S, Geiger O, López-Lara IM. 2010. “**SMc01553 is the sixth acyl carrier protein in *Sinorhizobium meliloti* 1021**”. *Microbiology* **156** (Pt 1): 230-239.
4. Demir E, Cary MP, Paley S, Fukuda K, Lemer C, Vastrik I, Wu G, D'Eustachio P, Schaefer C, Luciano J, Schacherer F, Martínez-Flores I, Hu Z, Jimenez-Jacinto V, Joshi-Tope G, Kandasamy K, Lopez-Fuentes AC, Mi H, Pichler E, Rodchenkov I, Splendiani A, Tkachev S, Zucker J, Gopinath G, Rajasimha H, Ramakrishnan R, Shah I, Syed M, Anwar N, Babur O, Blinov M, Brauner E, Corwin D, Donaldson S, Gibbons F, Goldberg R, Hornbeck P, Luna A, Murray-Rust P, Neumann E, Reubenacker O, Samwald M, van Iersel M, Wimalaratne S, Allen K, Braun B, Whirl-Carrillo M, Cheung KH, Dahlquist K, Finney A, Gillespie M, Glass E, Gong L, Haw R, Honig M, Hubaut O, Kane D, Krupa S, Kutmon M, Leonard J, Marks D, Merberg D, Petri V, Pico A, Ravenscroft D, Ren L, Shah N, Sunshine M, Tang R, Whaley R, Letovksy S, Buetow KH, Rzhetsky A, Schachter V, Sobral BS, Dogrusoz U, McWeeney S, Aladjem M, Birney E, Collado-Vides J, Goto S, Hucka M, Le Novère N, Maltsev N, Pandey A, Thomas P, Wingender E, Karp PD, Sander C, Bader GD. 2010. “**The BioPAX community standard for pathway data sharing**”. *Nature Biotechnology* **28**(9): 935-942.
5. Geiger, O., Gonzalez-Silva, N., Lopez-Lara, I. M., Sohlenkamp C. 2010. “**Amino acid-containing membrane lipids in bacteria**”. *Progress in Lipid Research* **49**: 46-60.
6. González V., Acosta J. L., Santamaría R.I., Bustos P., Fernández J.L., Hernández-González I., Díaz R., Flores M., Palacios R., Mora J., and Dávila G. 2010. “**Conserved symbiotic plasmid DNA sequences in the multireplicon pangenomic structure of *Rhizobium etli***”. *Applied and Environmental Microbiology* **76**(5): 1604-1614.
7. Ingram B., Sohlenkamp C., Geiger O., and Raetz C. R. H. 2010. “**Altered lipid A structures and polymyxin hypersensitivity of *Rhizobium etli* mutants lacking the LpxE and LpxF phosphatases**”. *BBA Molecular and Cell Biology of Lipids* **1801**: 593-604.
8. López-López A., Rogel M.A., Ormeño-Orrillo E., Martínez-Romero J., Martínez-Romero E. 2010. “***Phaseolus vulgaris* seed-borne endophytic community with novel bacterial**”.

- species such as *Rhizobium endophyticum*". *Systematic and Applied Microbiology* **33**: 322-327.
9. Lozano L., Hernández I. L., Bustos P., Santamaría R. I., Souza V., Young P., Dávila G., and González V. 2010. "Evolutionary dynamics of insertion sequences in relation to the evolutionary histories of the chromosome and symbiotic plasmid of *Rhizobium etli* populations". *Applied and Environmental Microbiology* **76**(19): 6504-6513.
 10. Marín-Cevada V., Caballero-Mellado J., Bustillos-Cristales M.R., Muñoz-Rojas J., Mascarúa-Esparza M.A., Castañeda-Lucio M., López-Reyes J.L., Martínez-Aguilar L., and Fuentes-Ramírez L.E. 2010. "*Tatumella ptyseos*, an unrevealed causative agent of pink disease in pineapple". *Journal of Phytopathology* **158**: 93-99.
 11. Martínez-Flores I., Jiménez-Jacinto V., López-Fuentes A.C., Collado-Vides J. 2010. "Expanding BioPAX format by integrating gene regulation". *EMBNet Journal* **16**: 39-43.
 12. Medeot, D.B., Sohlenkamp C., Dardanelli M.S., Geiger O., García de Lema M., and López-Lara I.M. 2010. "Phosphatidylcholine levels play a role in the cellular size and in motility/chemotaxis of *Bradyrhizobium* sp. SEMIA 6144 nodulating peanut (*Arachis hypogaea* L.) roots". *FEMS Microbiology Letters* **303**: 123-131.
 13. Meneses N, Mendoza-Hernández G, and Encarnación S. 2010. "The extracellular proteome of *Rhizobium etli* CE3 in exponential and stationary growth phase". *Proteome Science*. **14** (8): 51.
 14. Miranda-Miranda E., Cossio-Bayugar R., Quezada-Delgado M.D.R., Sachman-Ruiz B., Reynaud E. 2010. "*Staphylococcus saprophyticus* is a pathogen of the cattle tick *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*". *Biocontrol Science and Technology*. **20**: 1055-1067.
 15. Ortiz A., Cardoso-Taketa A., Rodríguez Monroy M., Arellano J., Hernández G., and Villarreal M.L. 2010. "Transformed cell suspension culture of *Galphimia glauca* producing sedative Nor-friedelanes". *Planta Medica* **76**(4): 386-392.
 16. Quinto-Cortés C.D., Arriola L.A., García-Hughes G., García-López R, Molina D., Flores M., Palacios R., and Piñero D. 2010. "Genetic characterization of indigenous peoples from Oaxaca, Mexico, and its relation to linguistic and geographic isolation". *Human Biology* **82** (4): 409-432.
 17. Ramírez-Puebla S.T., Rosenblueth M, Chávez-Moreno C.K., Catanho Pereira de Lyra, M.C. Tecante A., Martínez-Romero E. 2010. "Molecular phylogeny of the genus *Dactylopius* (Hemiptera: Dactylopiidae) and identification of the symbiotic bacteria". *Environmental Entomology* **39**: 1178-1183.

18. Resendis-Antonio O., Checa A., Encarnación S. 2010. **“Modeling core metabolism in cancer cells: Surveying the topology underlying the Warburg effect”**. *PLoS ONE*. 5(8): e12383.
19. Salazar E., Díaz-Mejía J.J., Moreno-Hagelsieb G., Martínez-Batallar G., Mora Y., Mora J., Encarnación S. 2010. **“Characterization of the NifA-RpoN regulon in *Rhizobium etli* in free life and in symbiosis with *Phaseolus vulgaris*”**. *Applied and Environmental Microbiology* 76 (13): 4510-4520.
20. Sánchez C., Gates A.J., Meakin G.E., Uchiumi T., Girard L., Richardson D.J., Bedmar E.J., and Delgado M.J.. (2010). **“Production of nitric oxide and nitrosylhaemoglobin complexes in soybean nodules in response to flooding”**. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 23 (5): 702-711.
21. Sreevidya V. S., Hernandez-Oane, R.J., Prasad G., Lara-Flores M., Ladha J.K., and Reddy P.M. 2010. **“Changes in auxin distribution pattern during lateral root development in rice”**. *Plant Science* 178(6): 531-538.
22. Suárez-Moreno Z.R, Devescovi G., Myers M., Hallack L., Mendonca-Previato L., Caballero-Mellado J., Venturi V. 2010. **“Commonalities and differences in regulation of N-acyl homoserine lactone quorum sensing in the beneficial plant-associated *Burkholderia* species cluster”**. *Applied and Environmental Microbiology* 76 (13): 4302-4317.
23. Talbi C., Delgado M.J., Ramírez-Trujillo A., Girard L., Caballero-Mellado J., and Bedmar E.J. 2010. **“*Burkholderia phymatum* capable of nodulating *Phaseolus vulgaris* are present in Moroccan soils”**. *Applied and Environmental Microbiology* 76 (13): 4587–5591.
24. Valdés-López O., Yang S.S., Aparicio-Fabre R., Graham P.H., Reyes J.L., Vance C.P., Hernández G. 2010. **“MicroRNAs expression profile in common bean (*Phaseolus vulgaris*) during nutrient deficiency stresses and manganese toxicity”**. *New Phytologist* 187: 805-818.
25. Wong-Villarreal A., and Caballero-Mellado J. 2010. **“Rapid identification of nitrogen-fixing and legume-nodulating *Burkholderia* species base on PCR 16S rRNA species-specific oligonucleotides”**. *Systematic Applied Microbiology* 33 (1): 35-43.
26. Yang S.S., Valdés-López O., Xu W.W., Bucciarelli B., Gronwald J.W., Hernández G., Vance C.P. 2010. **“Transcript profiling of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using the GeneChip soybean genome array: optimizing analysis by masking biased probes”**. *BMC Plant Biology* 10: 85.
27. Zavaleta-Pastor M., Sohlenkamp C., Gao, J.L., Guan Z., Zaheer R., Finan T. M., Raetz C. R. H., López-Lara I. M., and Geiger O. 2010. **“*Sinorhizobium meliloti* phospholipase C required for lipid remodeling during phosphorus limitation”**. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 107: 302-307.

28. Zepeda-Mendoza C.J., Lemus T., Yáñez O., García D., Meza-Sosa K.F., Gutiérrez-Arcelus M., Márquez-Ortiz Y., Domínguez-Vidaña R., Gonzaga-Jáuregui C., Flores M., Palacios R. 2010. **"Identical repeated backbone of the human genome"**. *BMC Genomics* **11**: 60

Artículos publicados en revistas nacionales

1. Calvo P., Ormeño-Orrillo E., Martínez-Romero E., Zúñiga D. 2010. **"Characterization of *Bacillus* isolates of potato rhizosphere from andean soils of Peru and their potential PGPR characteristics"**. *Brazilian Journal of Microbiology* **41**: 899-906

OTROS PRODUCTOS

Capítulos en Libros

1. López-Lara I.M., and Geiger O. 2010. **"Formation of fatty acids"**. In: *Handbook of hydrocarbon and lipid microbiology hydrocarbons, oils, and lipids: Diversity, properties and formation*. K.N. Timmis (Ed.). Cap. 26, pp. 385-394.
2. Geiger O., Sohlenkamp C., and López-Lara I. M. 2010. **"Formation of bacterial membrane lipids: Pathways, enzymes, reactions"**. In: *Handbook of hydrocarbon and lipid microbiology hydrocarbons, oils, and lipids: Diversity, properties and formation*. K. N. Timmis (Eds.). Cap. 27, pp. 396-405
3. Geiger, O. 2010. **"Lipids and *Legionella* virulence"** In: *Handbook of hydrocarbon and lipid microbiology hydrocarbons, oils, and lipids: Diversity, properties and formation*. K. N. Timmis (Ed.). Cap. 64, pp. 3195-3202.
4. López-López, A., Rosenblueth, M., and Martínez-Romero, E. 2010. **"Rhizobial symbioses in tropical legumes and non-legumes"**. In: *Soil Biology and Agriculture in the Tropics*. Vol. 21. P. Dion (Ed.). pp.163-184
5. Martínez-Romero, J., Ormeño-Orrillo E., Rogel M.A., López-López, A., and Martínez-Romero, E. 2010. **"Trends in Rhizobial evolution and some taxonomic remarks"**. In: *Evolutionary Biology-concepts, Molecular and Morphological Evolution*. P. Pontarotti (Eds.). pp. 301-315.
6. Talbi C., Sánchez C., Girard L., Bedmar E. and Delgado M.J. 2010. **"La sobreexpresión de la oxidasa *cbb₃* de *Rhizobium etli* incrementa la tolerancia de *Phaseolus vulgaris* a la sequía"**. En: *Avances en el metabolismo del nitrógeno*. M.J. Bonete y R.M. Martínez-Espinosa (Eds.). Cap.27, pp. 223-228
7. Valdés-López O., Graham P.H., Ramirez M., Udvardi M.K., Reyes J.L., Vance C.P. and Hernández G. 2010. **"Transcriptional and post-transcriptional regulation in common bean nodules"**. In: *Biology of Plant-Microbe Interactions*. Vol. 7. H. Antoun, T. Avis, L. Brisson, D. Prévost, and M. Trepanier. (Eds.). Paper 57.

8. Vinuesa P. “**Multilocus sequence analysis and bacterial species phylogeny estimation**”. In: *Molecular Phylogeny of Microorganisms*. A. Oren and R. T. Papke (Eds). Caister Academic Press. Chapter 3, pp. 41-64.

Artículos en memorias internacionales.

Calvo-Velez P., Ormeño-Orrillo E., Martínez-Romero E., Oswal A., and Zuñiga-Dávila D. (2010). “**PGPR potential of *Bacillus* isolated from potato Rhizosphere in the Andean highlands of Peru**”. *Phytopathology* **100**: S20

López-Bojorquez L, Bonavides-Martínez C., Bojorquez C., and Collado-Vides J. (2010). “**Report on the International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009**”. *EMBnet.journal*. 16 (Supplement A).

PARTICIPACIÓN EN CONGRESOS POR INVITACION

Internacionales

FAO International Conference on Agricultural Biotechnologies in Developing Countries 2010. Guadalajara, Jal. Mex. 1 - 4 de Marzo, 2010.

- Peralta H., Mora J. “Improved common bean inoculant for sustainable agriculture”.

International *E. coli* Alliance, Functional Genomics Mini-symposium. West Lafayette, Indiana, USA. 14 -18 de Abril, 2010.

- Collado-Vides, J. “Literature knowledge vs. high throughput challenges in gene regulation in *E. coli* K12”

FEBS Workshop Microbial Lipids, from Genomics to Lipidomics. Vienna, Austria. 13-15 de Mayo, 2010.

- Geiger O., Zavaleta-Pastor M., Sohlenkamp C., Guan Z., Raetz C.H.R., López-Lara I.M. “*Sinorhizobium meliloti* phospholipase C required for lipid remodeling during phosphorus limitation”.

21st North American Nitrogen Fixation Conference. Columbia, Missouri, USA. 13-18 de Junio, 2010.

- Geiger O., Zavaleta-Pastor M., Sohlenkamp C., López-Lara I.M. “*Sinorhizobium meliloti* phospholipase C required for lipid remodeling during phosphorus limitation”.
- Martínez-Romero E., Ormeño-Orrillo E., Rogel M.A., González V., Acosta J.L., Martínez J. “Trends in Rhizobial evolution: Conservation of symbiotic plasmids, exception or rule”.
- Reddy P.M., Khandual S., Alvarado-Affantranger X., Silvente S., Blanco L., Hernández G., Lara-Flores M. “Regulation of the nodule-enhanced calmodulin and C and N metabolism gene promoters of common bean”.

XIII National Meeting of the Spanish Society of Nitrogen Fixation and II Portuguese-Spanish Congress on Nitrogen Fixation. Zaragoza, España 15 -18 de Junio, 2010.

- Caballero-Mellado J., Martínez-Aguilar L., Onofre-Lemus J., Wong-Villarreal A., Castro-González R., Gómez-Hernández N., Ramírez-Trujillo A., Estrada de los Santos P. “Plant growth promotion, biological control and bioremediation mechanisms in novel plant-associated nitrogen-fixing *Burkholderia* species”.
- Hernández G., Ramírez M., Valdés-López O., Aparicio-Fabre R., Yang S.S., Naya L., Mendoza A.B., Nova-Franco B., Leija A., Fuentes S.I., Arellano J., Girard L., Sánchez F., Reyes J.L., Vance C.P. “Common bean-*Rhizobium* symbiosis: Functional genomics of legume responses to abiotic stresses”.

Vth International Congress on Legume Genetics and Genomics. Asilomar Conference Grounds. Pacific Grove, CA. USA. 2 - 8 de Julio, 2010.

- Hernández G., Ramírez M., Valdés-López O., Aparicio-Fabre R., Yang S.S., Naya L., Mendoza A.B., Nova-Franco B., Leija A., Fuentes S.I., Arellano J., Udvardi, M.K., Kopka, J., Weiller, G., Girard, L., Sánchez, F., Reyes, J.L., Vance, C.P. “Common bean response to phosphorus deficiency and metal toxicity: Transcriptomics, metabolomics, transcription factors and microRNAs profiles”.

Workshop on Small RNAs in Legumes. Vth International Congress on Legume Genetics and Genomics. Asilomar Conference Grounds. Pacific Grove, CA. USA. 2 de Julio, 2010.

- Hernández G., Valdés-López O., Yang S.S., Naya L., Mendoza A.B., Nova-Franco B., Aparicio-Fabre R., Reyes J.L., Vance C.P. “Common bean (*Phaseolus vulgaris*) microRNAs: expression profile in plants under abiotic stress”.

28th International Horticulture Congress. Lisboa, Pt. 22 - 27 de Agosto, 2010.

- Martínez-Romero E., López-López A., Rogel M.A., Martínez-Romero J., Ormeño-Orrillo E., Rosenblueth M., Toledo I. “Seed-borne endophytes: Diverse communities with possible roles in germination or defense”.

9th European Nitrogen Fixation Conference. Ginebra, Suiza. 6 -10 de Septiembre, 2010.

- González V., Acosta J.L., Santamaria R.I., Bustos P., Lozano L., Rogel M.A., Cevallos M.A., Romero D., Martínez E., Dávila G. “The multireplicon pangenome structure of *Rhizobium etli* and the evolution of symbiotic plasmids”.

1st International Conference on Bioinformatics SoIBio 2010. Termas de Chillán, Chile, 26 -28 de Septiembre, 2010.

- Collado-Vides J. “Transcriptional regulation of *Escherichia coli* K-12 integrated within genetic sensory-response units or gesorgans”.

II Congreso Internacional de Interacciones Microbianas. Puebla, Mex. 11 de Octubre 2010.

- Vinuesa P. “Análisis metagenómico de comunidades de *Bradyrhizobium* asociadas a selvas mexicanas”.

International Microbial Biodiversity Symposium 2010. 14-15 Octubre, 2010. Cuernavaca, Morelos, México.

- Brom S., Cervantes L., Bustos P., Girard L., Santamaría R.I., Dávila G., Vinuesa P., Romero D. “The conjugative plasmid of a bean-nodulating *Sinorhizobium fredii* strain is assembled from sequences of two *Rhizobium* plasmids and the chromosome of a *Sinorhizobium* sp. strain”.
- Estrada de los Santos P., Martínez-Aguilar L., Castro-González R., Onofre-Lemus J., Ramírez-Trujillo J.A., Gómez-Hernández N., Salazar-Salazar C., Caballero-Mellado J. “Diversity of N₂-fixing *Burkholderia* species and their potential use in agrobiotechnology”.
- González, V. “The multireplicon pangenome of *Rhizobium etli* in relation to the evolution of the symbiotic plasmids”.
- Peralta H., Guerrero G., Aguilar A., Díaz R., Vargas C., Mora J. “Genomic analysis of ortholog variability in Rhizobiales species”.
- Zozaya E., Avila A., Miranda M., Vinuesa P. “Lineage-targeted metagenomic analysis of rhizobial communities”.

International Conference on Plasmid Biology 2010. Bariloche, Arg. 6 -12 de Noviembre, 2010.

- Brom S., Cervantes L., Ponce Y., Bustos P., Santamaria R.I., Dávila G., Romero D. “A conjugative *Sinorhizobium fredii* plasmid assembled from sequences of two *Rhizobium* plasmids and the chromosome of a *Sinorhizobium* sp. Strain”.
- Landeta C., Dávalos A., Cevallos M.A., González V., Sohlenkamp C., Geiger O., Brom S., Romero D. “Plasmids moonlighting as chromosomes in *Rhizobium*”.
- Pérez-Oseguera A., Cevallos M.A. “Transcriptional regulation of the *repABC* replication partitioning system of the *Rhizobium etli* symbiotic plasmid”.

Nacionales.

1^{er} Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias. San Miguel Regla, Hgo. 22 - 25 de Marzo, 2010.

- Brom S., Cervantes L., Ponce Y., Bustos P., Santamaría R. I., Dávila G., and Romero D. “Conjugative transfer in *Rhizobium*”.

- Cevallos M.A., Cervantes-Rivera R. “*In vitro* and *in vivo* analyses of the mechanism of action of antisense RNA that controls the replication of a *repABC* plasmid”.
- Geiger O., Zavaleta-Pastor M., Sohlenkamp C., Medeot D., Silva N., López-Lara I.M. “*Sinorhizobium meliloti* phospholipase C required for lipid remodeling during phosphorus limitation”.
- Romero D., Castellanos M., Santoyo G., Rodríguez C., Yáñez F., Durán L. “Gene conversion in *Rhizobium*: Roads towards equality”.
- Sohlenkamp C. “Modification of membrane lipids in *Rhizobium tropici* under acid stress”.

10 Reunión de Ciencias Médicas-Universidad de Guanajuato. León, Gto. 21 - 23 de Abril, 2010.

- Encarnación S. “Proteómica en Cáncer”.

Bicentennial Colloquium of the Alexander Von Humboldt Foundation. México, D.F. 4 -6 de Junio, 2010.

- Geiger O. “Compositional flexibility of bacterial membranes is crucial for bacterial stress resistance”.
- Sohlenkamp C. “Identification of the gene encoding cardiolipin synthase in bacteria of the genus *Streptomyces*”.

XXXVII Congreso Nacional de Microbiología. Morelia, Mich. 29 de Junio - 2 de Julio, 2010.

- Encarnación S., Trejo-Hernández A., Andrade-Domínguez A., Meneses N., Hernández M., Elizalde-Contreras M., Contreras-Martínez S. “Análisis proteómico y de pequeñas moléculas del biofilm mixto de microorganismos”.
- González V., Acosta J.L., Santamaria,R.I., Bustos P., Fernandez J.L., Lozano L.F., Dávila G. “El pangenoma multirreplicón de *Rhizobium etli*”.
- Martínez-Romero E., Rosas T., López-Guerrero M., Ramírez-Puebla T., Ormeño-Orrillo E., Rosenblueth M., Rogel M.A., Martínez J. “Genómica funcional de simbiontes benéficos de insectos y plantas”.
- Martínez-Romero E., Ormeño-Orrillo E., Rodríguez-Guzmán P., Martínez, J. “Integración y complementación de la microbiología con la genómica, ecología y epidemiología”.
- Santamaria R.I., Bustos P., Fernandez, J.L. Juárez S., Dávila G., González V. “Análisis genómico de bacteriófagos de *Rhizobium etli*”.

- Vinuesa P. “Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y evolutiva”.

Semana Nacional de Bioinformática NNB-2010. Cuernavaca, Mor. 2 - 6 de Agosto, 2010.

- Encarnación S. “Estudio del cáncer cérvico uterino mediante genómica funcional”.
- Collado-Vides J. “Historia y retos en el modelaje (biológico y computacional) de la regulación genética microbiana”.

Congreso Nacional de Genética 2010. México, D.F. 20 de Octubre, 2010.

- Rodríguez C. “Metodologías moleculares de vanguardia”.

XXVIII Congreso de la Sociedad Mexicana de Bioquímica. Tuxtla Gutiérrez, Chis. 7 - 12 de Noviembre, 2010.

- Martínez-Romero E., Rosas T., Rincón Rosales R., Rosenblueth M., Ramírez-Puebla T. “Genómica de bacterias endosimbiontes de diversos insectos como el Nij (*Llaveia sp*) utilizado para producir la laca de artesanías en Chiapas”.
- Pérez Vázquez V., Mares D.P., Flores Pére, E.C., Hernández M., López Brione, S., Macías Cervantes M.H., Ramírez Emiliano J., Encarnación S. “Perfiles de expresión de proteínas en páncreas e hígado de ratones diabéticos DB/DB”.

II Jornada Nacional de Innovación y Competitividad. Cuernavaca, Mor. 11 de Noviembre, 2010.

- González V. “Oportunidades de innovación en Ciencias Genómicas”.

Simposio de Aplicaciones de la Proteómica a la Salud. León, Gto. 15 -19 de Noviembre, 2010.

- Encarnación S. “Estudio proteómico del cáncer cérvico-uterino utilizando electroforesis bidimensional en gel (2D-PAGE) y espectrometría de masas tipo MALDI-TOF”.

PRESENTACIONES LIBRES EN CONGRESOS.

Internacionales.

Plant and Animal Genome XVIII . San Diego, CA: USA. 9 - 13 de Enero, 2010.

- Valdés-López O., Yang S.S., Graham P.H., Reyes J.L., Vance C.P., Hernández G. “Identification of nutritional stress-responsive miRNAs in *Phaseolus vulgaris*”.

- Valdés-López O., Yang S.S., Foo C., Gronwald J.W., Samac D.A., Hernández G., Vance C.P. “MicroRNAs and microRNA targets involved in alfalfa stem development”.
- Yang S.S., Valdés-López O., Xu W.W., Bucciarelli B., Gronwald J.W., Hernández G., Vance C.P. “Transcript profiling of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using Genechip® Soybean Genome Array: Optimizing analysis by masking biased probes”.

Days of Molecular Medicine 2010. Estocolmo, SE. 20 -22 de Mayo, 2010.

- Resendis-Antonio O. “Systems biology approaches to cancer and metabolic Disease”.

110th General Meeting, American Society Microbiology. San Diego, CA, USA. 23 - 27 de Mayo, 2010.

- Gyaneshwar P., James E.K., Poweleit N.L., Reddy P.M., Ladha J.K. “Endophytic colonization and *nif* gene expression by *Rhizobium (Agrobacterium)* strain IRBG74 within rice (*Oryza sativa L.*)”.

21st North American Nitrogen Fixation Conference. Columbia, MO, USA. 13 - 18 de Junio, 2010.

- Ormeño-Orrillo E., Mao C., Rogel M.A., Sobral B., Hungria M., Martínez-Romero E. “The genome of *Rhizobium tropici* CIAT 899: Insights into its broad host range and antimicrobial resistance”.
- Santamaria R.I., Bustos P., Fernandez J.L., Juárez S., Dávila G., González V. “Genomic analysis of *Rhizobium etli* bacteriophages”.

XIII National Meeting of the Spanish Society of Nitrogen Fixation and II Portuguese-spanish Congress on Nitrogen Fixation . Zaragoza, Esp. 15 -18 de Junio, 2010.

- Naya L., Valdés-López O., Mendoza A.B., Nova-Franco B., Yang S.S., Aparicio-Fabre R., Vance C.P., Reyes J.L., Hernández G. “MicroRNAs expression profile during symbiotic nitrogen fixation in nutrient- or metal-stressed common bean (*Phaseolus vulgaris*) plants”.
- Talbi C., Delgado M.J., Girard L., Ramírez-Trujillo J.A., Caballero-Mellado, J., Bedmar E. J. “Identification of common bean-nodulating *Burkholderia phymatum* isolated from Moroccan soils”.
- Talbi C., Sánchez C., Hidalgo-García A., Girard L., Bedmar E.J., Delgado, M.J. “The implication of *Rhizobium etli cbb₃* oxidase in the response of common bean to drought”.

Vth International Congress on Legume Genetics and Genomics. Asilomar Conference Grounds. Pacific Grove, CA. USA. 2 - 8 de Julio, 2010.

- Naya L., Valdés-López O., Mendoza A.B., Nova-Franco B., Yang S.S., Aparicio-Fabre R., Vance C.P., Reyes J.L., Hernández G. “MicroRNAs expression profile during symbiotic nitrogen fixation in nutrient- or metal-stressed common bean (*Phaseolus vulgaris*) plants”.
- Panzeri D., Martinelli T., Cremonesi P., Strozzi F., Ramirez M., Tagliabue G., Stella A., Castiglioni B., Hernández G., Sparvoli F. “Physiological and transcriptional analysis of the bean lpa-280-10 mutant under phosphorous starvation”.
- Ramírez M., Guillén G., Valdés-López O., Fuentes S.I., Encarnación S., Salazar E., Sparvoli S., Panzeri D., Hernández G. “Functional genomics of common bean-*Rhizobium* symbiotic Nitrogen fixation under oxidative stress”.

1st International Symposium on the Nitrogen Nutrition of Plants. Inuyama, Jp. 26 -30 de Julio, 2010.

- Estivil G., Betti M., Guardada P., Maestre A., Arellano J., Hernández G., Márquez A.J., Galván F. “Biochemical and transgenic approaches to analyze site directed mutants from the active site of higher plant glutamine synthetase”.

Plant Biology 2010. Montreal, Ca. 31 de Julio - 4 de Agosto, 2010.

- Yang S.S., Valdés-López O., Naya L., Gronwald J.W., Samac D.A., Hernández G., Vance,C.P. “MicroRNAs and microRNA targets involved in alfalfa stem development”.

13th International Symposium on Microbial Ecology. Seattle, WA, USA. 22 - 27 de Agosto, 2010.

- Morales-Jiménez J., Vera-Ponce de León A., Fragoso J.C., Martínez-Romero E., Zuñiga G., Hernández-Rodríguez C. “Characterization and comparison of bacterial communities associated with *Dendroctonus valens* and *Dendroctonus rhizophagus* through their life cycles”.
- Andrade A., Herrera Y., Elizalde M., Vargas M.C., Encarnación S. “Small molecules and alternative metabolic pathway of yeast drive the establishment of experimental fungal-bacterial community”.
- Trejo-Hernández A., Andrade A., Elizalde M., Hernández M., Encarnación S. “Proteome analysis of mixed biofilm *Candida albicans*-*Pseudomonas aeruginosa*”.

XXVIII Reunión Argentina de Fisiología Vegetal. La Plata, Arg. 26 - 29 de Septiembre, 2010.

- Grumberg B., Luna C., Gi, S.V., Reddy P.M., Lara-Flores,M., Silvente S. “Regulación de la expresión génica de poliaminas y la defensa antioxidante en *Glycine max* con tolerancia diferencial al estrés por sequía”.

International Microbial Biodiversity Symposium 2010. 14-15 Octubre, 2010. Cuernavaca, Morelos, Mex.

- González V., Bustos P., Santamaria R.I., Lozano L.F., Acosta J.L., Rogel M.A., Juárez S., Martínez-Romero E., Romero D., Cevallos M.A., Dávila G. “Genomic diversity of *Rhizobium etli* in relation to the evolution of symbiotic plasmids”.
- Santamaría R.I., Bustos P., Fernández J.L., Juárez S., Dávila G., González V. “Genomic analysis of *Rhizobium etli* bacteriophages”.

VII Encuentro Latinoamericano y del Caribe sobre Biotecnología Agropecuaria. Jalisco, Gda. Mex. 1 - 5 de Noviembre, 2010.

- García Méndez M.C., Arellano J., Álvarez L., Castillo-España P. “Micropropagación de *Acourtia* sp. por brotación múltiple, planta con potencial farmacológico”.
- Navarro-Cruz G.C., Arellano J., Álvarez L., Lina-García L., Castillo-España, P. “Organogénesis indirecta y directa de *Lopezia racemosa* cav. especie con potencial anticancerígeno”.

9th European Nitrogen Fixation Conference. Ginebra, Suiza. 6 -10 de Septiembre, 2010.

- Zamorano-Sánchez D., Gómez-Hernández N., Reyes-González A., Girard L. “Global regulatory analysis of Fnr-like proteins in *Rhizobium etli* CFN42”.

Fourth International Biocuration Conference. Odaiba, Tokio, Jp. 11 -14 de Octubre, 2010.

- Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Peralta-Gil M., Weiss V., Salgado H., Solano-Lira H., Collado-Vides J. “Information on transcriptional regulation and signal transduction of *Escherichia coli* K-12 integrated in the database RegulonDB”.

International Conference on Plasmid Biology 2010. Bariloche, Arg. 6 -12 de Noviembre, 2010.

- Villaseñor T., Brom S., Dávalos A., Lozano L., Romero D. and García-de los Santos A. “The 642-kb plasmid p42f encodes essential functions for growth of *Rhizobium etli* CFN42 in minimal medium”.

PhD Students Symposium (Swiss Proteomics Society). Basilea, Suiza. 1 -2 de Diciembre, 2010.

- Higareda-Almaraz J.C., Enríquez M.R. Hernández M., Encarnación S. “Analysis of proteomic patterns of cervical cancer cell lines”.

Nacionales

1^{er} Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias. San Miguel, Hgo. 22 - 25 de Marzo, 2010.

- Castellanos-Escamilla M., Yáñez O., Romero D. "Effect of *recG* overexpression in gene conversion in *Rhizobium etli*".
- Cervantes L., Brom S. "Identification and characterization of the transfer region of plasmid pGR64a of *Sinorhizobium fredii* GR64".
- Hernández R., Brom S., Romero D. "Characterization of the site-specific recombinase IntA encoded in plasmid p42a of *Rhizobium etli* CFN42".
- Landeta C., Dávalos A., Cevallos M.A., González, V., Sohlenkamp C., Geiger O., Brom S., Romero D. "An essential role of plasmid p42e in *Rhizobium etli* survival".
- Orduña-Estrada P., Barrios Camacho H., Cevallos M.A., Ponce de León S., López Vidal Y. "Genetic characterization of BCG Mexico 1931".
- Rodríguez C., Castellanos M., Romero D. "Recombination mutants (*addAB* and *recF*) in gene conversion associated to cointegration in *Rhizobium etli* CFN42".
- Vera-Ponce de León A., Morales-Jiménez J.I., Zúñiga G., Martínez-Romero E., Hernández-Rodríguez C. "Molecular identification and nitrogen fixation of α -pinene degrading bacteria isolated from the *Dendroctonus rhizophagus* and *D. valens* (curculionidae: Scolytinae) gut".
- Villaseñor-Toledo T., Brom, S., Dávalos A., Romero D., García-de los Santos A. "Plasmids of *Rhizobium etli* and *Rhizobium leguminosarum* carry housekeeping genes essential for pantothenate biosynthesis".
- Yáñez F., Castellanos M., Romero D. "The effect of *radA* over gene conversion in *Rhizobium etli*".

10 Reunión de Ciencias Médicas-Universidad de Guanajuato. León, Gto. 21 - 23 de Abril, 2010.

- Flores Pérez E., Mares-Álvarez D.P., Hernández M., Ramírez Emiliano J., López-Briones S., Encarnación S., Pérez Vázquez V. "Enfoque proteómico comparativo en hígado de ratón diabético db/db de 10 y 20 semanas de edad".
- Mares Álvarez D.P., Flores-Pérez E., Hernández M., Ramírez Emiliano J., Cervantes M., Encarnación S., Pérez Vázquez V. "Cambios de expresión de proteína en páncreas de ratón diabético db/db".

XXXVII Congreso Nacional de Microbiología. Morelia, Mich. 29 de Junio - 2 de Julio, 2010.

- Vinuesa P. “Evolución y Ecología de comunidades del virus de influenza A/H1N1: un análisis global automatizado de todas las secuencias disponibles en GenBank”.

VII Reunión Nacional de la Red Mexicana de Bioenergía, A.C. Cuernavaca, Mor. 25 -28 de Octubre, 2010.

- Toledo I., Islas J., Manzini F., Martínez-Romero E. “Manejo de *J. curcas* (L) mexicanas e introducidas, en dos escenarios contrastantes y su caracterización con marcadores moleculares específicos”.
- Vázquez-Perales R., Islas J., Toledo I., Martínez-Romero E., Aguillón J. E., García-Barrios R. “Modelos alométricos para estimar la biomasa y energía de plantaciones de acacias en sistemas agroforestales”.

XXXV Congreso Nacional de Genética Humana. Puebla, Pue. 1 de Noviembre de 2010.

- Arenas Aranda D.J., Castrejón Gallego, B., Encarnación S., López Aguilar E., Pérez Ramírez J.D., Ramírez Reyes A.G., Zarco Espinosa G., Salamanca Gómez, F.A. “Aplicación de técnicas de proteómica para el estudio de cáncer”.

XXVIII Congreso de la Sociedad Mexicana de Bioquímica. Tuxtla Gutiérrez, Chis. 7 - 12 de Noviembre, 2010.

- Dunn M.F., Cruz L., Girard L., Mora J. “Regulación de enzimas para la síntesis de arginina en *Sinorhizobium meliloti*”.

PARTICIPACIÓN DIRECTIVA EN SOCIEDADES CIENTÍFICAS.

- El Dr. Jesús Caballero Mellado[†] fue Delegado de México ante la Red BIOFAG (Red Fertilizantes Biológicos para la Agricultura y el Medio Ambiente-BIOFAG; 108RT0336) del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED). Marzo 2008 – Octubre 2010.
- El Dr. Julio Collado, fue nombrado Presidente fundador de la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática (2009-2012).
- El Dr. Sergio Encarnación es Presidente de la Sociedad Mexicana de Ciencias Genómicas (2007 a la fecha).
- El Dr. Guillermo Dávila Ramos fue Miembro del International Scientific Advisory Board of the 9th European Nitrogen Fixation Conference, Ginebra, Suiza. 2010.
- La Dra. Georgina Hernández fue Miembro del International Advisory Board del Vth International Congress on Legume Genetics and Genomics. Pacific Grove, CA, USA. 2010
- La Dra. Georgina Hernández fue designada como Miembro del Centre Advisory Board del Centre of Excellence for Integrative Legume Research, Australian Research Council, para el período 2009 – 2010.
- La Dra. Esperanza Martínez-Romero es Presidenta del Comité Internacional de Taxonomía de Rhizobium- Agrobacterium (1996-)
- El Dr. David Romero es Secretario de la International Society for Plasmid Biology and other Mobile Genetic Elements (2008-2010).

PARTICIPACIÓN EN COMISIONES DICTAMINADORAS O EVALUADORAS.

- **Dra. Susana Brom K.**
Integrante de la Comisión Dictaminadora del Área de Ciencias Exactas e Ingeniería de la Universidad Autónoma de Estado de Morelos. (Septiembre 2009 -).

Representante del personal académico en el Consejo Académico del Área de las Ciencias Biológicas, Químicas y de la Salud. (Abril 2009 -).
- **Dr. Jesús Caballero Mellado[†].**
Integrante de la Comisión Dictaminadora de Profesor-Investigador del Área VI de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias. Fondo Sectorial de Investigación Científica Básica SEP-CONACYT. (2009-2010).

Integrante de la Sub-Comisión Tecnológica del Sistema Nacional de Investigadores. (2009-2010).

Consejero Académico (Propietario) del Área de las Ciencias Biológicas Químicas y de la Salud. Consejo Académico del Área de las Ciencias Biológicas y de la Salud. Universidad Nacional Autónoma de México. (Abril 2009- 2010).

- **Dr. José Guillermo Dávila Ramos**

Integrante de la Comisión Evaluadora del PRIDE del CCG (Diciembre del 2009-).

- **Dr. Otto Geiger**

Integrante de la Comisión Evaluadora del PRIDE del Instituto de Biotecnología (Junio del 2009-) y del CCG (Diciembre del 2009-).

- **Dra. María de Lourdes Girard C.**

Evaluador de Proyectos de Investigación Científica del Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica de la Agencia Nacional Promoción Científica y Tecnológica (ANPCYT-FONCYT): Convocatoria a Proyectos Científicos y Tecnológicos (PICT). Ministerio de Educación, Ciencia y Tecnología de Argentina.

- **Dr. Víctor González Z.**

Evaluador del Programa Estancias Internacionales 2010 del CONACYT.

Evaluador del Programa Nacional de Posgrados de Calidad 2010 del CONACYT.

- **Dra. Georgina Hernández D.**

Integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Ecología, UNAM. (Agosto 2009-).

Integrante del Comité Evaluador del Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) del Área de las Ciencias Biológicas y de la Salud. Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) – UNAM. (Agosto 2008-).

Integrante del Comité de Evaluación de las solicitudes de Becas para el XX Verano de la Investigación Científica. Academia Mexicana de Ciencias. (Abril 2010-)

Evaluador de Proyectos. Investigación de colaboración internacional (Joint Research Grant) entre National Research Foundation South Africa y Japan Science and Technology Agency, Noviembre de 2010.

- **Dr. Miguel Lara-Flores**

Integrante de la Comisión Dictaminadora. Ciencias Biológicas de la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, por parte del Consejo Académico del Área de las Ciencias Biológicas y de la Salud. (Diciembre 2008 -)

- **Dra. Isabel M. López-Lara**

Evaluador de Proyectos de Investigación Científica del Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica de la Agencia Nacional Promoción Científica y Tecnológica (ANPCYT-FONCYT): Convocatoria a Proyectos Científicos y Tecnológicos (PICT). Ministerio de Educación, Ciencia y Tecnología de Argentina.

Evaluador Externo de la Subcomisión de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias (Grupos-Jóvenes-Centroamérica). CONACYT

- **Dra. Esperanza Martínez-Romero**

Integrante de la Comisión Dictaminadora. Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. (Marzo 2006 – Mayo, 2010).

Revisora del donativo competitivo del Netherlands Organisation for Scientific Research del área Earth and Life Sciences de Holanda sobre endófitos de plantas del Ártico. 2010.

Revisora del Plan Nacional de Acción sobre Recursos Genéticos Microbianos y del Diagnóstico de Recursos Genéticos Microbianos. 2010.

- **Dr. Jaime Mora C.**

Evaluador de Proyectos del Fondo Clemente Estable ANII (Agencia Nacional de Investigación e Innovación) de Uruguay.

- **Dr. Pallavolu M. Reddy.**

Evaluador de proyectos para National Science Foundation. EEUU

- **Dr. David R. Romero C.**

Integrante de la Comisión de Admisión. Academia de Ciencias de Morelos, A. C. (Enero 2008-a la fecha).

Integrante de la Comisión Especial de evaluación del desempeño de los profesores con nivel IX en el Programa de Estímulos al Desempeño del Personal Docente. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Junio 2009 a la fecha.

PARTICIPACIÓN EDITORIAL EN REVISTAS INTERNACIONALES Y NACIONALES.

- La Dra. Esperanza Martínez-Romero es Miembro de los Comités Editoriales del *Journal of Bacteriology*, del *Applied and Environmental Microbiology*, del *ISME Journal* y de *DNA and Cell Biology*.
- El Dr. Rafael Palacios es Editor eventual por invitación del *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*.
- El Dr. David Romero es Editor Asociado de la *Revista Latinoamericana de Microbiología*. (Julio de 2005- a la fecha).
- El Dr. Otto Geiger es Editor Asociado de la revista *BMC Microbiology* (1º de Diciembre del 2009 – a la fecha).

- El Dr. Osbaldo Resendis-Antonio es miembro del Comité Editorial del *Journal of Pharmacogenomics and Pharmacoproteomics* y Editor Asociado del *Frontiers in Systems Biology*.

DONATIVOS A PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

INSTITUCION	RESPONSABLE / CORRESPONSABLE	PROYECTO	VIGENCIA	MONTO RECIBIDO EN EL 2010
CONACYT	Dr. David Romero Camarena	"Fortalecimiento de La Infraestructura del Centro de Ciencias Genómicas"	22-01-2010 - 31-12-2010	\$1,025,546.00
CONACYT	Dra. Esperanza Martínez Romero	"Ecología Evolutiva de Micobacterias Ambientales en el Río Apatlaco"	15-05-2007 - 14-05-2010	\$205,000.00
CONACYT	Dra. Georgina Hernández Delgado	"Vías de señalización en las Respuestas de Frijol al Estrés Abiótico"	30-11-2008 - 29-09-2011	\$300,000.00
CONACYT Bilateral México-Italia	Dra. Georgina Hernández Delgado	"Caracterización de La Mutante de Frijol (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) <i>lpa-280-10</i> (low phytic acid): Transcriptoma y análisis Funcional de La Respuesta a La Deficiencia de Fósforo"	01-01-2009 - 31-12-2011	\$111,539.14
CONACYT	Dr. Julio Collado Vides	"Biología Sintética: Dinámica y Evolución de Circuitos y Módulos Regulatorios en <i>E. coli</i> ."	23-03-2010 - 25-10-2012	\$1,587,000.00
CONACYT	Dr. Miguel Ángel Cevallos Gaos	"Control Postranscripcional y Postraduccional de La Replicación de un Plásmido <i>repABC</i> "	05-04-2010 - 04-04-2012	\$315,146.00
CONACYT	Dr. Osbaldo Resendis	"Biología de Sistemas en <i>Rhizobium etli</i> : Modelaje e Integración con Tecnología Genómica"	30-11-2008 - 30-09-2011	\$207,550.00
CONACYT	Dr. Pablo Vinuesa	"Análisis Filogenético Comparativo de La Diversidad Molecular de Comunidades de Rizobios y de sus Genes Simbióticos en Parches de Selva Baja Caducifolia con Distinto Grado de Conservación en La Reserva de La Biosfera Sierra de Huautla Mor, México"	27-06-2007 - 27-09-2010	\$250,000.00
CONACYT (RENIECYT)	Dra. Esperanza Martínez Romero	"Análisis taxonómico, filogenético y genómica"	11/05/2010	\$88,000.00

México-Brasil		comparativa de grupos de rizobios de interés biotecnológico".		
CONACYT	Dr. Otto Geiger	"Ciclos de lípidos membranales en rizobias y sus contribuciones a la señalización.	15/06/2008-14/06/2011	\$322,593.00
CONACYT	Dr.Sergio Encarnación G.	"Estudio del fosfoproteoma de <i>Rhizobium etli</i> en vida libre y durante la simbiosis con <i>Phaseolus vulgaris</i> "	05/10/2007-04/10/2010	\$303,750.00
DGAPA	Dra. Georgina Hernández Delgado	"Regulación Transcripcional y Post-transcripcional de La Respuesta del Frijol al Estrés Abiótico"	01-01-2010 - 31-12-2012	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Jaime Mora Celis	"Análisis Global de La Adaptación Funcional de <i>Rhizobium etli</i> mediante Sustitución Sistemática de Genes"	01-01-2010 - 31-12-2012	\$200,000.00
DGAPA	Dr. José Guillermo Dávila Ramos/Dr. Victor González Zúñiga	"El Papel de los Bacteriófagos en La Microevolución de <i>Rhizobium etli</i> "	01-01-2008 - 31-12-2010	\$199,570.00
DGAPA	Dr. Julio Collado Vides	"STM-RegulonDB:una Base de Datos de La Regulación Genética de Salmonella Entérica Serovar Typhimurium"	01-01-2009 - 31-12-2011	\$200,000.00
DGAPA	Dra. María de Lourdes Girard Cuesy	"Análisis de La Expresión Global Mediada por los Reguladores StoR y ActR en <i>Rhizobium etli</i> Basado en ChiP-on-chip"	01-01-2009 - 31-12-2011	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Mario Ramírez Yáñez	"Análisis Trascriptional de La Respuesta a Estrés Oxidativo en los Simbiontes: Frijol y <i>Rhizobium</i> durante La Fijación de Nitrógeno"	01-01-2008 - 31-12-2010	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Michael Frederick Dunn	"Genómica Funcional de La Biosíntesis de La Arginina en <i>Sinorhizobium meliloti</i> : Enzimas para La Acetilación de Glutamato y La	01-01-2008 - 31-12-2010	\$194,562.00

		Utilización de <i>N</i> -acetilglutamato"		
DGAPA	Dr. Miguel Ángel Cevallos	"Análisis Genético y Molecular de La Regulación Postraducciona de Una Proteína Iniciadora de La Replicación: el caso de RepC de los Plásmidos <i>repABC</i> "	01-01-2008 - 31-12-2010	\$160,000.00
DGAPA	Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero	"Análisis del Promoteroma Dependiente del Factor $\sigma 70$ en α -proteobacteria"	01-01-2010 - 31-12-2010	\$197,000.00
DGAPA	Dr. Miguel Lara Flores	"Mecanismos de señalización por Nitrógeno y Carbono y su Participación en el Proceso Simbiótico en Leguminosas"	01-01-2009 - 31-12-2010	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Osbaldo Resendis Antonio	"Modelación Metabólica de Cáncer y su Integración con Datos de Proteoma"	01-01-2009 - 31-12-2011	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Otto Geiger	"Cambios del Transcriptoma, del Proteoma y de Funciones Causadas por Lípidos de Membrana"	01-01-2009 - 31-12-2011	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann	"Diversidad y Distribución Ambiental de <i>Escherichia coli</i> y Genes de Virulencia Indicadores de Patotipos EPEC y ETEC en Ríos de Morelos con Niveles Contrastantes de Perturbación Antropogénica: Aproximaciones Metagenómicas y Dependientes de Cultivo"	01-01-2010 - 31-12-2012	\$160,000.00
DGAPA	Dr. Pallavolu M Reddy	"Bioengineering Nodulation Signal Transduction Pathway for Symbiotic Nitrogen Fixation in Rice"	01-01-2008 - 31-12-2010	\$200,000.00
DGAPA	Dr. Sergio Encarnación Guevara	"Análisis del Fosfoproteoma de <i>Rhizobium etli</i> en La Vida Libre y La Simbiosis"	01-01-2010 - 31-12-2012	\$160,000.00
DGAPA	Dra. Sonia Teresa Silvente Keller	"Participación de las Poliaminas en La Respuesta a La Sequía de La Fijación de Nitrógeno en Frijol"	01-01-2010 - 31-12-2012	\$185,000.00

DGAPA	Dra. Susana Brom Klanner/Dr. David Romero Camarena	"Transferencia Horizontal y Generación de Diversidad en Plásmidos de <i>Rhizobiaceas</i> "	01-01-2009 - 31-12-2011	\$200,000.00
National Institute Health -NIGMS-National	Dr. Julio Collado Vides	"Gene Regulation <i>E. coli</i> Database Integrated Modeling"	01-01-2008 - 08-12-2012	\$3,804,369.39
SRI International	Dr. Julio Collado Vides	"Encyclopedia of <i>E. coli</i> Genes and Metabolism"	30-06-2009 - 30-06-2010	\$436,943.83
Purdue University	Dr. Julio Collado Vides	"Mapeo y Anotación Extensos de Transcriptoma de <i>E. coli</i> "	30-09-2009 - 31-08-2010	\$309,693.69
SAGARPA	Dra. Esperanza Martínez R.	Subsistema Nacional de Recursos Genéticos Microbianos		\$300,000.00
BBVA Fundación Bancomer-UPM	Dra. Esperanza Martínez R.	"Estudio comparativo de bacterias endosimbióticas fijadoras de nitrógeno aisladas de <i>Phaseolus lunatus</i> y de <i>Lupinus mariae-josephi</i> ".		\$57,000.00

CONVENIOS PARA INVESTIGACIÓN APLICADA O CONVENIOS DE TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA O PATENTES.

- **Dr. Jaime Mora Celis.** Convenio de Licenciamiento de Tecnología para la producción de biofertilizante para plantas basado en bacterias de *Rhizobium* con capacidad mejorada de fijación de nitrógeno con la empresa Asesoría Integral Agropecuaria y Administrativa, S.A. de C.V. Período Octubre 2003-Octubre 2013.
- **Dr. Jesús Caballero Mellado[†].** Convenio de Licenciamiento de Tecnología para la producción de biofertilizantes a base de *Azospirillum* para los cultivos de cereales con la empresa Asesoría Integral Agropecuaria y Administrativa, S.A. de C.V. Período Octubre 2002-Octubre 2012.
- La **Dra. Esperanza Martínez** y la **Dra. Ivonne Toledo** colaboran por el CCG en el convenio CCG-CIE-Gobierno del Estado de Morelos para la investigación de *Jatropha curcas* destinada a la producción de biodiesel.
- **Dr. Julio Collado Vides.** Convenio de colaboración con Grupo Ambar-UNAM para desarrollo de servicios bioinformáticos potencialmente comercializables.
- **Dr. Julio Collado Vides.** Convenio de colaboración con Winter-UNAM para desarrollo de herramientas y análisis bioinformáticos de proyectos genómicos de secuenciación masiva, en colaboración con el Dr. Enrique Morett del IBT.

4. FORMACIÓN DE RECURSOS HUMANOS Y DOCENCIA

GRADUADOS

Doctorado

Yadira Dávila Martínez.

Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.

“Función de la nueva proteína portadora de grupos acilo Smc01553 en *Sinorhizobium meliloti*”.

Director de Tesis: Dra. Isabel M. López Lara.

7 de Mayo, 2010.

Ramón Cervantes Rivera.

Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.

“Papel de un ARN antisentido en la regulación de la proteína iniciadora de la replicación RepC en el plásmido simbiótico de *R. etli* CFN42”.

Director de Tesis: Dr. Miguel A. Cevallos Gaos.

26 de Noviembre, 2010

Niurka Meneses Morano.

Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.

“Estudio del secretoma de *Rhizobium etli*, utilizando proteómica”.

Director de Tesis: Dr. Sergio M. Encarnación Guevara.

3 de Diciembre, 2010.

Aline López López.

Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.

“Simbiosis de transmisión vertical en frijol (*Phaseolus vulgaris* L): nuevas especies de endófitos de semillas incluyendo *Rhizobium endophyticum*”.

Director de Tesis: Dra. Esperanza Martínez Romero.

9 de Diciembre, 2010.

Maestría

Nora B. Vacaseydel Aceves.

Maestría en Ciencias en Biotecnología Genómica. Centro de Biotecnología Genómica, IPN.

“Aislamiento y diversidad de especies de *Burkholderia* en el Estado de Tamaulipas”.

Director de Tesis: Dra. Paulina Estrada de los Santos.

13 Marzo, 2010.

Licenciatura

Alberto Carlos Ramírez Torres.

Licenciatura en Biología, Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

“Análisis de proteínas de líneas celulares HPV 16+ detectadas por sueros de pacientes e

identificadas por medio de espectrometría de masas”.

Director de Tesis: Dr. Sergio Encarnación G.

Febrero 2010

Ana Luz Álvarez Pérez Gil

Facultad de Ciencias Biológicas, UAEM.

“Análisis de la expresión de genes involucrados en la respuesta a la deficiencia de fósforo en *Phaseolus vulgaris*”

Director de Tesis: Dr. Mario Ramírez Y.

Febrero 2010

Violeta Rodríguez Pérez

Licenciatura en Biología, BUAP.

“La función de la proteína RepB en la segregación y la regulación negativa del operón *repABC*, en el plásmido p42d de *Rhizobium etli*.”

Director de Tesis: Dr. Miguel Ángel Cevallos

7 de Mayo, 2010

Marlene Ortiz Berrocal.

Biología Experimental, Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa.

“Expresión y análisis funcional de los genes simbióticos *CCaMK* y *HK1* de leguminosa en el desarrollo radical de arroz”

Director de Tesis: Pallavolu Maheswara Reddy

16 de Julio 2010

Estephany Tondopo Jiménez

Facultad de Ciencias Biológicas. UNICACH

“Aislamiento de especies diazotróficas del género *Burkholderia* asociadas a la rizosfera de cultivos de maíz en Rincón Chamula, Pueblo Nuevo Solistahuacán, Chiapas”.

Director de Tesis: Dra. Paulina Estrada de los Santos.

30 Noviembre 2010.

Erick Ivan Martinez Guerrero

Instituto Tecnológico de Zacatepec

“Bacterial Genome Browser”

Director de Tesis: Lic. Heladia Salgado O.

Noviembre 2010.

Licenciatura en Ciencias Genómicas (Trabajo de Investigación para Titulación)

Enrique Zozaya Valdés

“Aproximación linaje y gen específica al análisis metagenómico de comunidades de rizobios”.

Director: Dr. Pablo Vinuesa F.

12 de Marzo de 2010.

Gabriel Yaxal Ponce Soto

“Análisis de modelos de transferencia del plásmido simbiótico (pSim) en rhizobias aisladas de suelos españoles.”

Director: Dra. Susana Brom K.

26 de Marzo de 2010.

Carlos Alberto Vargas Chávez.

“Modelación matemática de metabolitos en eritrocitos y su relación con deficiencias funcionales”.

Director: Dr. Osbaldo Resendis A.

9 de agosto de 2010

Bertha Mariana Reyes Prieto

“Análisis comparativo y secuenciación del genoma de *Klebsiella variicola* 801”.

Director: Dra. María Esperanza Martínez Romero.

20 de Agosto de 2010.

PROGRAMA INSTITUCIONAL: CURSO PROPEDÉUTICO

Organizado y Coordinado por: *Dr. Pablo Vinuesa F.*

Estudiante	Procedencia	Tutor
<i>Semestre 2010-2</i>		
Fabiola Miranda Sánchez.	QBP-IPN	Pablo Vinuesa F.
Alberto C. Ramírez Torres.	F.Biol.-UAEM	Sergio M. Encarnación G.
Carlos A. Vargas Chávez	LCG-UNAM	Osbaldo Resendis A.
 <i>Semestre 2011-1</i>		
Lili X. Zelaya Molina.	Biol. UAM	Víctor M. González Z.
Ezequiel A. Madrigal Carrillo	I.Bioq. UAA	Miguel A. Ramírez R.
Libertad Pantoja	LCG-UNAM	Miguel A. Ramírez R.
Marlene Ortiz Berrocal.	UAM-I	Pallavolu M. Reddy.

DOCTORADO EN CIENCIAS BIOMÉDICAS

Entidades participantes

Centro de Ciencias Genómicas
Instituto de Ecología
Instituto de Fisiología Celular
Instituto de Investigaciones Biomédicas
Instituto de Neurobiología
Instituto de Química
Facultad de Medicina

Tutores acreditados por el CCG

Tutores adscritos al CCG

Brom Klanner Susana	Inv. Tit. B	CCG
Caballero Mellado Jesús [†]	Inv. Tit. C	CCG
Cevallos Gaos Miguel Ángel	Inv. Tit. C	CCG
Collado Vides Pedro Julio	Inv. Tit. C	CCG
Dávila Ramos José Guillermo	Inv. Tit. C	CCG
Dunn Goelli Michael	Inv. Tit. A	CCG
Encarnación Guevara Sergio M.	Inv. Tit. B	CCG
García de los Santos Alejandro	Inv. Tit. A	CCG
Geiger Otto	Inv. Tit. C	CCG
Girard Cuesy Ma. de Lourdes	Inv. Tit. A	CCG
González Zúñiga Víctor Manuel	Inv. Tit. B	CCG
Hernández Delgado Georgina	Inv. Tit. C	CCG
Lara Flores Miguel	Inv. Tit. C	CCG
López Lara Isabel María	Inv. Tit. B	CCG
Martínez Romero Ma. Esperanza	Inv. Tit. C	CCG
Mora Celis Jaime	Inv. Emérito	CCG
Palacios de la Lama Rafael	Inv. Emérito	CCG
Ramírez Romero Miguel A.	Inv. Tit. A	CCG
Reddy Pallavolu Maheswara	Inv. Tit. B	CCG
Romero Camarena David René	Inv. Tit. C	CCG
Sohlenkamp Christian	Inv. Tit. A	CCG
Vinuesa Fleischmann Pablo	Inv. Tit. A	CCG

Tutores adscritos a otras entidades

Alagón Cano Alejandro	Inv. Tit. C	IBT
Aldana González Maximino	Inv. Tit. A	IF
Arias Ortiz Carlos Federico	Inv. Tit. C	IBT
Beltrán Núñez Ma. Del Carmen	Inv. Tit. B	IBT

Covarrubias Robles Luis F	Inv. Tit. C	IBT
Darszon Israel Alberto	Inv. Tit. C	IBT
Dubrovsky Joseph	Inv. Tit. C	IBT
Espin Ocampo Elda Guadalupe	Inv. Tit. C	IBT
Garciarrubio Granados Alejandro	Inv. Aso. C	IBT
Guardiño Juárez Ramón	Inv. Tit. B	IF
Gosset Lagarda Guillermo	Inv. Tit. C	IBT
Joseph Bravo Patricia Ileana	Inv. Tit. C	IBT
Martinez Mekler Gustavo C	Inv. Tit. C	IF
Martínez Barnetche Jesús	Inv. C. Básicas D	INSP
Merino Pérez Enrique	Inv. Tit. C	IBT
Miranda Ríos Juan	Inv. Tit. A	IIBM
Morett Sánchez Juan Enrique	Inv. Tit. C	IBT
Pantoja Ayala Omar Homero	Inv. Tit. B	IBT
Pérez Rueda Ernesto	Inv. Aso. C	IBT
Perez Martínez Leonor	Inv. Tit. A	IBT
Possani Postay Lourival D	Inv. Emérito	IBT
Puente García José Luis	Inv. Tit. C	IBT
Quinto Hernández V. Carmen	Inv. Tit. C	IBT
Reyes Taboada José Luis	Inv. Tit. B	IBT
Rocha Sosa Mario	Inv. Tit. B	IBT
Rosenstein Azoulay Yvonne	Inv. Tit. C	IBT
Sánchez Rodríguez Federico E	Inv. Tit. C	IBT
Soberón Mainero F. Xavier	Inv. Tit. C	IBT
Treviño Santa Cruz Claudia	Inv. Tit. A	IBT
Zurita Ortega Mario Enrique	Inv. Tit. C	IBT

**PARTICIPACION DE LOS INVESTIGADORES EN COMITES TUTORALES
DE POSGRADO**

Tutor	Alumno	Programa	Entidad
Susana Brom	¹ Laura Cervantes	MC	FC-UAEM
	Cristina Landeta	DCB	CCG-UNAM
	Rogelio Hernández	DCB	CCG-UNAM
	Alma R. Reyes	DC	FC-UAEM
	Fabiola Miranda	DCB	CCG-UNAM
Jesús Caballero†	¹ Rocio Castro	DBt	FCB-UAEM
	¹ Arnoldo Wong	DBt	FCB-UAEM
	Luz María García	DCBiol.	CCA-UNAM
	Jorge A. Valdivia	MCBiol.	CCA-UNAM
	Vianey Marín	DMBiol.	BUAP
	Yolanda E. Morales	DMBiol.	BUAP
Miguel A. Cevallos	¹ Ramón Cervantes	DCB	CCG-UNAM
	¹ Gabriela Pérez	DCB	CCG-UNAM
	¹ América Rivera	DCB	CCG-UNAM
	¹ Francisco Pedraza	DCB	CCG-UNAM
	Luary C. Martínez	DCBq	IBT-UNAM
	Fernando Lara Rojas.	DCB	IFC-UNAM
	Arlet del Carmen Loza	DCB	CCG-UNA
	Zuemy Rodríguez	DCB	CCG-UNAM
	Eugenio López Bustos	DCB	CCG-UNAM
	Marco Antonio Rodríguez	DCB	IE-CCG
	Beatriz Sesma Meneses	MCBq	IBT-UNAM
	Verónica Iranzu Martínez	MCBq	IBT-UNAM
	José Utrilla Carrera	MCBq	IBT-UNAM
	Marco Tulio Fernández	MCBq	IBT-UNAM
	Cecilia Contreras	MCBq	IBT-UNAM
	Celia Flores Ocampo	MCBq	IBT-UNAM
Yossef López	MCBq	IBT-UNAM	
Julio Collado	¹ Yalbi I. Balderas	DCB	CCG-UNAM
	¹ Alejandra Medina	DCB	CCG-UNAM
	Santiago Sandoval	DCB	CCG-UNAM
Guillermo Dávila	Luis Lozano	DCB	CCG-UNAM
	José Luis Acosta	DCB	CCG-UNAM
	América Rivera	DCB	CCG-UNAM
	Gamaliel López	DCB	CCG-UNAM
	Orlando Santillán	DCB	CCG-UNAM

Michael Dunn	Niurka Meneses	DCB	CCG-UNAM
	Augusto Ramírez	DCBiol.	FC-UNAM
	Eugenio A. Meza Mora	DCB	IBT-UNAM
	Martha Gutiérrez Román.	DCEc	ECOSUR
Sergio Encarnación	¹ Emmanuel Salazar	DCB	CCG-UNAM
	¹ Niurka Meneses	DCB	CCG-UNAM
	¹ Andrés Andrade	DCB	CCG-UNAM
	¹ Alberto Checa	DCB	CCG-UNAM
	¹ Juan C. Higareda	DCB	CCG-UNAM
	¹ Abigail Trejo	DCB	CCG-UNAM
	¹ Agustín Reyes Pérez	DCBiol	FC-UNAM
	¹ Fatima Berenice Martínez	MCBq	IBT-UNAM
	Rafael Díaz Mendez.	DCB	CCG-UNAM
	Angeles Cancino	DCBioq	IBT-UNAM
	Beatriz Castrejón Gallegos.	DCBiol	CM S.XXI
	Karla Martínez Gómez	DCBioq	IBT-UNAM
	Hugo Arreola	DCBiol	CM S.XXI
	Alma Rosa Escalona	DCB	IIBM-UNAM
	Miguel Mejía Mandujano.	DCBioq	IBT-UNAM
	César A. Aguilar M.	DCBioq	IBT-UNAM
	José Luis González M.	DCBioq	IBT-UNAM
Sara G. Centeno L.	DCBioq	IBT-UNAM	
José Omar Bueno	MCBq	IBT-UNAM	
Marcos Amed Salazar Blas.	MCBq	IBT-UNAM	
Luis A. de Luna V.	MCBq	IBT-UNAM	
Paulina Estrada	¹ Nora B. Vacaseydel A.	MC	CBG-IPN
	Corelly Salazar S.	DBExp	UAM-I
Alejandro García	¹ Tomás Villaseñor	DCB	CCG-UNAM
	¹ Ciro A. Cubillas	DCB	CCG-UNAM
	Cyntia C. Méndez J.	MCBq	IBT-UNAM
Otto Geiger	¹ Maritza Zavaleta	DCB	CCG-UNAM
	¹ Napoleón González	DCB	CCG-UNAM
	¹ Diana Sahonero C	DCB	CCG-UNAM
	Yadira Dávila M	DCB	CCG-UNAM
	Ángel de la Cruz Pech	DCB	CCG-UNAM
	Rosa Lidia Sólis	DCB	CCG-UNAM
	Flavia S. Bossi	DCBq	IBT-UNAM
	María Fernanda Higareda	DCB	IIB-UNAM
	Francisco Pedraza López	DCB	CCG-UNAM
Ariana Chávez	MCBq	IBT-UNAM	

Ma. Lourdes Girard	¹ Nicolás Gómez	DCB	CCG-UNAM
	¹ David S. Zamorano	DCB	CCG-UNAM
	¹ Alma R. Reyes	DC	FC-UAEM
	¹ Particia Rivera R.	MBiot.	UAM-I
	Rocio Castro	DBt	CEIB-UAEM
	Arnoldo Wong	DBt	CEIB-UAEM
	Laura Cervantes	MC	FC-UAEM
Victor González	¹ Luis Lozano	DCB	CCG-UNAM
	¹ José Luis Acosta	DCB	CCG-UNAM
	¹ Carla Sofía Sandoval F.	MCBq	IBT-UNAM
	Tania Rosas	DCB	CCG-UNAM
	Tabita Ramírez	DCB	CCG-UNAM
	Agustín Avila	DCB	CCG-UNAM
	Zuemy Rodríguez	DCB	IBT-UNAM
	Alejandra Vargas Tah	DCBq	IBT-UNAM
	Marco A. Rogel	DCBiol	FC-UNAM
	Agustín Reyes	DCBiol	FC-UNAM
	Getzabeth González	DCBq	IBT-UNAM
	Brenda J. Sánchez S.	MCBq	IBT-UNAM
	Adrán Cazares	MC	CINVESTAV
Georgina Hernández	¹ Ana Belén Mendoza	DCB	CCG-UNAM
	¹ Bárbara Nova F.	DCB	CCG-UNAM
	Patricia Rivera R.	MBiot.	UAM-I
Miguel Lara	Aline López	DCB	CCG-UNAM
	Alma Altuzar M.	DCBq	IBT-UNAM
	Aarón Barraza	DCBq	IBT-UNAM
	Ma. Carmen Orozco M.	DCBiol.	U. Nicolaita
	Rigoberto Vicencio Pérez.	DCB	IE-UNAM
	Andrea Galindo	DCB	IE-UNAM
	Andrea San Juan Badillo	DCB	IE-UNAM
	Ana Gutiérrez Preciado	DCBq	IBT-UNAM
Bertha Pérez Hernández	DCBq	IBT-UNAM	
Isabel López-Lara	¹ Yadira Dávila M.	DCB	CCG-UNAM
	¹ Ángel de C. Pech	DCB	CCG-UNAM
	Maritza Zavaleta	DCB	CCG-UNAM
	Napoleón González	DCB	CCG-UNAM
	Miguel A. Vences	DCB	CCG-UNAM
Esperanza Martínez	¹ Aline López L.	DCB	CCG-UNAM
	¹ Martha G. López G	DCB	CCG-UNAM
	¹ Tania Rosas	DCB	CCG-UNAM
	¹ Luis E. Servín	DCB	CCG-UNAM

	¹ Tabita Ramírez	DCB	CCG-UNAM
	¹ Marco Antonio Rogel	DCBiol	FC-UNAM
	¹ Luis M. Bolaños A.	DCB	CCG-UNAM
	Abigail Trejo	DCB	CCG-UNAM
	Andrea Sabido	DCBq	IBT-UNAM
	Wendy Aragón	MCBq	IBT-UNAM
Jaime Mora	¹ Rafael Díaz	DCB	CCG-UNAM
	Emmanuel Salzar	DCB	CCG-UNAM
Miguel A. Ramírez	¹ Gamaliel López	DCB	CCG-UNAM
	¹ Orlando Santillán	DCB	CCG-UNAM
	Martha López	DCB	CCG-UNAM
	Yalbi Balderas	DCB	CCG-UNAM
	Gabriela Pérez	DCB	CCG-UNAM
	Ciro Cubillas	DCB	CCG-UNAM
	Alma R. Reyes	DC	FC-UAEM
	José L. Rodríguez	DCB	CCG-UNAM
	Patricia Oliver	DCB	CCG-UNAM
	Nancy Rivera	DCB	CCG-UNAM
	Pablo Peláez H.	DCB	IIBM-UNAM
	Concepción Chino	MBiot	CIB-UAEM
	Liliana Medina	MCBq	IIB-UNAM
	Cyntia C. Méndez J.	MBt.	CEIB-UAEM
	Ana Yanci Alarcón G	MC	FC-UAEM
Mario Ramírez Y.	¹ Gerardo Flores P.	MC	FC-UAEM
	Marcos Paolinelli	MBt	CEIB-UAEM
Maheswara Reddy	¹ Alma Rosa Altúzar	DCBq	IBT-UNAM
	Ana Belén Mendoza	DCB	CCG-UNAM
	Bárbara Nova-Franco	DCB	CCG-UNAM
David Romero	¹ Rogelio Hernández	DCB	CCG-UNAM
	¹ Cristina Landeta	DCB	CCG-UNAM
	Ramón Cervantes	DCB	CCG-UNAM
	Tomás Villaseñor	DCB	CCG-UNAM
	David Zamorano	DCB	CCG-UNAM
	Germán Bonilla	DCB	IE-UNAM
	Cristian Arriaga	DCB	IFC-UNAM
	Isis Trujillo	DCB	IIBM-UNAM
	Mariana Herrera	DCBq	IBT-UNAM
	José Alberto Hernández	DCBq	IBT-UNAM
	María Claudia Villicana	DCBq	IBT-UNAM
	Magdalena Wiesner	DCBq	IBT-UNAM
	Carmen Guadarrama	DCBq	IBT-UNAM

Sonia Silvente	¹ Miguel A. Gruintal Edgar Jaime Salinas	DC MCBq	CICATA-IPN IBT-UNAM
Christian Sohlenkamp	¹ Rosa L. Solís ¹ Miguel A. Vences ¹ Mario Sandoval C. Diana Sahonero	DCB DCB DCB DCB	CCG-UNAM CCG-UNAM CCG-UNAM CCG-UNAM
Pablo Vinuesa	¹ Bernardo Sachman ¹ Agustín Ávila ¹ Pablo Rodríguez-Bucheli ¹ Fabiola Miranda Mario Alberto Martínez Erick García Enrique Scheinvar Santiago Ramírez Nancy Rivera Williams A. Martínez Rocío Luguí Sorbitán	DCB DCB DCB DCB DCB DCB DCB DCB DCB DCB DCB	CCG-UNAM CCG-UNAM CCG-UNAM CCG-UNAM IBT-UNAM IE-UNAM IE-UNAM IE-UNAM IBT-UNAM FM-UNAM IE-UNAM

¹Tutor principal

Datos actualizados al Semestre 2011-1

ESTUDIANTES DE POSGRADO

Doctorado en Ciencias Biomédicas

<i>Alumno</i>	<i>Nivel</i>	<i>Comité Tutorial</i>	<i>Becario</i>
Emmanuel Salazar	18° sem. Candidato Doctor	¹ S.Encarnación, J. Mora, E. a Morett	Ejerció beca CONACYT DGEP
Nicolás Gómez	15° sem. Candidato Doctor	¹ ML. Girard, J. Martínez, M. a Soberón.	Ejerció beca CONACYT DGEP
Ramón Cervantes	15° sem. Candidato Doctor	¹ MA. Cevallos, D. Romero, J.L. a Puente	Ejerció beca CONACYT DGEP
Maritza Zavaleta	14° sem. Candidata Doctora	¹ O. Geiger, I. López, G. Espín a	Ejerció beca CONACYT DGEP
Yadira Dávila	13° sem. Candidata Doctora	¹ I. López, O. Geiger, G. Espín a	Ejerció beca CONACYT DGEP
Aline López	13° sem. Candidata Doctora	¹ E. Martínez, M. Lara, L. a Segovia	Ejerció beca CONACYT DGEP
Luis Lozano	13° sem. Candidato Doctor	¹ V. González, G. Dávila, V. a Souza	CONACYT
Napoleón González	12° sem. Candidato Doctor	¹ O. Geiger, I. López, G. Soberón a	CONACYT
José Luis Acosta	11° sem. Candidato Doctor	¹ V. González, G. Dávila, L.E. a Eguiarte	CONACYT
Bernardo Sachman	10° sem. Candidato Doctor	¹ P. Vinuesa, E. Martínez, V. a Souza	CONACYT
Niurka Meneses	9° sem. Candidata Doctora	¹ S. Encarnación, G. Mendoza, a M. Dunn	DGEP
América Rivera U	9° sem. Candidata Doctora	¹ MA. Cevallos, E. Morett, G. a Dávila	CONACYT
Tomás Villaseñor	9° sem. Candidato Doctor	¹ A. García, D. Romero, G. a Soberón	CONACYT

Andrés Andrade	9º sem. Candidato Doctor	a	¹ S. Encarnación, J. Nieto, G. Gosset	CONACYT
Rafael Díaz	8º sem. Candidato Doctor	a	¹ J. Mora, S. Encarnación, G. Soberón	
Cristina Landeta	8º sem. Candidata Doctora	a	¹ D. Romero, S. Brom, G. Dreyfus	CONACYT
Martha López	8º sem. Candidata Doctora	a	¹ E. Martínez, MA. Ramírez, J. Miranda	CONACYT
Gamaliel López	7º sem. Candidato Doctor	a	¹ MA. Ramírez, G. Dávila, J. Miranda	CONACYT
Yalbi I.Balderas	7º sem. Candidata Doctora	a	¹ J. Collado, MA. Ramírez, E. Morett	CONACYT
Angel de C. Pech	7º sem. Candidato Doctor	a	¹ I. López, O. Geiger, M. Martínez	CONACYT
Gabriela Pérez	7º sem. Candidata Doctora	a	¹ MA. Cevallos, L. Segovia, MA. Ramírez	CONACYT
Rosa Lidia Solís	7º sem. Candidata Doctora	a	¹ Ch. Sohlenkamp, O. Geiger, A. Moreno	CONACYT
Alberto Checa	6º sem. Candidato Doctor	a	¹ S. Encarnación, A. Zentella, M. Lizano	CONACYT
Juan C.Higareda	6º sem. Candidato Doctor	a	¹ S. Encarnación, M. Salcedo, M. Lizano	CONACYT
Alejandra Medina	6º sem. Candidata Doctora	a	¹ J. Collado, G. Gosset, E. Merino	CONACYT
Abigail Trejo	6º sem. Candidato Doctor	a	¹ S. Encarnación, J. Nieto, E. Martínez	CONACYT
David Zamorano	6º sem. Candidato Doctor	a	¹ ML. Girard, D. Romero, JL. Puente	CONACYT
Ciro A.Cubillas	5º sem. Candidato Doctor	a	¹ A. García de los Santos, MA. Ramírez, M. Soberón	CONACYT

Tania Rosas	5° sem. Candidata Doctora	a	¹ E. Martínez, V. González, L. Segovia	CONACYT
Orlando Santillán	5° sem. Candidato Doctor	a	¹ MA. Ramírez, G. Dávila, M. Soberón	CONACYT
Miguel A Vences	5° sem. Candidato Doctor	a	¹ Ch. Sohlenkamp, I. López, JL. Puente	CONACYT
Agustín Ávila	4° sem. Candidato Doctor	a	¹ P. Vinuesa, JL. Puente, V. Souza	CONACYT
Diana Sahonero	4° sem. Candidata Doctora	a	¹ O. Geiger, C. Quinto, Ch. Sohlenkamp	CONACYT
Luis Eduardo Servín	4° sem. Candidato Doctor	a	¹ E. Martínez, E. Espín, F. Sánchez	CONACYT
Pablo Rodríguez-Bucheli	4° sem. Candidato Doctor	a	¹ P. Vinuesa, E. Martínez, V. Souza	CONACYT
Tabita Ramírez	4° sem.		¹ E. Martínez, V. González, M. Zurita	CONACYT
Rogelio Hernández	3 ^{er} sem.		¹ D. Romero, S. Brom, JL. Puente	CONACYT
Ana B. Mendoza	3 ^{er} sem.		¹ G. Hernández, P. Maheswara, J. Reyes	CONACYT
Francisco Pedraza	3 ^{er} sem.		¹ MA. Cevallos, JL. Puente, O. Geiger	CONACYT
Bárbara Nova	2° sem.		¹ G. Hernández, P. Maheswara, J. Reyes	CONACYT
Mario Sandoval	2° sem		¹ C. Sohlenkamp, G. Espín, L. Servín	CONACYT
Luis Bolaños	1° sem		¹ E. Martínez, A. Alagón, J. Miranda	CONACYT
Fabiola Miranda	1° sem		¹ P. Vinuesa, S. Brom, D. Piñero	CONACYT

Doctorado en Ciencias Bioquímicas (IBt-UNAM)

Alma Rosa Altúzar	4° sem		¹ M. Reddy M. Lara, F. Sánchez	CONACYT
-------------------	--------	--	---	---------

Doctorado en Ciencias Biológicas (FC – UNAM)

Agustín Reyes Pérez	7° sem.		¹ S. Encarnación, V. González, G. Gosset	CONACYT
---------------------	---------	--	---	---------

Marco A. Rogel	7° semestre	¹ E. Martínez, V. González E. Merino	
Doctorado en Ciencias (FC-UAEM)			
Alma R. Reyes	4° semestre	¹ ML. Girard, S. Brom, MA. Ramírez, V. Lira	CONACYT
Doctorado en Biotecnología (FCB-UAEM)			
Rocio Castro	13° semestre	¹ J. Caballero, ML. Girard, E. Villegas, M Trejo	COSNET
Arnoldo Wong	10° semestre	¹ J. Caballero, ML. Girard, J. Folch	CONACYT
Doctorado en Biología Experimental (UAM-I)			
Corelly Salazar	2° semestre	¹ J. Caballero, P. Estrada, F. Fernández	CONACYT
Maestría en Ciencias Bioquímicas (IBt)			
Fátima B. Martínez	2° semestre	¹ S. Encarnación, J. Nieto, G. Gosset	CONACYT
Carla S. Sandoval	2° semestre	¹ V. González	CONACYT
Maestría en Ciencias (FC-UAEM)			
Laura Cervantes	5° semestre	¹ S. Brom, ML. Girard, V. Lira	
Gerardo Flores	1° semestre	¹ M. Ramírez	
Maestría en Biotecnología (UAM-I)			
Patricia Rivera R.	4° semestre	¹ ML. Girard, G. Hernández, F. Fernández	

¹Tutor Principal.

Datos actualizados al Semestre 2011-1

ESTUDIANTES DE LICENCIATURA

ALUMNO (Institución)

Ana Yanci Alarcón González (Fac. C. Biol., UAEM)
Ana Luz Álvarez P. (Fac. C. Biol., UAEM)
Alejandra I. Arteaga Ide (Fac. C. Biol., UAEM)
César Bahena Velasco
Angélica Cruz Álvarez (Tec.Lab.Ind, UAEM)
Nadya M. Chaira Alcaraz (Ing. Biotec. I. Tec.Son)
Miguel Elizalde Contreras. (Fac. C. Biol., UAEM)
Ángel Gabriel Martínez Batallar. (Fac. C. Biol., UAEM)
Erick Ivan Martinez Guerrero (I. Tec. Zacatepec)
Rigoberto Medina Andrés (Fac. C. Biol., UAEM)
Sebastian Nava Castro (Lic. Desarrollo Rural)
Marlene Ortiz B. (Biol. Exp. UAM-I)
Alberto C. Ramírez T. (Fac. C. Biol., UAEM)
Violeta Rodríguez P. (Lic. Biología, BUAP)
Estephany Tondopo Jiménez (Fac. C. Biol., UNICACH)

DIRECTOR DE TESIS

Miguel A. Ramírez R.
Mario Ramírez Y.
Michael Dunn
Sonia Silvente K
Michael Dunn
Susana Brom K.
Sergio Encarnación G.
Sergio Encarnación G.
Heladia SalgadoOsorio
Pallavolu Maheswara Reddy
Ivonne Toledo G.
Pallavolu Maheswara Reddy
Sergio Encarnación G.
Miguel A. Cevallos G.
Paulina Estrada

ESTUDIANTES DE LA LCG EN ACTIVIDAD DE INVESTIGACIÓN PARA TITULACIÓN

ALUMNO

José Roberto Bermúdez Barrientos
Jorge Buendía
Martín del Castillo Velasco Herrera.
Luis Fernando Delgadillo
Rocío Enríquez Gasca.
Ximena Ibarra
Isaac López Moyado
Luis Fernando Montaña Gutiérrez
Elizabeth Ortiz Gutiérrez.
Enrique Paz Cortez
Yuvia Alhelí Pérez Rico
Gabriel Yaxal Ponce Soto
Bertha Mariana Reyes Prieto
José Reyes
Mitzy Ríos de Anda
Jazmín Ramos Madrigal
Carlos Vargas
Fares Osam Yáñez Cuna
Lisandra Zepeda
Enrique Zozaya

RESPONSABLE

Christian Sohlenkamp
Rafael Palacios/Margarita Flores
Sergio Encarnación G.
Sergio Encarnación G.
Sergio Encarnación G.
Rafael Palacios
Rafael Palacios/Margarita Flores
Miguel A. Ramírez R.
Osbaldo Resendis A.
Miguel A. Ramírez R.
Georgina Hernández/Mario Ramírez
Susana Brom K.
Esperanza Martínez R.
Rafael Palacios
Sergio Encarnación G.
Pablo Vinuesa F.
Osbaldo Resendis A.
David Romero C.
Rafael Palacios/Margarita Flores
Pablo Vinuesa F.

CURSOS O TÓPICOS SELECTOS IMPARTIDOS

Posgrado

Semestre 2010-2 (Febrero-Junio, 2010)

<i>Curso o Tópico</i>	<i>Programa Docente/ Institución</i>	<i>Profesores</i>
Curso Fundamental: Técnicas de Biología Molecular	DCB-UNAM	Dr. Christian Sohlenkamp Dr. Miguel A. Ramírez
Curso Fundamental: Introducción a la Biología Sintética Microbiana.	DCB-UNAM	Dr. Alejandro García S. Biol. Tomás Villaseñor T
Tópico selecto: Compuestos y mecanismos antagónicos de bacterias y hongos útiles en control biológico	DCB-UNAM	Responsable: Dra. Esperanza Martínez. Participantes: Mónica Rosenblueth y Ernesto Ormeño
Tópico selecto: Frontiers in Genomics	DCB-UNAM	Dr. Víctor González.
Descubrimiento de genes y transformación genética en plantas	L.Biol.Exp.UAM-I	Dr. Pallavollu Maheswara Reddy
Evolución.	Licenciatura FC-UAEM	Dr. César Rodríguez
Antropología Física	Maestría ULA	Dr. Óscar Rodríguez
Metodología de Investigación	Maestría ULA	

Semestre 2011-1 (Agosto-Diciembre, 2010)

Tópico selecto: Control de la expresión del Genoma Vegetal: Estrés abiótico	DCB-UNAM	Responsable: Dra. Georgina Hernández Participantes: Dr. J. Arellano, Dr. Michael Dunn
Curso Fundamental: Fisiología Bacteriana	DCB-UNAM	
Tópico selecto: Frontiers in Genomics	DCB-UNAM	Dr. Víctor González Dra. Yvonne Rosenstein
Tópico Selecto: Análisis de datos de secuenciación masiva con bioconductor	DCB-UNAM	LCG. Leonardo Collado
Actividad académica <i>ad-hoc</i>	DCB-UNAM	Dra. Esperanza Martínez
Seminario de Investigación	ULA	M.IBB. Oscar Rodríguez
Estadística Básica.	ULA	M.IBB. Oscar Rodríguez

Licenciatura en Ciencias Genómicas^{1,2}

Semestre 2010-2 (Febrero-Junio, 2010)

<i>Curso</i>	<i>Semestre</i>	<i>Profesor/Ayudantes</i>
Trabajo de Investigación 4,5,6 Seminario de Investigación 2 Tópico Selecto 3,4	8°	Pedro Julio Collado Sergio Encarnación Otto Geiger Esperanza Martínez Enrique Merino Miguel Angel Ramírez Rafael Palacios Otto Geiger
Fronteras de la Genómica 3,4	6°	Rafael Palacios/ Ana Paola Carranco José Reyes
Genómica Integrativa 3,4	6°	Guillermo Dávila Margareta Boege/ Alejandro Granados Uriel Urquiza Eduardo Soto Libertad Pantoja
Bioinformática y Estadística 2	4°	Julio Collado/ Alejandro Reyes
Genómica Evolutiva 2		Daniel Piñero/ José V. Moreno
Genómica Funcional 2		Federico Sánchez/ Karla Meza
Genómica Humana		Rafael Palacios/ Martín del Castillo
Matemáticas 4		Julio Martínez/ Lizbeth Sayavedra
Computación	2°	Julio Freyre/ Ilse Valtierra
Genética		David Romero/

Matemáticas 2		Mario Sandoval
		Margareta Boege/ Alejandro Granados
Principios de Evolución		Guillermo Dávila/ Orlando Santillán
Seminario 2		Ivonne Rosenstein/ Carlos Vargas
Semestre 2011-1 (Agosto-Diciembre, 2010)		
Trabajo de Investigación 1,2,3 Seminario de Investigación 1 Tópico Selecto 1,2	7°	Rafael Palacios Christian Sohlenkamp Sergio Encarnación Esperanza Martínez Pablo Vinuesa
Aplicaciones de la Genómica 1,2	5°	María de Lourdes Girard/ Laura Gómez R.
Fronteras de la Genómica 1,2		Rafael Palacios/ José Reyes Rodrigo Arzate
Genómica Integrativa 1		David Romero/ Martha Rendón Mariloli Soto
Bioinformática y Estadística 1	3°	Verónica Jiménez
Genómica Evolutiva 1		Pablo Vinuesa Agustín Ávila
Genómica Funcional 1		Miguel Ángel Ramírez Christian Sohlenkamp
Matemáticas 3		Julio Martínez
Estadística Aplicada		Julio Martínez/ José Reyes, Jorge Buendía
Bioquímica	1°	Otto Geiger/ Lisandra Zepeda

Biología Molecular	Guillermo Dávila/ Orlando Santillán
Matemáticas 1	Margareta Boege Hugo Sámano
Principios de Programación	Julio Freyre/ Ilse Valtierra
Seminario 1	Julio Collado/ Alejandra Medina Santiago Sandoval

¹ Se incluyen solo los cursos impartidos por académicos del CCG

² Se impartieron un total de 50 cursos en la LCG durante este período.

TALLERES IMPARTIDOS A ESTUDIANTES DE LA LCG EN EL 2010:

Metagenómica	Dra. Esperanza Martínez Agosto-Noviembre (Gen 2010)
Biología de Sistemas	Dr. Julio Freyre Agosto-Noviembre (Gen 2010)
Microbiología	Dr. Miguel Ángel Cevallos/ Dra. Esperanza Martínez (Gen 2009)

¹ Se incluyen solo los cursos impartidos por académicos del CCG

² Se impartieron un total de 43 cursos y 5 talleres en la LCG durante este período.

PARTICIPACION EN CURSOS (Horas o sesiones)

Dr. Sergio Encarnación G.

Nombre del curso: Ingeniería de vías metabólicas en bacterias
Programa docente: Tópico de Maestría en Ciencias Bioquímicas, IBT-UNAM.
Tema: Proteómica una herramienta de la genómica funcional.
(4 horas).

Nombre del curso: Biotecnología genómica.
Programa docente: Maestría en Ciencias. Centro de Biotecnología Genómica, IPN.

(5 horas).

Nombre del curso: Métodos Moleculares Bioquímicos e Informáticos

Programa Docente: Licenciatura en Ciencias, UAEM.

Tema: Introducción a la Proteómica

(3 horas).

Dra. Esperanza Martínez.

Nombre del curso: Ecología Microbiana/ Diversidad Global

Programa Docente: Maestría de Ecología Aplicada/Doctorado de Ciencias e Ingeniería Biológicas

(1 sesión)

Nombre del curso: Tópico de Bioenergía.

Programa docente: Doctorado en Ciencias Bioquímicas IBt-UNAM.

(1 sesión)

Dr. Pablo Vinuesa F.

Nombre del curso: Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos”

Programa Docente: Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas. FQ-UNAM.

Tema: “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica”

(6 horas).

Nombre del curso: “Introducción al biocómputo e inferencia filogenética molecular”.

Programa Docente: Doctorado en Ciencias Biológicas. Centro de Investigaciones en Ecosistemas (CIECO), UNAM, Campus Morelia, México.

(35 horas)

Inferencia filogenética I: alineamientos múltiples y métodos de distancia; Inferencia filogenética II: máxima verosimilitud y selección de modelos.

En “Semana Nacional de Bioinformática NNB-2010, del Nodo Nacional de Bioinformática. Centro de Ciencias Genómicas, UNAM.

2-6 de Agosto de 2010.

Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de bacterias.

En “Semana Nacional de Bioinformática NNB-2010, del Nodo Nacional de Bioinformática. Centro de Ciencias Genómicas, UNAM.

2-6 de Agosto de 2010.

Dr. Jesús Arellano

Nombre del curso: Propedéutico.

Programa Docente: Maestría en Biotecnología, CEIB-UAEM.

Tema: La célula vegetal, sus organelos y el papel de los cloroplastos en la fotosíntesis

(1 sesión)

Nombre del curso: Biología Vegetal.
Programa Docente: Lic. en Biología. Facultad de C. Biológicas-UAEM
Tema: Fotosíntesis en Plantas (4 horas)
Tema: Transporte en Plantas (4 horas)

Q. Patricia Bustos A.

Nombre del curso. “Elementos de Bioinformática”.
Programa docente e institución. Centro de Ciencias Genómicas UNAM.
Nivel. Básico general para académicos y estudiantes del CCG.
29 de Septiembre-1° de Octubre, 2010.

Ing. Víctor del Moral Ch.

Nombre del curso. Taller de Elementos de Bioinformática
Programa docente e institución: Centro de Ciencias Genómicas
Nivel: Licenciatura
Período: 27 de Septiembre al 1° de Octubre de 2010.

M. en C. Marco A. Rogel.

Nombre del curso: “Clonación de genes ribosomales de muestras ambientales para el estudio de la biodiversidad bacteriana”.
Programa docente: Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez.
Nivel: Posgrado
18 – 22 Enero de 2010

Nombre del curso: “Plásmidos Bacterianos y extracción, purificación y electroforesis de plásmidos”
Programa docente e institución: Biología, Facultad de Ciencias Biológicas, UAEM.
Nivel: licenciatura.
(10 horas)

M.C. Rosa I. Santamaría.

Nombre del curso. “Elementos de Bioinformática”.
Programa docente e institución. Centro de Ciencias Genómicas UNAM.
Nivel. Básico general para académicos y estudiantes del CCG.
29 de Septiembre-1° de Octubre, 2010.

Asesorías de Servicio Social.

Dra. Susana Brom K.

Nombre del Alumno: Rodrigo Gutiérrez Hernández
Programa Docente: Técnico Laboratorista. UAEM
Febrero-Julio, 2010.

Dr. Michael Dunn

Nombre del Alumno: Alejandra Ivette Arteaga Ide
Programa Docente: Facultad de Ciencias Biológicas-UAEM
Enero-Noviembre, 2010

Dra. María de Lourdes Girard C.

Nombre del alumno: César Chiu Cancino
Programa docente e institución: Escuela de Técnicos Laboratoristas, UAEM
Julio – Diciembre, 2010

Dr. Miguel Lara F.

Nombre del alumno: Elisabeth Saucedo Arellano
Programa Docente: Ingeniería en Biotecnología, Universidad Politécnica del Estado de Morelos
Octubre, 2010

Dr. Jaime Mora y Dr. Hermenegildo Taboada C.

Nombre del Alumno: Adriel Álvarez Salgado
Programa Docente: Escuela Técnicos Laboratoristas-UAEM
Julio-Diciembre, 2010.

Nombre del Alumno: Jazmín Trejo Arriaga
Programa Docente: Técnicos Laboratoristas-UAEM
Julio-Diciembre, 2010.

Nombre del Alumno: Sonia Espinoza Trejo
Programa Docente- Técnico Laboratorista-UAEM
Julio-Diciembre, 2010.

Dr. Miguel A. Ramírez R.

Nombre del Alumno: Francisco Julian Ensaldo Cervantes
Programa Docente: Ingeniería en Biotecnología, UPEMOR
Fecha de Inicio: Septiembre, 2010

Dr. Pallavolu M. Reddy

Nombre del alumno: Mariana López Sámano
Programa Docente: Ingeniería en Biotecnología, UPEMOR
Fecha de inicio: Septiembre 2010

Nombre del alumno: Teresa Hernández Segura
Programa Docente: Ingeniería en Biotecnología, UPEMOR
Fecha de inicio: Septiembre 2010

Dra. Sonia Silvente K.

Nombre del alumno: Erika Alvarez Ayala
Programa Docente: Ingeniería en Biotecnología, UPEMOR
Fecha de inicio: Septiembre 2010

- Curso de Elementos de Bioinformática. CCG-UNAM.
Coordinadores: Luis Fernando Lozano y Víctor González
27 de Septiembre al 1 de Octubre, 2010
Omar Alejandro Aguilar
Jesús Arellano G.
Gabriela Guerrero R.
Marco A. Rogel H.
Mónica T. Rosenblueth L.
Rosa I. Santamaría
- Semana Nacional de Bioinformática del Nodo Nacional de Bioinformática.
EMBL-UNAM. CCG-UNAM.
2-6 de agosto de 2010.
Omar Alejandro Aguilar.
Gabriela Guerrero R.
Marisa Rodríguez P.
Humberto Peralta
María del Carmen Vargas
- Lenguaje Unificado de Modelo (UML). sis.net Sistemas en Internet.
31 Agosto – 14 Septiembre 2010. Cuernavaca, Mor.
Heladia Salgado O.
- Protección Radiológica, Nivel POE. Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares
Período: 15-19 de Noviembre de 2010
Lourdes Martínez A.
- Nombre del curso. DRUPAL, sistema de gestión de contenidos (*Content Management System*, abreviado **CMS**)
Diciembre 2010
Delfino García A.
- Arquitectura Orientada a Servicios (SOA). DIGITEC. Java. sis.net sistemas en Internet.
31 Agosto – 14 Diciembre 2010. Cuernavaca, Mor.
Heladia Salgado O.
- Introducción al Análisis del ciclo de Vida (ACV) de Biocombustibles. REMBIO.
25 de octubre del 2010. Cuernavaca, Mor.
Ivonne Toledo G.

5. INTERCAMBIO ACADÉMICO

PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE CONGRESOS INTERNACIONALES.

Esperanza Martínez R., Julio Martínez R.

Organizadores del International Microbial Biodiversity Symposium 2010. Cuernavaca, Mor. Mex. Octubre 14 - 15, 2010.

PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE EVENTOS ACADÉMICOS NACIONALES

Rafael Palacios.

Organizador del International Program “FRONTIERS IN GENOMICS”. Cuernavaca, Mor. Mex. Enero – Diciembre, 2010.

Julio Collado V., César Bonavides M., Alejandra Medina R., Romualdo Zayas L., Alfredo Hernández A.

Organizadores del Curso Sequence Mining in Biological Databases: A case with EMBOSS and MRS. Cuernavaca, Mor. Mex. Marzo 22 – 26, 2010.

Miembros del Comité Organizador de la Semana Nacional de Bioinformática NNB-2010. Cuernavaca, Mor. Mex. Agosto 02 – 06, 2010.

Oscar Rodríguez S.

Coordinador Académico-Operativo del Diplomado: Pensamiento Científico en el aula. Cuernavaca, Mor. Mex. Enero – Junio, 2010.

Víctor González Z.

Organizador del Curso Elementos de Bioinformática. CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor., Septiembre 27- Octubre 1, 2010.

Esperanza Martínez R., Ivonne Toledo G.

Integrantes del Comité Organizador de la VII Reunión Nacional de la Red Mexicana de Bioenergía, A.C. Cuernavaca, Mor., Mex. Octubre 25 – 28, 2010.

Christian Sohlenkamp

Miembro del Comité Organizador del 2º Congreso Nacional de Biología Molecular y Bioquímica de Bacterias. Cocuyos, Ver. Mex. Noviembre 07 – 11, 2011.

Alfonso Leija S.

Organizador de la 11ª. Feria Universitaria en la Prevención del VIH SIDA. Campus Universitario UAEM, Mor. Mex. Diciembre 02, 2010.

David Romero C., María de Lourdes Girard C.

Organizadores de la Reunión Académica del CCG. Cuernavaca, Mor. Mex. Diciembre 14 – 16, 2010.

INVESTIGADORES VISITANTES

Investigador Responsable

Dr. Julio ColladoV.

Dr. Michael Frederick Dunn

Dr. Víctor González Z.

Dra. Georgina Hernández D.

Visitante.

Dr. Morgane Thomas-Chollier proveniente de la Université Libre de Bruxelles, BE. 15-26 de Febrero, 2010.

Dr. Jacques van Helden, Laboratoire de Bioinformatique des Génomes et des Réseaux (BiGRé) Université Libre de Bruxelles, BE. 1–5 de Marzo, 2010

Dr. Bruno Contreras Moreira. Estación Experimental del Aula Dei. Zaragoza, Esp. 8–19 de Marzo, 2010.

Dr. Arturo Medrano. University of California LA. USA. 3 – 7 de Mayo, 2010.

Dr. Cei Abreu Goodger. LANGEBIO, Cinvestav. México. 10 – 21 de Mayo, 2010.

Dra. Graciela Huerta P y Dra. Karina Guillén N. El Colegio de la Frontera Sur, México. 7- 8 de Octubre, 2010.

Dra. Karina Guillén N. El Colegio de la Frontera Sur, México. 26 de Octubre - 4 de Noviembre, 2010.

Dr. Patrick Mavingui. Laboratoire du Ecologie Microbiene. Universidad Claude Bernard Lyon I, CNRS, Fr. 1 de Julio -31de Agosto, 2010.

Dr. Dario Panzeri. Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR. Milán, It. 1–30 de Junio, 2010.

Dra. Francesca Sparvoli. Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR Milán, It. 1–15 de Noviembre, 2010.

Dra. Esperanza Martínez R.

Ing. Christian Cisneros P. del Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, Chis. 19 de Julio - 27 de Agosto, 2010.

Dra. Amparo Latorre. Universidad de Valencia, Esp.09 – 16 de Octubre, 2010.

Dr. Andrés Moya. Universidad de Valencia, Esp. 9–16 Octubre, 2010.

Dr. Karl Schleifer, Alemania. 12 -16 Octubre, 2010.

Dr. Peter Kaempfer, Alemania. 12 -16 Octubre, 2010.

Dr. Stephen Giovanoni, U.S.A. 12 -16 Octubre, 2010.

Dr. Luis Rey. Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, UPM. Esp. 12 -19 Octubre, 2010.

Dr. David Durán Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, UPM. Esp. 12 de Octubre - 11 de Noviembre, 2010.

Dr. Mario Ramirez Y.

Dr. Dario Panzeri. Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR. Milán, It. 1–30 de Junio, 2010.

Dra. Sonia Silvente K.

Dra. Celina Luna. INTA Instituto de Fitopatología y Fisiología Vegetal, Córdoba, Arg. 1–11 de Junio, 2010.

Dr. Pablo Vinuesa F.

Dr. Esaú Megías Saavedra. Universidad de Sevilla, Esp. 17 de Septiembre -17 de Diciembre, 2010.

CICLOS DE CONFERENCIAS INSTITUCIONALES

Frontiers in Genomics

Charles DeLisi.

Department of Biomedical Engineering. College of Engineering, Boston University, Boston, MA. USA.

"Biomarkers for Cancer and other Disease"

8 de Febrero. Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Paul Gepts.

Department of Plant Sciences, University of California, Davis, California USA.

"Diverse Patterns of Domestication among Crop Plants: a Comparative Analysis".

15 de Febrero. Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Scott Jackson.

Department of Agronomy Agricultural Genomics. Purdue University. West Lafayette, IN. USA.

"Use of next Generation Sequencing to Explore Plant Genomes: Focus on Polyploidy".

1 de Marzo. Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Jan Skotheim.

Department of Biology. Stanford University Stanford, CA. USA.

"Systems Biology: Budding Yeast Cell Cycle".

8 de Marzo . Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Natasha Raikhel.

Institute for Integrative Genome Biology and Center for Plant Cell Biology. Department of Botany and Plant Sciences. University of California, Riverside, CA. USA.

"Plant Endomembrane System and Chemical Genomic".

15 de Marzo. Auditorio IBT.

Henry Daniell

Department of Molecular Biology & Microbiology, University of Central Florida College of Medicine. Orlando, FL. USA.

"Chloroplast Genomics and Genetic Engineering for Biofuels, Biopharmaceuticals and Vaccines".

22 de Marzo. Auditorio IBT.

Jennifer A. Marshall Graves.

ARC Centre of Excellence for Kangaroo Genomics. The Australian National University. Canberra, Australia.

"Sex Chromosome Evolution and the Future of Men".

5 de Abril. Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Arend Sidow.

Departments of Pathology and Genetics. Stanford University. Stanford, CA, USA.

“100 Million Years of Evolution Meet the Personal Genome”.
12 de Abril. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Joao Carlos Setubal.

Department of Computer Science. Virginia Bioinformatics Institute. Blacksburg, VA. USA.
“The Genomics of the Plant Pathogens Agrobacterium and Xanthomonas Citr”,
19 de Abril. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Timothy L. Bailey.

Institute for Molecular Biosciences, The University of Queensland, Brisbane, Qld. Australia.
“Making a Red Blood Cell: Discovering the Regulatory Role of KLF1 in Erythropoiesis via ChIP-seq”.
03 de Mayo. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

J. Peter Gogarten.

Department of Molecular and Cell Biology. University of Connecticut, Storrs CT, USA,
“The Tree/web of Life in Light of Horizontal Gene Transfer”.
17 de Mayo. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

W. Richard McCombie.

Cold Spring Harbor Laboratory. Genome Center. Cold Spring Harbor, NY. USA.
“Genetics Becomes Genomics”.
24 de Mayo. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

David J. Adams.

Wellcome Trust Sanger Institute, Experimental Cancer Genetics Group, Hinxton, Cambridge, UK.
“Cancer Gene Discovery in Mouse and Man”.
16 de Agosto. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Robert Martienssen.

Cold Spring Harbor Laboratory, Plant Biology Research, Cold Spring Harbor, NY, USA.
“Heterochromatin and RNA Interference in Cell Division and Transposon Regulation”.
23 de Agosto. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Robert Knight.

HHMI. Department of Chemistry and Biochemistry. University of Colorado, USA.
“Tools for Analyzing the Human Microbiom”.
06 de Septiembre. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Christopher Plowe

HHMI. Center for Vaccine Development. University of Maryland School of Medicine. Baltimore, MD. USA
“Genetic Diversity and Malaria Drug and Vaccine Efficacy”.
13 de Septiembre. Auditorio IBT.

Christina D. Smolke.

Bioengineering Department, Stanford University, Stanford, California USA.

“Programming Cellular Behavior with RNA Controllers”.

20 de Septiembre. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Anjana Rao

Department of Pathology, Immune Disease Institute, Inc. Harvard Medical School. Boston, MA. USA.

“TET Proteins, Enzymes that Convert 5-methylcytosine to 5-hydroxymethylcytosine in DNA”

27 de Septiembre. Auditorio IBT.

Jonathan Sebat.

Beyster Center for Molecular Genomics of Neuropsychiatric Diseases, University of California, San Diego. San Diego, CA, USA,

“A CNV Based Approach to Gene Discovery in Neuropsychiatric Disorders”.

4 de Octubre. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Michael Eisen.

Lawrence, Molecular and Cell Biology, University of California, Berkeley, CA. USA.

“Logic and Illusion in the Evolution of Drosophila Regulatory Sequences”.

18 de Octubre. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Judith Kimble

HHMI. Department of Biochemistry. University of Wisconsin-Madison. Madison, WI, USA.

“Controls of Germline Stem Cells and their Differentiation.

25 de Octubre. Auditorio IBT.

James Tiedje.

Center for Microbial Ecology, University of Michigan, Michigan State University East Lansing, MI, USA.

“Genomic and Metagenomic Insights into the Microbial World”.

15 de Noviembre. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Teun Munnik

Swammerdam Institute for Life Sciences, Universiteit Van Amsterdam. The Netherlands.

“Phospholipid Signalling in Plant Stress and Development”

22 de Noviembre. Auditorio IBT

Seminarios organizados por los programas de investigación.

Dr. Mario A. Arteaga-Vázquez

University of Arizona, Department of Plant Sciences, BIO5 Collaborative Institute
“Transferencia de información epigenética a través de las generaciones”
Invitado del Programa de Genómica Funcional de Eucariotes.
Enero 6, 2010.

Dr. Dario Panzeri

Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR. Milán, It.
“The bean lpa280-10 mutant provides a useful breeding trait and promising insights into multidrug resistance-associated proteins function in plants”.
Invitado del Programa de Genómica Funcional de Eucariotes
Junio 29, 2010.

Dr. Tom Gilbert

Museo de Historia Natural. Universidad de Copenhagen, De.
“Paleogenomics - challenges, solutions, insights gained, and future prospects”
Agosto 11, 2010.

Dra. Mayana Zatz

Universidad de São Paulo, Brasil. Premio México de Ciencia y Tecnología 2008
“Desórdenes Neuromusculares: Desde la Identificación Genética hasta los Estudios Preclínicos”
Septiembre 6, 2010.

Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero

Programa de Genómica Evolutiva, CCG.U-AM
“El transcriptoma de Rhizobium etli a través de RNA-seq”.
Diciembre 3, 2010.

Reunión Académica 2010

Centro de Ciencias Genómicas, 14-16 de Diciembre de 2010.

Presentaciones orales.

Moderador: Guillermo Dávila Ramos

Esperanza Martínez Romero. “Un posible escenario de investigación en microbiología simbiótica.”

Pablo Vinuesa Fleischmann. “Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y evolutiva”.

Susana Brom Klanner. “El plásmido conjugativo pGR64a de *Sinorhizobium fredii* comparte secuencias con dos plásmidos de *Rhizobium etli* y con el cromosoma de *Sinorhizobium* sp. NGR234”.

Víctor M. González Zúñiga. “Evolución del genoma de *Rhizobium etli* y su relación con la simbiosis”

Moderadora: Georgina Hernández Delgado

Christian Sohlenkamp. “Resistencia de *Rhizobium tropici* a condiciones de estrés abiótico: papel de las membranas”.

Isabel M. López Lara. “Remodelación de lípidos por cambio del grupo acilo: un nuevo aspecto en la fisiología de las bacterias”.

Otto Geiger. “El lipidoma bacteriano: todavía nos esperan sorpresas”.

Guillermo Dávila Ramos. “Ideas sobre los bacteriófagos de *Rhizobium*”.

David Romero Camarena. “¿Cómo funciona la conversión génica en bacterias?”.

Moderador: David Romero Camarena

Alejandro García de los Santos. “Análisis genómico, genético y bioquímico de la síntesis de pantotenato en *Rhizobia*”.

Michael F. Dunn. “Regulación bioquímica de la biosíntesis de arginina en *Sinorhizobium meliloti* Rm1021”.

Humberto Peralta Díaz. “Análisis del significado funcional de la variabilidad de los ortólogos en Rhizobiales”.

Rafael Díaz Méndez. Análisis funcional de ortólogos argC de Rhizobiales en el genoma de *Escherichia coli*

Carmen Vargas Lagunas. “Análisis proteómico e impacto en el proceso simbiótico por la expresión de ortólogos de ArgC de Rhizobiales en *S. meliloti* usando diferentes promotores”.

Moderador: Sergio Encarnación Guevara

Osbaldo Resendis Antonio. “Tecnología genómica, redes biológicas y modelación: la integración como paradigma en la biología de sistemas”.

Julio Collado Vides. “RegulonDB 7.0: Regulación transcripcional integrada en unidades genéticas de sensado-respuesta o Gensor Units”.

Alejandra Medina Rivera. “Theoretical and empirical quality assessment of transcription factor binding motifs”.

Miguel A. Cevallos Gaos. “Regulación a nivel transcripcional del sistema de partición-segregación repABC del plásmido simbiótico de *Rhizobium etli* CFN42”.

Lourdes Girard Cuesy. “Identificación de elementos genéticos involucrados en la regulación de *fixKf* de *R. etli* CFN42”.

Moderador: Otto Geiger.

Sergio M. Encarnación Guevara. “Análisis proteómico y de pequeñas moléculas, de interacciones entre procariones y eucariones”.

Georgina Hernández Delgado. “Genómica funcional de la respuesta del frijol (*Phaseolus vulgaris*) al estrés por deficiencia nutricional y por toxicidad a metales”.

Mario Ramírez Yáñez. “Genómica funcional de la simbiosis frijol - *Rhizobia* en estrés oxidativo”.

Miguel Lara Flores. “Mecanismos de señalización por nitrógeno y carbono y su participación en el procesos simbiótico en leguminosas”.

Carteles.

1. **Alma Rosa Altúzar-Molina y col.**
Bioingeniería de la vía de transducción de señales en arroz para la fijación simbiótica de nitrógeno
2. **Andrés Andrade-Domínguez y col.**
Moléculas pequeñas de levadura dirigen el establecimiento y la evolución de una comunidad hongo-bacteria.
3. **Yalbi I. Balderas-Martínez y col.**
Transcriptional regulation in *Escherichia coli* K12 is preferentially mediated by transcription factors in holo conformation
4. **Lourdes Blanco y col.**
Mecanismos de señalización por Nitrógeno y Carbono y su participación en el proceso simbiótico de *Rhizobium*-leguminosas
5. **Luis Manuel Bolaños Avellaneda y col.**
Diversidad de bacterias asociadas al tracto digestivo de alacranes de las especies *Centruroides limpidus limpidus* y *Vaejovis smithi*
6. **Laura Cervantes y col.**
Transferencia conjugativa del plásmido p64a de *Sinorhizobium fredii* GR64
7. **Leonardo Collado Torres y col.**
Global Analysis of Transcription Start Sites and Transcription Units in Bacterial Genomes
8. **Julio Collado Vides y col.**
Proyecto de vinculación entre el Programa de Genómica Computacional y Grupo AMBAR para el desarrollo de servicios web de regulonDB
9. **Martín del Castillo Velasco-Herrera y col.**
MicroRNAs codificados por el virus del papiloma humano.
10. **Luis Fernando Delgadillo Silva y col.**

- Dinámica Proteómica en tumores de cáncer cérvico uterino
11. **Socorro Gama-Castro y col.**
Genetic sensory response units (Gensor Units) en RegulonDB
 12. **Socorro Gama-Castro y col.**
RegulonDB version 7.0.
 13. **Nicolás Gómez-Hernández y col.**
Expresión de los genes *nirK* y *norC* de *Rhizobium etli*: regulación y su efecto en simbiosis
 14. **Rogelio Hernández y col.**
Caracterización de la recombinasa sitio específica IntA codificada en el plásmido p42a de *Rhizobium etli* CFN42
 15. **Juan Carlos Higareda y col.**
Análisis global de la expresión protéica de líneas celulares de cáncer cérvico-uterino
 16. **Kalpana Nanjareddy y col.**
Mecanismos de Señalización por Nitrógeno y Carbono y su Participación en el Procesos Simbiótico en Leguminosas
 17. **Cristina Landeta y col.**
Cromosomas secundarios en *Rhizobium*
 18. **Gamaliel López-Leal y col.**
Análisis del sigmulon dependiente de RpoH en *Rhizobium etli*.
 19. **Manoj Kumar Arthikala y col.**
Identificación y análisis comparativo funcional de los componentes genéticos de la vía común de transducción de señales rhizobia/ micorriza en medicago y arroz
 20. **Irma Martínez-Flores y col.**
Identificación de regulones mediante análisis in silico y experimental de genes de virulencia de *Salmonella enterica serovar Typhimurium*
 21. **Ana Belén Mendoza y col.**
Los microRNAs como reguladores de la respuesta de frijol al estrés por toxicidad por metales
 22. **Bárbara Nova-Franco y col.**
La regulación post-transcripcional por miRNAs del desarrollo de los nódulos de frijol (*Phaseolus vulgaris*) y/o de su respuesta al estrés nutricional.
 23. **Ángel Pech-Canul y col.**
La acil-coa sintetasa (SMc02162) se requiere para la reutilización ácidos grasos endógenos en *Sinorhizobium meliloti*.
 24. **Martín Peralta-Gil y col.**
Caracterización de los arreglos de múltiples sitios de unión, de los Factores de Transcripción en *Escherichia coli*, y sus mecanismos de acción en la regulación genética
 25. **Agustín Reyes-Pérez y col.**
Agregación celular en *Rhizobium etli* CFN 42
 26. **Alma Reyes-González y col.**
Análisis funcional del sistema regulatorio de dos componentes Acts-Actr de *R. Etli* CFN42
 27. **Mitzy Ríos de Anda y col.**
Análisis del proteoma de tejido cerebral de ratones inoculados con líneas celulares de cáncer cérvico uterino

28. **Tania Rosas Pérez y col.**
Genómica de la flavobacteria endosimbionte de los insectos de la familia margarodidae
29. **Pablo Rodríguez Bucheli y col.**
Diversidad, genética evolutiva y distribución ambiental de *Escherichia coli* y de genes de virulencia indicadores de patotipos EPEC y ETEC ríos en Morelos con diversos grados de contaminación residual
30. **Diana X. Sahonero-Canavesi y col.**
Actividades en *Sinorhizobium meliloti* que degradan a los fosfolípidos y liberan ácidos grasos
31. **Heladia Salgado y col.**
Implantación del Modelo de Procesos para la Industria del Software –moprosoft, en el Programa de Genómica Computacional
32. **Orlando Santillán y col.**
Identificación de la región responsable de la laxitud del factor σ primario de *Rhizobium etli*
33. **Hilda Solano-Lira y col.**
DrawingTracesTool: Herramienta de dibujado de elementos genéticos
34. **Rosa L. Solís Oviedo y col.**
Essential amino acid residues in *Sinorhizobium meliloti* phosphatidylcholine synthase and membrane topology
35. **Hermenegildo Taboada Castro y col.**
Búsqueda de reguladores transcripcionales del metabolismo aeróbico y fermentativo de *Rhizobium etli* CFN42
36. **Ivonne Toledo García y col.**
Manejo de *J. curcas* (L) mexicanas e introducidas y su caracterización con marcadores moleculares específicos
37. **Abigail Trejo-Hernández y col.**
Análisis proteómico del biofilm mixto *Candida albicans*-*Pseudomonas aeruginosa*
38. **Miguel Ángel Vences-Guzmán y col.**
Hydroxylated ornithine lipids increase stress tolerance in *Rhizobium tropici* CIAT899
39. **Tomás Villaseñor-Toledo y col.**
Genes necesarios para la síntesis de pantotenato están codificados en plásmidos de *R. etli* y *R. leguminosarum*
40. **Verena Weiss y col.**
Evidence Classification for High-Throughput Methods in RegulonDB
41. **David S. Zamorano-Sánchez y col.**
Caracterización genética de la regulación del operón *fixNOQPd* en *Rhizobium etli* CFN42

**VISITAS O ESTANCIAS DE LOS INVESTIGADORES A OTRAS
INSTITUCIONES**

(para realizar o discutir proyectos en colaboración, impartir seminarios, o realizar trabajo de investigación)

Investigadores	Investigadores e Instituciones receptoras
Dr. Sergio Encarnación	Dr. Juan Pablo Albar, Madrid Esp. Marzo 15 – 16, 2010. Dr. Alberto Mendoza. Centro de Biotecnología Genómica. Instituto Politécnico Nacional, Reynosa, Tamaulipas, México. Abril 15 – 16, 2010.
Dr. Rafael Palacios M.C. Margarita Flores	Drs. Bernard Dujon, Carmen Buchrieser, Frank Kunst, Sylvain Brisse, Didier Mazel, Claudine Elmerich. Instituto Pasteur, Paris. Francia. Junio 14 - Julio 4, 2010. Drs. Claudio Stern, Steve Wilson, Alejandro Madrigal. University College, London, U.K. Junio 14 - Julio 4, 2010. Drs. Bruce Stillman, Leemor Joshua-Tor, Richard McCombie, Scott Lowe, Robert Martienssen, Charles Prizzi, Cathy Shepherd. Cold Spring Harbor Laboratory. NY, USA. Julio 18 - Agosto 1º, 2010. Drs. Leemor Joshua-Tor, Richard McCombie, Scott Lowe, Tom Gingeras, Charles Prizzi, Cathy Shepherd. Cold Spring Harbor Laboratory. NY, USA. Diciembre 9 - 17, 2010.
Dr. Otto Geiger	Prof. Bernhard Hauer, Institut fuer Technische Biochemie, Universitaet Stuttgart, Alemania. Julio 2, 2010.
Dra. M.Lourdes Girard	Drs. Juan Imperial, Tomás Ruiz-Argüeso, José Palacios. Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), UPM, Madrid, España. Septiembre 30, 2010.
Dr. Víctor González	Dra. Amparo Latorre. Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Genética Evolutiva, Universidad de Valencia, Valencia, España. Septiembre 1-3, 2010. Dr. Patrick Mavingui. Laboratoire du Ecologie Microbiene Universidad Claude Bernard Lyon I, Francia. Septiembre 10-15, 2010.

- Dra. Georgina Hernández** Dra. Francesca Sparvoli. Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR. Milán, Italia. Mayo 2 –Junio 10, 2010.
- Dra. Alessandra Stella. Parco Tecnologico Padano–IBBA, Lodi, Italia. Junio 4, 2010.
- Dres. Juan Imperial y Jesús Vicente Carbajosa. Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), UPM. / Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria. Madrid, España. Junio 11-15, 2010.
- Dra. Esperanza Martínez** Dr. Tomás Ruiz-Argüeso. Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), UPM, Madrid, España. Agosto 28 – 31, 2010.
- Dr. Mario Ramírez** Dra. Francesca Sparvoli. Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR. Milán, Italia. Octubre 19 - Noviembre 13, 2010.
- Dr. Pallavolu M Reddy** Dr. M. Subramaniam. Central Food Technological Research Institute, Mysore, India. Enero 7 - 10, 2010.
- Dr. Osbaldo Resendis** Prof. Olaf Wolkenhauer. Departamento de bioinformática y de sistemas en la Universidad de Rostock, Alemania. Agosto - Septiembre, 2010.
- Dr. David Romero** Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO). Irapuato, Gto. 2 – 4 de Junio, 2010.
- Dra. Sonia Silvente** Dr. Oscar Ruiz, Instituto de Investigaciones Biotecnológica Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH) Buenos Aires-Argentina, Septiembre 30- Octubre, 2010.
- Dr. Anatoli Sovoleb. Laboratorio de NMR Annalaura Segre of Institute of Chemical Methodologies CNR. Roma, Italia. Noviembre 7-Diciembre 15, 2010.

SEMINARIOS IMPARTIDOS EN OTRAS INSTITUCIONES.

- **Dr. Miguel A Cevallos**
La regulación de los sistemas de segregación y de replicación de los plásmidos *repABC*. Instituto de Fisiología Celular de la UNAM. Septiembre 23, 2010.
- **Dr. Julio Collado-Vides**
Introducción a bioinformática. Serie de tres seminarios, dirigidos a alumnos de la maestría en tecnologías de la información y la comunicación. Universidad Autónoma de Baja California, Ensenada. Febrero 2 – 4, 2010.
- **Dr. Sergio Encarnación**
Análisis proteómico y transcriptómico de interacciones entre procariotes y eucariotes. Centro de Biotecnología Genómica. Instituto Politécnico Nacional-Campus Reynosa. Abril 16, 2010.
- **Dr. Otto Geiger.**
Adjustments within the bacterial membrane to distinct environments. Institut fuer Technische Biochemie, Universitaet Stuttgart, Alemania. July 2, 2010
- **Dra. M.Lourdes Girard.**
Avances en el conocimiento de los reguladores que controlan la expresión de los genes *fix* en *R. etli* CFN42. Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, UPM. Madrid, España. Septiembre 30, 2010
- **Dr. Víctor González**
Genómica de Bacteriófagos de *Rhizobium etli*. Departamento de Genética y Biología Molecular CINVESTAV-IPN, México D.F. Mayo 3, 2010.

El Pangenoma Multireplicón de *Rhizobium etli*. Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Genética Evolutiva, Universidad de Valencia, Valencia, España. Septiembre 2, 2010.

The Multireplicon Pangenome Structure of *Rhizobium etli* and the Evolution of the Symbiotic Plasmids. Laboratoire de Ecologie Microbienne, Université Claude Bernard Lyon I, Lyon, Francia. Septiembre 13, 2010.
- **Dra. Georgina Hernández.**
Functional genomics of common bean (*Phaseolus vulgaris*) response to abiotic stress. Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria-CNR. Milán, Italia. Mayo 28, 2010
- **Dr. Miguel Lara-Flores**

Señalización nutricional y su papel en el desarrollo de la simbiosis fijadora de nitrógeno. Centro de Investigación en Biotecnología-IPN, Tepetutla Tlaxcala. Noviembre 26, 2010.

Mecanismos de señalización por nitrógeno y carbono y su participación en el proceso simbiótico en leguminosas. Centro de Investigación en Energía-UNAM, Temixco, Morelos. Diciembre 3, 2010.

- **Dra. Esperanza Martínez-Romero**

Nuevas especies de rizobios de México y comunidades de endófitos de semillas. Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Salamanca, España. Septiembre 1º, 2010.

- **Dr. Rafael Palacios**

Relaciones internacionales de la Licenciatura en Ciencias genómicas. University College, London, U.K. Junio, 2010.

Licenciatura en Ciencias Genómicas: Educación Estratégica de Nivel Internacional. En: Encuentro Internacional de Medicina Genómica. INMEGEN. Octubre, 2010.

Novel bioinformatic strategies to localize variations in sequenced human genomes. Cold Spring Harbor Laboratory. Diciembre, 2010.

- **Dr. Osbaldo Resendis-Antonio**

Biología Sintética y de Sistemas: Áreas emergentes para guiar el diseño del fenotipo celular. INMEGEN. Abril, 2010.

Systems Biology of Cancer: Molecular Mechanisms and Mathematical Modeling. Rostock University, Alemania. Agosto 2010.

Biología sintética. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. Septiembre, 2010.

Biología sintética y de sistemas: frontera de las ciencias genómicas en el estudio cuantitativo, diseño y control de la actividad celular. Colegio Nacional, México D.F. Noviembre, 2010.

- **David Romero**

Aventuras en Genomas Inestables. Seminario. Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO). Irapuato, Gto. Junio 03, 2010.

- **Dr. Pablo Vinuesa**

Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y evolutiva. Primer Taller Nacional de Biología Sintética. CINVESTAV-Irapuato. Julio 14, 2010.

Genética Evolutiva y ecología de comunidades de rizobios. Centro de Investigaciones en Ecosistemas (CIECO), Campus Morelia, UNAM, México. Junio 29, 2010.

6. DIVULGACION DE LA CIENCIA.

PUBLICACIONES SOBRE DIVULGACION

Miguel A. Cevallos. El gen maestro y el don del lenguaje ¿Cómo ves? Año 12, Número 137: 10-14. Marzo del 2010.

Miguel A. Cevallos. Biología Sintética: la primera célula viva artificial ¿Cómo ves? Año 12, Número 140: 10-14. Julio del 2010

Rodríguez Sánchez César. La bacteria *Rhizobium etli* y su utilidad en los estudios de recombinación”. *Hypatia, Revista de Divulgación Científica-Tecnológica del CCyTEM*. Archivo: Biología y Genética Molecular. Cuernavaca, Morelos. No 33: 28 -29.

Santos-Zavaleta A., Peralta-Gil M. y Gama-Castro S. (2010). Biocuradores, su aportación al mundo de la ciencia. *Hypatia, Revista de Divulgación Científica-Tecnológica del CCyTEM*. Cuernavaca, Morelos. No. 34, 26-27.

CONFERENCIAS DE DIVULGACION

Dr. Jesús Arellano.

Introducción a la transformación genética de plantas. Facultad de Farmacia,UAEM. Febrero 22, 2010.

Interacción planta-*Agrobacterium*. Facultad de Farmacia, UAEM. Noviembre 25, 2010.

Dr. Miguel Lara.

Plantas transgénicas y el futuro de la alimentación. Comunidad Educativa Caleyá, Cuernavaca, Mor. Febrero del 2010.

Dr. Alfonso Leija S.

Introducción a la microscopía óptica y electrónica con ejemplos de aplicaciones. Facultad de Farmacia, UAEM. Febrero 22, 2010

Interacción entre bacteria-planta de frijol, análisis citológico. Facultad de Farmacia, UAEM. Noviembre 25, 2010.

Dra. Esperanza Martínez-Romero.

En defensa de la diversidad bacteriana. En el XXI Congreso de Investigación CUAM-ACMor. Cuernavaca, Mor. Abril 29, 2010.

Las milpas en los Tuxtlas. Participación en el evento La Milpa: Baluarte de nuestra diversidad biológica y cultural en las celebraciones del Año Internacional de la Biodiversidad, CU, UNAM. Mayo 21-23 2010,

Rhizobium en maíz, frijol y calabaza en las milpas. Participación en el evento La Milpa: Baluarte de nuestra diversidad biológica y cultural en las celebraciones del Año Internacional de la Biodiversidad, CU, UNAM. Mayo 21-23 2010,

Dr. Humberto Peralta

Biofertilizantes para una agricultura productiva y sustentable. Foro de Biofertilizantes para la recuperación de la soberanía alimentaria. Ministerio de Agricultura y Ganadería, Gobierno de El Salvador. Enero 29–30, 2010.

Dr. Mario Ramírez

Ingeniería Genética Vegetal. Seminario de Biotecnología Agrícola. Universidad Politécnica del Estado de Morelos. Jiutepec Morelos. Abril, 2010.

El ADN y la Agricultura. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Ciudad Universitaria. Junio 14, 2010.

Aplicación del Cultivo de Tejidos Vegetales en la Ingeniería Genética. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Ciudad Universitaria. Junio 24, 2010.

Dr. Miguel Ángel Ramírez-Romero

Ciencias Genómicas. Bachillerato, Tecnológico de Monterrey campus Cuernavaca. Ciclo de Conferencias Tec-2010. Febrero, 2010.

Genética Humana. Bachillerato, Tecnológico de Monterrey campus Cuernavaca. Ciclo de Conferencias Tec-2010. Marzo, 2010.

Genómica y Biotecnología. Bachillerato, Tecnológico de Monterrey campus Cuernavaca. Ciclo de Conferencias Tec-2010. Junio, 2010.

Dr. César Rodríguez S.

XVIII Mesas de Especialistas organizadas por el Colegio Marymount Cuernavaca. Enero 22, 2010.

M. en IBB. Oscar Rodríguez S.

Fijación de Nitrógeno. Regiduría Yecapixtla, Morelos. Enero 17, 2010.

Genoma Humano. Universidad del Valle de México, Cuernavaca. Abril 07, 2010.

Genomas, Darwin y yo: un problema de orígenes”. Universidad Latinoamericana, México, D.F. Mayo 18, 2010.

Darwin. EMSAD, Chinameca, Morelos. Junio 02, 2010.

Aplicaciones de la Genómica. O., Agropecuarias-UAEM. Junio 15, 2010.

Pensamiento Científico. Colegio Williams, Cuernavaca. Septiembre 09, 2010.

De Genomas y Maromas. Museo de la Ciudad de Cuernavaca, Morelos. Octubre 01, 2010.

“Ciencias Genómicas y Evolución”. Museo de Ciencias, Cuernavaca, Morelos. Octubre 25 – 26, 2010.

Dr. David Romero C.

Modificación programada del material genético en microbios. Conferencia en la FES Acatlán, en el marco de los festejos por el Centenario de la UNAM. Mayo 14, 2010.

Células Sintéticas y Bioética. Coloquio “Valores para la Sociedad Contemporánea ¿En qué pueden creer los que no creen?” Evento por el Centenario de la UNAM. Centro Cultural Universitario Tlatelolco, Auditorio Alfonso García Robles. México D. F. Agosto 23- 27, 2010.

El Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM. Participación en el evento “Bioconnect, Segundo Encuentro Internacional de Oportunidades de Negocios en Ciencias de la Vida”. World Trade Center Morelos. Octubre 8, 2010.

PARTICIPACION EN PROGRAMAS DE RADIO Y TELEVISION

Esperanza Martínez R.

Entrevista en Radio UAEM, 6 de Octubre de 2010.

Entrevista en Televisa en el marco del Congreso de Bioenergía. Octubre 25, 2010

Humberto Peralta.

Entrevista sobre el Taller de Transferencia de Tecnología de Biofertilizantes con la Agencia Quadratin (Radio noticias). Indaparapeo. Mich. Mayo 8, 2010.

Oscar Rodríguez S.

“Gente de Ambiente/ Radio UAEM”/

Mutación Febrero 18, 2010

Diversidad Genética. Febrero 25, 2010.

Sistemática Evolutiva. Marzo 4, 2010.

Teporingo. Marzo 11, 2010.

Daltonismo. Marzo 18, 2010.

Biodiversidad. Abril 8, 2010.

Flora Morelense. Abril 22

Barrancas de Cuernavaca. Abril 29, 2010.

Venado Morelense. Mayo 6, 2010.

Genómica Ambiental. Junio 3, 2010.

Aves Canoras de Morelos. Septiembre 2, 2010.

Cactáceas de Morelos. Septiembre 9, 2010.

Residuos Sólidos. Septiembre 30, 2010.

David Romero.

Entrevista en Radio Universidad en el programa “Perfiles” sobre el Centro de Ciencias Genómicas y la Licenciatura en Ciencias Genómicas. 20:00 a 21.00 hrs. Abril 12, 2010,

PARTICIPACION EN MEDIOS IMPRESOS

Geiger, O e I. M. López Lara.

Mimetismo: la vida no tiene vergüenza de copiar. “La Unión de Morelos”. Publicado el 4 de Enero del 2010.

Esperanza Martínez

Entrevista para el periódico La Jornada de Morelos. Octubre 1º , 2010.

Humberto Peralta.

Entrevista sobre los desarrollos biotecnológicos de la UNAM para el periódico El Informador. Guadalajara, Jalisco. Marzo 2, 2010.

Oscar Rodríguez S.

“Columpio”. Columna editorial del periódico “La Opinión de Morelos”:

Medicina. Enero 13, 2010.

Prácticas de residentes. Enero 14, 2010.

Científica de 11 años. Agosto 31, 2010.

Historia de la Ciencia en México. Septiembre 7, 2010.

El enigma del cuatro. Septiembre 21, 2010.

100 años de la UNAM. Septiembre 22, 2010.

“El niño que se soñó azul y oro” Editado por el Consejo Estatal de Ciencia y Tecnología Morelos. Jornada Morelos. Septiembre 23, 2010.

Colaborador de la revista electrónica “**Cienciorama**” de la Dirección General de Divulgación de la UNAM, del “**Biotlahuica**”, Revista de la Sociedad Mexicana de Bioquímica y Bioingeniería, colaborador de “**Hypatia**”, Revista de Divulgación Científica del Estado de Morelos y colaborador de “**UnomásUno-Morelos**” y “**La Jornada Morelos**”, invitado por el Consejo Estatal de Ciencia y Tecnología en Morelos.

David Romero.

Entrevista para “La Jornada de Morelos” en el marco del Primer Informe de Actividades de la Dirección del CCG. Publicada el 31 de Mayo de 2010.

MEDIOS ELECTRONICOS

César Bonavides.

“Divulgación de las Ciencias Genómicas (DCG) desde el Centro de Ciencias Genómicas (CCG) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)”, sitio web derivado de la página principal del CCG: <http://www.divulgacion.ccg.unam.mx>.

Humberto Peralta

Entrevista sobre el biofertilizante de *Rhizobium* para frijol con Olga Villanueva para Reporte Indigo (Internet). Guadalajara, Jalisco. Marzo 3, 2010.

Pablo Vinuesa.

Sitio web del Taller Latinoamericano de Evolución Molecular.
<http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/tlem09/>

Sitio web oficial del “Subcommittee on the Taxonomy of *Rhizobium* and *Agrobacterium*”
<http://edzna.ccg.unam.mx/rhizobial-taxonomy/>.

PARTICIPACIÓN EN TALLERES

Jesús Caballero-Mellado[†].

Taller sobre el sustento científico de los biofertilizantes. Dirección General de Vinculación, UNAM. Oaxaca, Mex. Marzo 10-11, 2010.

Taller sobre el sustento científico de los biofertilizantes. Dirección General de Vinculación, UNAM. Cd. Obregón, Sonora. Mex. Abril 20-21, 2010.

Humberto Peralta.

Talleres de transferencia de tecnología y uso de biofertilizantes en el campo mexicano. Organizados por la Confederación de Fundaciones Produce (Cofupro), Coordinación de Innovación y Desarrollo-UNAM y SAGARPA:

Indaparapeo, Michoacán. Mayo 8, 2010.

Nanacamilpa, Tlaxcala. Mayo 15, 2010.

Las Vigas, San Marcos, Guerrero. Junio 5, 2010.

Villaflora, Chiapas. Junio 12, 2010.

Celaya, Guanajuato. Agosto 27, 2010.

Yajalón, Chiapas. Diciembre 18, 2010.

DIPLOMADOS “PENSAMIENTO CIENTÍFICO EN EL AULA”.

Coordinado por la Academia de Ciencias de Morelos.

Para profesores de Secundarias y Preparatorias.

Participación de académicos del CCG.

Miguel Ángel Ramírez R.

Coordinador estatal del módulo de “Química” Septiembre – Julio, 2010.

César Rodríguez S.

Coordinador General Académico.

Coordinador Académico del Módulo de Biología a nivel Secundaria.

Coordinador Académico del Módulo de Biología a nivel Preparatoria

Óscar Rodríguez S.

Coordinador Académico Operativo.

Coordinador del Módulo “Historia de las Ideas Científicas”, así como invitado conferencista a la parte de Biología y Divulgación científica. Para profesores de Secundarias generales, Secundarias técnicas y Tele-secundarias y Preparatoria.

Mónica Rosenblueth

"Origen y Evolución de las Bacterias Endosimbiontes de los Insectos Escama". Marzo 27, 2010.

PARTICIPACION COMO JURADO

Dr. Miguel A. Cevallos G.

Jurado en el concurso de periodismo Científico Premios AgroBio México 2010.

Dr. César Rodríguez S.

Evaluador de carteles de Preparatoria. VIII Concurso de Investigación Científica y Prototipos. Proyecto con...ciencia 2010.. Colegio Morelos de Cuernavaca. Cuernavaca, Morelos. Febrero 26, 2010.

Jurado a Nivel Secundaria.VIII Concurso de Investigación Científica y Prototipos. Proyecto con...ciencia 2010. IV Encuentro Estatal de Ciencias. Colegio Morelos de Cuernavaca. Cuernavaca, Morelos. Febrero 26, 2010.

Evaluador de carteles. Décimo Primera Expociencia 2010. Escuela de la Ciudad de Cuernavaca. Cuernavaca, Morelos. Marzo 19, 2010.

Programa de atención a niños, niñas y jóvenes con aptitudes sobresalientes y/o talentos específicos” . Invitado por el Departamento de Educación Especial, IEBEM, SEP. Auditorio del Parque Ecológico Chapultepec. Feria de Ciencias “ Expociencia”. Diciembre 9, 2010.

M. en IBB. Oscar Rodríguez

Jurado en el Concurso de Carteles, Colegio Morelos. en el nivel medio y medio superior. Febrero, 2010.

Jurado en el Concurso de Ciencia y Tecnología, en el nivel medio y medio superior, Cuernavaca, Morelos. Marzo, 2010.

Jurado en el Concurso de Ciencia y Tecnología CUAM, en el nivel medio superior. Abril, 2010.

Jurado en el Concurso de Ciencia y Tecnología, CECyTE, Morelos. Mayo, 2010.

Jurado en el Concurso Expociencia IEBEM. Diciembre, 2010.

VISITAS RECIBIDAS EN EL CCG

Coordinadas por los responsables de Docencia y/o de Divulgación.
(Para divulgar la investigación y la docencia con la participación de investigadores y estudiantes de posgrado en el CCG)

- Preparatoria Simón Bolívar. Enero 29, 2010. DGIRE/UNAM
- Facultad de Medicina-UAEM. Febrero 16, 2010.
- Colegio Indoamericano. Febrero 18, 2010. DGIRE/UNAM
- Universidad Biotecnológica-Tlaxcala. Abril 14, 2010.
- Prepa 9-UNAM. Abril 23, 2010.
- Universidad Juárez de Tabasco. Mayo 5, 2010
- Discovery, Cuernavaca. Mayo 26, 2010.
- CBTis/Villa de Ayala. Junio 04, 2010.
- Universidad de Chiapas. Junio 09, 2010.
- Universidad de Puebla-Biotecnología. Agosto 13, 2010.
- Preparatoria Quintana Roo. Septiembre 10, 2010.
- Universidad de La Selva, Chiapas. Septiembre 13, 2010.
- Universidad de Tamaulipas. Noviembre 18, 2010.
- CCH-Naucalpan. Noviembre 25, 2010.
- Tecnológico de Ecatepec. Diciembre 02, 2010.
- Oceanografía. Diciembre 07, 2010.
- Instituto Tecnológico del Estado de México. Diciembre de 2010

7. INFRAESTRUCTURA Y MANTENIMIENTO DEL CCG

Durante 2010 se continuó con la iniciativa, generada desde la Dirección del Dr. Julio Collado, para participar en la creación del consorcio para el establecimiento de la Unidad Universitaria de Secuenciación Masiva de DNA. Este consorcio está integrado por la Coordinación de la Investigación Científica, los Institutos de Biotecnología, de Neurobiología y de Investigaciones Biomédicas, las Facultades de Química y Medicina así como el Centro de Ciencias Genómicas.

Con recursos obtenidos a través del Programa de Fortalecimiento de Infraestructura Científica del CONACYT recursos propios, se expandió nuevamente en un tercio la capacidad de almacenamiento y procesamiento del cluster de cómputo del CCG. Asimismo, se adquirieron un Sistema Espectrofotométrico Multi volumen Epoch™ (BioTek), una Centrífuga refrigerada para microplacas, mod. 4-16K marca Sigma, una Campana de flujo laminar horizontal Modelo GHFL-A12 Marca Veco, una Autoclave vertical modelo LabGenius, Marca Daigger y una Centrífuga 5424 Eppendorf con rotor FA-45-24-11 10.

Con recursos obtenidos de la Coordinación de la Investigación Científica, se adquirieron nuevas licencias de software, un medidor NanoDrop para DNA y 12 terminales de cómputo, para sustituir aquellas dañadas en el edificio de la LCG.

Con recursos obtenidos de la DGTIC, se inició la implementación de un cluster de cómputo para la LCG.

Con recursos adicionales otorgados por la Rectoría de la UNAM, y como parte de los trabajos de mantenimiento 2010, se instaló un nuevo cuarto para cultivo de tejidos vegetales. Se rehabilitó el sistema de extinguidores y mangueras contra incendio en el CCG. Se continuó con el mantenimiento de pintura y jardinería del CCG, rehabilitación de instalaciones sanitarias, sustitución de plafones e instalación de luminarias ahorradoras en el interior de los laboratorios. Es importante señalar que la gran mayoría de los trabajos de mantenimiento se hicieron con el apoyo de los trabajadores de base.