



Informe de Labores 2009-2010

Centro de Ciencias Genómicas

Universidad Nacional Autónoma de México



Dr. David René Romero Camarena

Director

ÍNDICE

| | |
|--|----|
| RESUMEN EJECUTIVO | 5 |
| 1. ESTRUCTURA ACADEMICA | 12 |
| COMISION DICTAMINADORA | 12 |
| COMISIÓN EVALUADORA DEL PRIDE | 12 |
| CONSEJO INTERNO | 13 |
| DIRECCION | 14 |
| SECRETARIA ACADEMICA | 14 |
| SECRETARIA TECNICA | 14 |
| SECRETARIA ADMINISTRATIVA | 14 |
| PROGRAMAS DE INVESTIGACION | 15 |
| UNIDADES DE APOYO ACADÉMICO | 15 |
| Unidad de Posgrado | 15 |
| Seguridad Radiológica | 15 |
| Unidad de Informática y Biblioteca | 15 |
| LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS | 15 |
| 2. POBLACION | 16 |
| PERSONAL ACADEMICO | 16 |
| INVESTIGADORES | 16 |
| POSDOCTORALES | 16 |
| TECNICOS ACADEMICOS | 17 |
| PERSONAL ACADEMICO DE PROYECTO | 18 |
| UATI | 18 |
| PERSONAL ADMINISTRATIVO | 19 |
| PERSONAL DE BASE | 19 |
| PROMOCIONES Y NUEVAS CONTRATACIONES DEL PERSONAL ACADEMICO | 20 |
| ESTUDIANTES TESISISTAS EN EL CCG | 21 |
| LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS | 22 |
| ESTUDIANTES | 22 |
| 3. INVESTIGACIÓN | 26 |
| PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN EN LOS PROGRAMAS DEL CCG | 26 |
| Dinámica Genómica | 26 |
| Ecología Genómica | 27 |
| Grupo de Microbiología Ambiental y Simbiótica | 27 |
| Grupo de Microbiología del Suelo y Agrícola | 27 |
| Grupo de Interacción entre Pro- y Eucariotes | 29 |
| Genómica Computacional | 33 |
| Genómica Evolutiva | 34 |
| Genómica Funcional de Eucariotes | 37 |
| Genómica Funcional de Procariotes | 40 |
| Ingeniería Genómica | 46 |
| PRINCIPALES DISTINCIONES | 53 |
| PRODUCCIÓN PRIMARIA | 54 |

| | |
|--|----|
| Artículos publicados en revistas internacionales con arbitraje | 54 |
| Artículos publicados en revistas nacionales | 57 |
| OTROS PRODUCTOS | 58 |
| Capitulos en libros | 58 |
| Articulos en memorias internacionales | 58 |
| PARTICIPACIÓN EN CONGRESOS POR INVITACION | 58 |
| Internacionales | 58 |
| Nacionales. | 60 |
| PRESENTACIONES LIBRES EN CONGRESOS. | 63 |
| Internacionales. | 63 |
| Nacionales | 67 |
| PARTICIPACIÓN DIRECTIVA EN SOCIEDADES CIENTÍFICAS. | 69 |
| PARTICIPACIÓN EN COMISIONES DICTAMINADORAS O EVALUADORAS. | 69 |
| PARTICIPACIÓN EDITORIAL EN REVISTAS INTERNACIONALES Y NACIONALES. | 71 |
| DONATIVOS A PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN | 72 |
| CONVENIOS PARA INVESTIGACIÓN APLICADA O CONVENIOS DE TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA O PATENTES. | 75 |
| 4. FORMACIÓN DE RECURSOS HUMANOS Y DOCENCIA | 76 |
| GRADUADOS | 76 |
| Doctorado | 76 |
| Licenciatura en Ciencias Genómicas (Trabajo de Investigación para Titulación)..... | 77 |
| Licenciatura en Ciencias Genómicas (Titulación por Alto Desempeño Académico) ¹ | 78 |
| Licenciatura en Ciencias Genómicas (Titulación por Estudios de Posgrado) ¹ | 78 |
| Otras Licenciaturas..... | 78 |
| PROGRAMA INSTITUCIONAL: CURSO PROPEDÉUTICO | 79 |
| DOCTORADO EN CIENCIAS BIOMÉDICAS | 80 |
| Entidades participantes..... | 80 |
| Tutores acreditados por el CCG | 80 |
| Tutores adscritos al CCG..... | 80 |
| Tutores adscritos a otras entidades..... | 80 |
| PARTICIPACION DE LOS INVESTIGADORES EN COMITES TUTORALES DE POSGRADO | 82 |
| ESTUDIANTES DE POSGRADO | 86 |
| Doctorado en Ciencias Biomédicas..... | 86 |
| Doctorado en Ciencias Bioquímicas (IBt-UNAM) | 88 |
| Doctorado en Ciencias Biológicas (FC – UNAM)..... | 88 |
| Doctorado en Ciencias (FC-UAEM)..... | 88 |
| Doctorado en Biotecnología (FCB-UAEM) | 88 |
| Maestría en Ciencias Bioquímicas (IBt) | 89 |
| Maestría en Ciencias (FC-UAEM)..... | 89 |
| ESTUDIANTES DE LICENCIATURA | 90 |
| CURSOS O TÓPICOS SELECTOS IMPARTIDOS..... | 90 |
| Posgrado | 90 |
| Semestre 2009-2 (Febrero-Junio, 2009) | 90 |

| | |
|--|-----|
| Semestre 2010-1 (Agosto-Diciembre, 2009) | 91 |
| Licenciatura en Ciencias Genómicas ^{1,2} | 92 |
| Semestre 2009-2 (Febrero-Junio, 2009) | 92 |
| Semestre 2010-1 (Agosto-Diciembre, 2009) | 93 |
| PARTICIPACIÓN EN CURSOS (HORAS O SESIONES) | 95 |
| Semestre 2009-2 (Febrero-Junio, 2009) | 95 |
| Semestre 2010-1 (Agosto-Diciembre, 2009) | 95 |
| ASESORÍAS DE SERVICIO SOCIAL | 97 |
| SUPERACIÓN ACADÉMICA DE LOS TÉCNICOS ACADÉMICOS | 98 |
| 5. INTERCAMBIO ACADÉMICO | 99 |
| PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE CONGRESOS INTERNACIONALES. | 99 |
| PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE EVENTOS ACADÉMICOS NACIONALES. | 99 |
| INVESTIGADORES VISITANTES | 100 |
| ESTUDIANTES VISITANTES | 101 |
| CICLOS DE CONFERENCIAS INSTITUCIONALES | 103 |
| Frontiers in Genomics | 103 |
| Seminarios organizados por los programas de investigación..... | 106 |
| Reunión académica 2009 | 107 |
| VISITAS O ESTANCIAS DE LOS INVESTIGADORES A OTRAS INSTITUCIONES | 111 |
| SEMINARIOS IMPARTIDOS EN OTRAS INSTITUCIONES..... | 113 |
| 6. DIVULGACION DE LA CIENCIA | 115 |
| PUBLICACIONES SOBRE DIVULGACIÓN | 115 |
| CONFERENCIAS DE DIVULGACIÓN IMPARTIDAS | 115 |
| PARTICIPACIÓN PROGRAMAS DE RADIO Y TV | 117 |
| PARTICIPACIÓN EN MEDIOS IMPRESOS | 119 |
| DIPLOMADOS “PENSAMIENTO CIENTÍFICO EN EL AULA”. | 120 |
| PARTICIPACIÓN COMO JURADO EN CONCURSOS DE INICIO A LA INVESTIGACIÓN | 120 |
| VISITAS RECIBIDAS EN EL CCG | 122 |
| 7. INFRAESTRUCTURA Y MANTENIMIENTO DEL CCG | 123 |

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 2009 en el CCG estuvo integrado por 28 investigadores de tiempo completo, de los cuales dos son eméritos, ocho titulares “C”, seis titulares “B”, diez titulares “A”, dos asociados “C” además de nueve en estancias posdoctorales. Así mismo laboraron 34 técnicos académicos y 48 técnicos por honorarios. Veintiseis de los 28 investigadores son reconocidos en el SNI, así como 6 técnicos académicos. Veintitres de los 28 investigadores y veintisiete de los 34 técnicos tienen las categorías más altas de PRIDE, D ó 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 202 alumnos, de los cuales 143 de ellos pertenecen a la Licenciatura en Ciencias Genómicas, 48 son estudiantes de posgrado (45 de doctorado y 3 de maestría), más 11 tesis de licenciatura. El CCG cuenta con 15 administrativos de confianza y 55 trabajadores de base. En total, 391 personas contribuyeron durante 2009, 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 35 artículos en revistas internacionales indizadas dando una proporción de 1.25 publicaciones por investigador.

Estos trabajos se publicaron en revistas de alto impacto, siendo 3.73 el índice de impacto promedio de 23 revistas (solo dos artículos se publicaron en una revista sin índice de impacto, debido a su reciente creación). Del total de publicaciones históricas del centro –las cuales suman 512- en este año el total de citas pasó de 14,403 a 16,055. Es decir en este año la producción histórica del centro obtuvo un total de 1,652 citas. Se publicaron también dos capítulos en libros y dos artículos en memorias internacionales, así como dos artículos en revistas nacionales. La descripción más detallada de los las líneas de investigación y resultados obtenidos en el año se encuentran detalladas en el capítulo de investigación.

Los recursos extraordinarios obtenidos en el 2009, provienen de CONACyT, PAPIIT, donativos del extranjero, del Instituto de Ecología A. C. y del licenciamiento de biofertilizantes. De CONACyT en el 2009 se obtuvieron recursos por un total de \$4 239 510.00 pesos, asignados

a 15 proyectos. El total de donativos del programa PAPIIT de DGAPA ascienden a 16, con un monto total asignado de \$3 008 516.00 pesos. Del Instituto de Ecología A. C. se recibieron \$56 000.00 pesos. Del extranjero se recibieron en el año un total de \$3 376 934.47 pesos, distribuidos en tres proyectos (NIH, SRI International y la Unión Europea).

Principales Distinciones

Las distinciones internacionales son las siguientes. La Dra. Esperanza Martínez Romero fue distinguida como miembro de la *American Academy of Microbiology*. Esta asociación, a la cual se ingresa por recomendación de al menos dos de sus miembros y a través de un riguroso análisis de las contribuciones del candidato, reconoce las notables aportaciones del candidato a la microbiología. Además de la Dra. Martínez, solo otros dos mexicanos han recibido esta distinción. El Dr. Julio Collado recibió el Reconocimiento por el artículo más citado en la última década en México en el área de Biología Molecular, otorgado por Thomson Reuters y CINVESTAV. 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. Michael Dunn participó en un artículo en la revista *Microbiology* que ocupó el lugar número ocho dentro de los “50 most-read articles in Microbiology”. El Dr. Miguel Ángel Ramírez, el Dr. Osbaldo Resendis y un equipo de alumnos de la Licenciatura en Ciencias Genómicas, obtuvieron la medalla de plata en la competencia iGEM (*International Genetically Engineered Machines competition*) organizada por el *Massachusetts Institute of Technology* (MIT).

Entre las distinciones nacionales recibidas, deseo destacar las siguientes. El Dr. Jesús Caballero es Integrante de la Comisión Dictaminadora del Área de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias en el Fondo Sectorial de Investigación Científica Básica SEP-CONACYT. También es integrante de la Subcomisión Tecnológica del SNI, e integrante del Comité Científico del Premio AgroBIO 2009. Los Dres. Sergio Encarnación y Lourdes Girard fueron integrantes de la Comisión Evaluadora del PRIDE del CCG, mientras que el Dr. Otto Geiger participa en la Comisión Evaluadora del PRIDE en el Instituto de Biotecnología. 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. Esperanza Martínez Romero continúa como integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Investigaciones Biomédicas (2008-2010), mientras que el Dr. Miguel Ángel Cevallos es integrante de la Comisión Dictaminadora del Área de Ciencias Exactas e Ingeniería (UAEM) y la Dra. Georgina Hernández participa en la Comisión Dictaminadora del Instituto de Ecología, UNAM. La Dra. Hernández es integrante del Comité Evaluador del PAPIIT en el Área de las Ciencias Biológicas y de la Salud. El Dr. David Romero es miembro de la Comisión de Admisión de la Academia de Ciencias de Morelos, A.C.

Por otro lado, la Dra. Isabel López Lara 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. La Dra. María del Carmen Vargas, la M. en IBB. Sara Isabel Fuentes y el Dr. Michael Dunn recibieron los reconocimientos correspondientes a 25, 20 y 15 años, respectivamente, de servicios académicos en la Universidad. El M. en IBB. Oscar Rodríguez Sánchez recibió el Premio de Excelencia Académica otorgado por el Sistema de la Universidad Latinoamericana, por sus labores docentes. El Dr. Miguel Lara Flores continuó,

hasta el término de 2009, con el nombramiento de Subdirector de Ciencias de la Dirección General de Proyectos Universitarios.

Docencia.

Durante 2009, la población estudiantil total estuvo integrada por 202 alumnos, de los cuales 143 de ellos pertenecen a la Licenciatura en Ciencias Genómicas, 48 son estudiantes de posgrado (45 de doctorado y 3 de maestría), y 11 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 siete alumnos de Doctorado con tutores del CCG, cinco de ellos del DCB, uno en el Doctorado Ciencias Bioquímicas de la UNAM y uno como codirección con la Université Claude Bernard-Lyon 1, en Francia. Se impartieron durante 2009 un total de nueve cursos fundamentales ó tópicos selectos en el DCB, incluyendo temas de comunicación intercelular, interacciones simbióticas, estadística, evolución, metagenómica, microbiología y transferencia genética lateral, entre otros. El Dr. Otto Geiger (responsable del posgrado ante el DCB en la primera mitad del año) y el Dr. Pablo Vinuesa en lo sucesivo, organizaron 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 posgrado, particularmente en el Doctorado, la Dirección del CCG decidió comenzar un programa de apoyo para estudiantes en este tipo de situación. Este apoyo consiste 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. Esto se concede a estudiantes de Doctorado que se encuentren en las siguientes circunstancias:

- Ser alumno activo del Doctorado, realizando sus actividades de investigación en laboratorios del Centro de Ciencias Genómicas.
- Carecer actualmente de beca para realizar estudios de Doctorado ó contrato con la UNAM (cuyo monto exceda los \$5000.00 pesos mensuales).
- No haber perdido el apoyo de beca por causas de incumplimiento académico.
- Estar actualmente en la fase terminal de sus estudios de Doctorado, restando solamente la escritura del artículo correspondiente y/o la redacción de la tesis de Doctorado.

Este programa comenzó en agosto de 2009. Hasta febrero de 2010, participaron en este programa cinco estudiantes; todos ellos concluyeron la redacción de sus respectivos artículos, y dos de ellos obtuvieron el grado en ese periodo.

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 tercera generación de la licenciatura en ciencias genómicas. Es notable que once de los 37 estudiantes de esta generación, obtuvieron 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 séptima generación, en 2009, se presentaron 204 aspirantes, de los cuales se admitieron solamente a veintiuno.

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 cuatro de ellos estuvieron bajo la responsabilidad directa del personal del CCG. De manera similar, entre los estudiantes de la LCG adscritos a grupos de investigación del CCG, siete de ellos se titularon por trabajo de investigación, cinco por alto nivel académico y uno por ingreso al posgrado.

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 dos alumnos de Licenciatura, se impartieron ocho cursos en otras Licenciaturas y se asesoró a seis estudiantes de servicio social.

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 Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009” realizado del 26 al 29 de Octubre de 2009 en la Riviera Maya, Quintana Roo, México. Este congreso fue organizado por el Dr. Julio Collado y fue la primera vez que el encuentro anual del EMBNET se llevó a cabo fuera de Europa. Dicho congreso fue parcialmente apoyado con recursos del CCG.

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).

La Dra. Georgina Hernández fue Miembro del International Scientific Advisory Board de “Phaseomics VI” ; del 16th International Congress on Nitrogen Fixation y del 13th National Congress of Biochemistry and Plant Molecular Biology & 6th Symposium Mexico – USA; el Dr. Guillermo Dávila es Miembro del International Scientific Advisory Board of the 9th European Nitrogen Fixation Conference y la Dra. Esperanza Martínez es miembro del International Advisory Board del International Symposium of Nitrogen Fixation with Non Legumes. De manera similar, el Dr. Jesús Caballero es Delegado de México ante la Red BIOFAG del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED).

En el ámbito nacional, la Dra Esperanza Martínez organizó la “Segunda Reunión de Investigación en Bioenergía”, el 30 de enero de 2009. El Dr. Pablo Vinuesa organizó el “Taller Latinoamericano de Evolución Molecular-TLEM 2009”, del 22 de junio al 3 de julio de 2009. Este último evento fue parcialmente apoyado con recursos del CCG. El Dr. Sergio Encarnación es Presidente de la Sociedad Mexicana de Ciencias Genómicas.

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 21 expertos líderes mundiales en diferentes áreas de las Ciencias Genómicas, provenientes de las siguientes instituciones:

- Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa.
- Cold Spring Harbor Laboratory
- Dana-Farber Cancer Institute
- Harvard University
- HHMI, Janelia Farm Research Campus
- Institut Pasteur
- Keio University
- Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology
- National Institutes of Health
- Purdue University
- Stanford University School of Medicine.
- University of Arizona
- University of California, San Diego
- University of Cambridge
- University of Pittsburgh
- Weizmann Institute of Science

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, la Dirección y la Secretaría Académica del CCG organizaron una Reunión Académica interna, la cual se pretende repetir con periodicidad anual. Esta Reunión se llevó a cabo del 18 al 20 de noviembre de 2009. La Reunión estuvo conformada por 27 presentaciones orales (20 minutos de exposición y 10 minutos de discusión cada una) por parte de los investigadores del CCG. Asimismo, hubieron 42 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 13 investigadores visitantes internacionales, uno nacional y un posdoctoral internacional invitado, quienes participaron impartiendo seminarios y discutiendo proyectos de investigación con académicos del Centro. Asimismo tuvimos siete alumnos visitantes de posgrados nacionales, así como uno de licenciatura.

El personal académico participó en diversos congresos, presentando 51 trabajos en congresos internacionales (14 por invitación) y 36 en congresos nacionales (21 por invitación). Se realizaron 14 visitas a instituciones nacionales y extranjeras por miembros de la comunidad académica del centro. Adicionalmente académicos del centro participaron en comités científicos de proteómica y bioinformática.

Divulgación científica

El CCG participa en el diplomado “Pensamiento Científico en el aula”, programa estatal para profesores de secundarias y de preparatorias coordinados por la Academia de Ciencias de

Morelos. Académicos del CCG participaron en diversas actividades de divulgación que incluyen 29 conferencias de divulgación en diferentes instituciones, 30 intervenciones en programas de radio y TV a nivel nacional y estatal, 16 entrevistas y participaciones en medios impresos y fungieron como miembros de jurados de concursos científicos en el estado. Asimismo, se atendieron quince visitas guiadas a las instalaciones del CCG.

Convenios

Los Drs. Jaime Mora y Jesús Caballero continúan su participación 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.

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. Osbaldo Resendis, por parte del CCG, participa junto con la Facultad de Ciencias, el CINVESTAV/Irapuato y las empresas Sí o Sí Alimentos, Laboratorios Agroenzimas, Landsteiner Scientific y la Clínica de Enfermedades Crónicas en la Alianza Estratégica y Red de Innovación para el Desarrollo de la Biología Sintética en México.

El CCG y la LCG, tienen un acuerdo conjunto con la Fundación México en Harvard, que implica apoyo económico compartido que permita la realización de estancias de investigación de dos alumnos de la LCG por año académico en el laboratorio de la Dra. Pamela Silver, del Department of Systems Biology, Harvard Medical School, Harvard University. Estas estancias comenzarán en 2010.

Infraestructura y mantenimiento del CCG

Durante 2009 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 propios y con el apoyo de la Dirección General de Servicios de Cómputo Académico y el Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, se expandió en un tercio la capacidad de almacenamiento y procesamiento del cluster de cómputo del CCG. Asimismo, se proveyó a la Biblioteca del CCG de dos nuevas computadoras para atención de los usuarios. Se adquirió un ultracongelador horizontal con recursos de la Dirección del CCG para atender necesidades generales de almacenamiento.

Se construyó y equipó un aula adicional en la Unidad de Docencia del CCG, así como una oficina de Divulgación y otra de Apoyo de Cómputo en el Área Administrativa del CCG.

Con recursos propios y con el apoyo de la Coordinación de la Investigación Científica, se adquirió e instaló una nueva planta de emergencia, adicional a la ya existente, lo que permitirá separar la carga actual en dos plantas. Esto resolvió problemas de capacidad insuficiente de energía de emergencia que habían aquejado al CCG por los últimos seis años.

Con recursos adicionales otorgados por la Rectoría de la UNAM, y como parte de los trabajos de mantenimiento 2009, se impermeabilizaron todos los techos del CCG y la LCG (3000 m²), se pintó el exterior de los edificios (9000 m²), se rehabilitaron plafones y pisos en

laboratorios y Unidad Administrativa, se rehabilitó el interior del Auditorio, se reacondicionó la Unidad Habitacional, se reacondicionó y reencarpetó el estacionamiento y un camino empedrado, se rehabilitó la cerca perimetral y cancha deportiva, se repararon seis aulas de docencia y se adaptó un espacio para comedor de trabajadores administrativos. Es importante señalar que la gran mayoría de los trabajos de mantenimiento se hicieron con el apoyo de los trabajadores de base. Adicionalmente, se sustituyeron seis tanques de almacenamiento de gas natural, que habían superado ya su vida útil segura. Para reforzar la seguridad del CCG, se adquirieron e instalaron tres cámaras de seguridad.

Sistema de Informes de Actividades Académico-Administrativas

Se continuó el apoyo para la implementación del Sistema de Informes de Actividades Académico-Administrativas (SIAC), proyecto iniciado y llevado a fase muy avanzada durante la administración del Dr. Julio Collado. El SIAC es un sistema computacional con acceso a Base de Datos que permite la captura del informe anual de actividades del personal académico y administrativo del CCG. Actualmente el proyecto está virtualmente concluido, restando el ligamiento total del SIAC al sitio web del CCG.

De manera similar, durante 2009 se comenzó la implementación de un sistema administrativo, basado en el empleado en el IBt que hará más ágil el proceso de pedidos y el control de presupuestos, tanto por académicos como por el personal administrativo.

1. ESTRUCTURA ACADEMICA

COMISION DICTAMINADORA

Dra. Carmen Gómez Eichelmann
Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM

Dra. Horacio Merchant Larios
Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM

Dr. Xavier Soberón Mainero
Instituto de Biotecnología-UNAM

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

Dr. Mario Soberón Chávez
Instituto de Biotecnología-UNAM

Dr. Georges Dreyfus Cortés
Instituto de Fisiología Celular-UNAM

COMISIÓN EVALUADORA DEL PRIDE

Dra. Carmen Gómez Eichelmann. Instituto de Investigaciones Biomédicas.

Dr. César Augusto Domínguez Pérez Tejada. Instituto de Ecología.

Dr. Mario Soberón Chávez. Instituto de Biotecnología.

Dr. Sergio Manuel Encarnación Guevara. Centro de Ciencias Genómicas.

Dra. Ma. de Lourdes Girard Cuesy. Centro de Ciencias Genómicas.

CONSEJO INTERNO

Enero a Marzo

Presidente

Dr. P. Julio Collado Vides.

Secretario

Dr. Sergio M. Encarnación Guevara.

Consejeros Representantes del Personal Académico

Dra. Esperanza Martínez Romero.

Dr. David R. Romero Camarena.

Consejeros designados

Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero.

Representante Electo ante el CTIC

Dra. Georgina Hernández Delgado.

Invitados

Dr. Guillermo Dávila Ramos.

Representante ante el CAABYS

Dr. Rafael Palacios de la Lama.

Coordinador LCG

Dr. Otto Geiger.

Responsable de Posgrado

Marzo a Diciembre

Presidente

Dr. David R. Romero Camarena.

Secretaria

Dra. María de Lourdes Girard Cuesy.

Consejeros Representantes del Personal Académico

Dra. Esperanza Martínez Romero.

Dr. Sergio M. Encarnación Guevara.

Consejeros designados

Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero.

Representante Electo ante el CTIC

Dra. Georgina Hernández Delgado (hasta el 26 de agosto)

Dr. Sergio M. Encarnación Guevara (a partir del 27 de agosto)

Invitados

Dr. José de Jesús Caballero Mellado.

Representante ante el CAABYS

Dr. Rafael Palacios de la Lama.

Coordinador LCG

Dr. Otto Geiger (hasta el 30 de junio)

Responsable de Posgrado

Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann (a partir del 1° de julio)

DIRECCION

Enero a Marzo

| | |
|-----------------------------|------------|
| Dr. P. Julio Collado Vides. | Director. |
| Alma A. Córdova Cárdenas. | Asistente. |

Marzo a Diciembre

| | |
|--|------------|
| Dr. David Romero Camarena. | Director. |
| Alma A. Córdova Cárdenas (hasta 15 Junio) | Asistente. |
| Patricia Vázquez Anaya (a partir 16 Junio) | |

SECRETARIA ACADEMICA

Enero a Marzo

| | |
|------------------------------------|-----------------------|
| Dr. Sergio M. Encarnación Guevara. | Secretario Académico. |
| Patricia Vázquez Anaya. | Asistente. |

Marzo a Diciembre

| | |
|---|-------------------------|
| Dra. Ma. de Lourdes Girard Cuesy. | Secretaria Académica. |
| Patricia Vázquez Anaya (hasta 15 Junio) | Asistente. |
| María Dolores Cuéllar Ávila (a partir 16 Junio) | |
| M. en IBB. Oscar Rodríguez Sánchez. | Divulgación Científica. |

SECRETARIA TECNICA

| | |
|---|--------------------|
| M. en ATI César Augusto Bonavides Martínez. (hasta 31 de agosto) | Secretario Técnico |
| Dr. Víctor M. González Zúñiga (a partir del 1° de noviembre) | |
| María Luisa Castañeda González | Asistente |

SECRETARIA ADMINISTRATIVA

| | |
|--|--|
| C.P. Felipe Nava Fabián | Secretario Administrativo |
| María Elena Mérida Fierros | Asistente |
| Lic. María del Carmen Armijo Abdo | Jefa del Depto. de Compras |
| Leticia Vázquez Anaya | Asistente |
| Lic. Mirna Pérez Sánchez | Jefa del Depto. de Personal |
| María Guadalupe Torales Ch. (hasta 16 Marzo) | Asistente |
| María Guadalupe Martínez Bahena (a partir del 1° de Junio) | |
| C.P. Pablo Castorena Fuentes | Jefe del Depto. de Presupuestos |
| María R. Pérez Barrón | Asistente |
| Heriberto Marbán | Auxiliar |
| Lic. Gustavo R. Rodríguez Díaz | Jefe del Depto. de Servicios Generales |

PROGRAMAS DE INVESTIGACION

| 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. Otto Geiger (hasta el 30 de junio) | Responsable |
| Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann (a partir del 1° de julio) | |
| Lic. Gladys Avilés Ortega | Asistente |

Seguridad Radiológica

| | |
|-----------------------|--------------------------|
| Responsable en el CCG | Dr. Christian Sohlenkamp |
|-----------------------|--------------------------|

Unidad de Informática y Biblioteca

| | |
|------------------------------|----------------------------|
| Dr. P. Julio Collado Vides | Responsable |
| Lic. Edith O. Cinta Elías | Encargada de la Biblioteca |
| Lic. Victor del Moral Chávez | Encargado de Informática |

LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

| | |
|--------------------------------|------------------------|
| Dr. Rafael Palacios de la Lama | Coordinador |
| Lic. Iliana Bahena Arellano | Asistente |
| M en C. Romualdo Zayas Lagunas | Responsable de cómputo |

2. POBLACION

PERSONAL ACADEMICO

INVESTIGADORES

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

POSDOCTORALES

| NOMBRE y GRADO | BECARIO-PERIODO | SNI |
|--------------------------------------|--|-----------|
| 1. Enrique Balleza Dávila, Dr. | UNAM (1° Marzo, 2008 - 15 Octubre, 2009) | Candidato |
| 2. Yesenia Herrera Salgado, Dr. | UNAM (1° Septiembre, 2007 – 30 Agosto, 2009) | Candidato |
| 3. Defrance Matthieu Damien Ch., Dr. | UNAM (23 Junio, 2009 -) | |
| 4. Loreto Naya Aquilué, Dra. | UNAM (21 Octubre, 2009 -) | |
| 5. Manoj Kumar Arthikala, Dr. | UNAM (12 Noviembre, 2009 -) | |
| 6. Rosaura Aparicio Fabre, Dra. | CONACYT (1° Marzo, 2009 -) | Candidato |
| 7. Ernesto A. Ormeño Orrillo, Dr. | INECOL (1° Abril, 2008 -) | Candidato |
| 8. Martín Peralta Gil | SRI International (Enero 2005-) | Nivel I |
| 9. Araceli Huerta Moreno | SRI International (Enero 2009-) | Nivel I |

TECNICOS ACADEMICOS

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

PERSONAL ACADEMICO DE PROYECTO

1. Acevedo Betancur Yunuen
2. Alquicira Hernández Shirley
3. Alquicira Hernández Kevin
4. Bojórquez Espinosa Cristina
5. Botello Ocampo Sarahi Esmeralda
6. Castillo Quevedo Oliver
7. Díaz Marías José Waldo
8. Elizalde Contreras José Miguel
9. Espiritu Salazar José
10. Freyre González Julio Augusto
11. Fernández Vázquez José Luis
12. Fuentes Martínez Juan Pablo
13. Fuentes Martínez José Luis
14. García Hughes Gianella
15. García Sotelo Jair Santiago
16. Granados Castro Alejandro Adrian
17. Guerra Arteaga Ulises Fernando
18. Gutiérrez Jacobo Nahum Nathanael
19. Hernández Morales Alejandro
20. Hernández González Ismael Luis
21. Hernández Pérez Angélica Paola
22. Jiménez Jacinto Verónica
23. Juárez Ramírez María Soledad
24. López Fuentes Alejandra Cristina
25. López Bojórquez Lucia Nikolaia
26. Martínez Adame Ruth
27. Martínez Flores Irma
28. Mena Flores Ramón Michel
29. Méndez Jiménez Cyntia Citlali
30. Muñiz Rascado Luis José
31. Olmedo Campos Gisel Byanka
32. Osorio Mora Vicente
33. Ortiz Gutiérrez Elizabeth
34. Porrón Sotelo Liliana
35. Ramírez Trujillo José Augusto
36. Rivero Zaragoza María Ricarda
37. Salas Ocampo María De La Paz
Elizabeth
38. Salgado Osorio Gerardo
39. Salazar Salazar Guadalupe Corelly
40. Santos Zavaleta Alberto
41. Solano Lira Hilda
42. Trejo Pérez Cinthia

UATI

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

PERSONAL ADMINISTRATIVO

| NOMBRE | CATEGORÍA |
|---------------------------------|---------------------------|
| 1. Felipe Nava Fabián | Secretario Administrativo |
| 2. Ma. del Carmen Armijo Abdo | Jefe Depto. Compras |
| 3. Pablo Castorena Fuentes | Jefe Depto. Presupuestos |
| 4. Mirna Pérez Sánchez | Jefe Depto. Personal |
| 5. Gustavo R. Rodríguez Díaz | Jefe Depto. Serv. Grales. |
| 6. Gladys E. Avilés Ortega | Asistente Procesos |
| 7. Amparo Gutiérrez Castañeda | Asistente Procesos |
| 8. Cinthya A. Caro Cerda | Asistente Ejecutivo |
| 9. Ma. Luisa Castañeda González | Asistente Ejecutivo |
| 10. María Dolores Cuéllar Ávila | Asistente Ejecutivo |
| 11. Ma. Elena Mérida Fierros | Asistente Ejecutivo |
| 12. Martha E. Ochoa Valencia | Asistente Ejecutivo |
| 13. María R. Pérez Barrón | Asistente Ejecutivo |
| 14. Leticia Vázquez Anaya | Asistente Ejecutivo |
| 15. Patricia Vázquez Anaya | Asistente Ejecutivo |

PERSONAL DE BASE

| NOMBRE | NOMBRAMIENTO | NOMBRE | NOMBRAMIENTO |
|----------------------------------|---------------------|----------------------------------|---------------------|
| 1. Roberto Delgado Ríos | Archivista | 29. José A. Solar Pérez (finado) | Of. de Transporte |
| 2. Heriberto Marbán Ocampo | Aux. Contabilidad | 30. J. Antonio Trujillo Jiménez | Of. Transporte |
| 3. Verónica Aguirre Linares | Aux. de Intendencia | 31. Pastor Miranda Balladares | Of. Administrativo |
| 4. Martín García Solís | Aux. de Intendencia | 32. José Luis Navarro Nava | Gestor Admtvo. |
| 5. Carmen Linares Aguilar | Aux. de Intendencia | 33. Luis Olvera Pastrana | Gestor Admtvo. |
| 6. Ma. Carmen Mendoza H. | Aux. de Intendencia | 34. José Marcelo Gante Román | Peón |
| 7. Graciela Quiñones García | Aux. de Intendencia | 35. Jorge Elías Ríos Muñoz | Peón |
| 8. Adrián Ramírez Navarrete | Aux. de Intendencia | 36. Víctor Manuel Bustos Zagal | Prof. Titulado |
| 9. Fulgencia Román Cervantes | Aux. de Intendencia | 37. Concepción Hernández L. | Secretario |
| 10. Enrique Alonso Beltrán | Aux. de Laboratorio | 38. Lucila Lulo Ochoa | Secretario |
| 11. Ma. Gpe. Figueroa Sámano | Aux. de Laboratorio | 39. Ma. Gpe. Martínez Bahena | Secretario |
| 12. Jesús Montaña Ramos | Aux. de Laboratorio | 40. Luis Antonio Martínez B. | Secretario |
| 13. Adriana Salazar Estrada | Aux. de Laboratorio | 41. Elvia Miranda Miranda | Secretario |
| 14. Silvia Trujillo Jiménez | Aux. de Laboratorio | 42. Ma. Araceli Sánchez Soto | Secretario |
| 15. Javier Peza Villa | Bibliotecario | 43. María A. Santos Zavaleta | Secretario |
| 16. Pedro Figueroa Román | Jardinero | 44. Ma. Gpe. Torales Chávez | Secretario (Mzo.16) |
| 17. L. Susana Dávila Ramos | Jefe de Laboratorio | 45. Rodolfo Ramírez Núñez | Técnico |
| 18. Pedro Alonso Beltrán | Laboratorista | 46. Fausto Pantitlán Hernández | T. Electromecánico |
| 19. Ma. Ascención Bustos V. | Laboratorista | 47. Ma. Luisa Arroyo Aguilar | Vigilante |
| 20. Antonia Jaimes Aguilar | Laboratorista | 48. Genaro Gante Leonides | Vigilante |
| 21. Jesús Muñoz García | Laboratorista | 49. Humberto Hernández Cortéz | Vigilante |
| 22. Jorge Muñoz García | Laboratorista | 50. Dolores Hernández y Ramos | Vigilante |
| 23. Araceli Sánchez Alcalá L. | Laboratorista | 51. Bernardo Juárez Valadéz | Vigilante |
| 24. Jadaú Sánchez Nava | Laboratorista | 52. Juan Lemus Magaña | Vigilante |
| 25. José L. Zitlalpopoca Sánchez | Laboratorista | 53. Juan Sixto Olea Román | Vigilante |
| 26. José Leyva García | Of. de Transporte | 54. J. Enrique Rivas Ramírez | Vigilante |
| 27. Roberto Manjarrez Solórzano | Of. de Transporte | 55. Romualdo Sánchez Flores | Vigilante |
| 28. J. Alberto Morett Sánchez | Of. de Transporte | | |

**PROMOCIONES Y NUEVAS CONTRATACIONES DEL PERSONAL
ACADEMICO**

| Nombre | Nombramiento | Fecha |
|-------------------------------|----------------------------|--------------|
| Promoción | | |
| Miguel Lara Flores | Investigador Titular C TC | 24-Sep-09 |
| Sergio M. Encarnación Guevara | Investigador Titular B TC | 12-Feb-09 |
| Víctor Manuel González Zúñiga | Investigador Titular B TC | 4-Dic-09 |
| Definitividad | | |
| Víctor Manuel González Zúñiga | Investigador Titular B TC | 4-Dic-09 |
| Concurso abierto | | |
| Sonia Silvente Keller | Investigador Titular A TC | 13-Feb-09 |
| Obra determinada | | |
| Paulina Estrada de los Santos | Investigador Asociado C TC | 1º-Jul-09 |

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. Ávila Casanueva Agustín Bernardo | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 7. Balderas Martínez Yalbi Itzel | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 8. Castro González Rocío | Doctorado en Biotecnología, UAEM |
| 9. Cervantes de la Luz Laura | Maestría en Ciencias, UAEM |
| 10. Cervantes Rivera Ramón | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 11. Checa Rojas Alberto | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 12. Cubillas Ramírez Ciro Alberto | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 13. Dávila Martínez Yadira | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 14. Díaz Méndez Rafael | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 15. Galindo Barrios Maria del Carmen | Instituto Tecnológico de Zacatepec. |
| 16. Gómez Hernández Nicolás | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 17. González Silva Napoleón | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 18. Gutiérrez Galeano Diego F. | M C Biomedicina y Biotec. Mol. ENCB-IPN |
| 19. Hernández Tamayo Rogelio | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 20. Higareda Almaraz Juan Carlos | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 21. Landeta Escamilla Cristina | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 22. López Guerrero Martha Guadalupe | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 23. López Leal Gamaliel | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 24. López López Aline | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 25. Lozano Aguirre Beltrán Luis Fernando | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 26. Martínez Batallar Angel Gabriel | Licenciatura en Biología. UAEM |
| 27. Martínez Obregón Fatima Berenice | Maestría en Ciencias Bioquímicas, UNAM |
| 28. Medina Andrés Rigoberto | Licenciatura. UAEM |
| 29. Medina Rivera Alejandra Eugenia | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 30. Mendoza Soto Ana Belén | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 31. Meneses Moreno Niurka | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 32. Merino Flores Maritza | Licenciatura en Biología. UAEM |
| 33. Muñiz Rascado Angela Pamela | Instituto Tecnológico de Zacatepec |
| 34. Ortiz Berrocal Marlene | UAM-Iztapalapa |
| 35. Pech Canul Ángel de la Cruz | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 36. Pedraza López Francisco | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 37. Pérez Segura Gabriela | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 38. Puebla Ramírez Tabita Shamayim | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 39. Ramírez Torres Alberto Carlos | Licenciatura en Biología. UAEM |
| 40. Reyes González Alma Ruth | Doctorado en Ciencias, UAEM |
| 41. Reyes Pérez Agustín | Doctorado en Ciencias Biológicas, UNAM |
| 42. Rivera Urbalejo América | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |

| | |
|---|--|
| 43. Rodríguez Pérez Violeta | Licenciatura en Biología. BUAP |
| 44. Rodríguez Bucheli Torres Torija Pablo | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 45. Rogel Hernández Marco Antonio | Doctorado en Ciencias Biológicas, UNAM |
| 46. Rosas Pérez Tania | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 47. Sachman Ruíz Bernardo | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 48. Sahonero Canavesi Diana Ximena | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 49. Salazar Bustamante Emmanuel | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 50. Santillán Godínez Orlando | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 51. Servín Garcidueñas Luis Eduardo | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 52. Solís Oviedo Rosa Lidia | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 53. Tondopo Jiménez Estephany | Licenciatura en Biología, UNICACH |
| 54. Trejo Hernández Abigail | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 55. Vences Guzmán Miguel Ángel | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 56. Villaseñor Toledo Tomás | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 57. Wong Villarreal Arnoldo | Doctorado en Biotecnología, UAEM |
| 58. Zamorano Sánchez David Salvador | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |
| 59. Zavaleta Pastor Maritza | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM |

LICENCIATURA EN CIENCIAS GENÓMICAS

ESTUDIANTES

NOMBRE DEL ALUMNO

BACHILLERATO DE PROCEDENCIA

3ra. Generación

| | |
|----------------------------------|---|
| 1. Arriola Martínez Luis A. | Colegio Indoamericano |
| 2. Barrientos García Aldo. | CCH Naucalpan |
| 3. Bezares Calderón Luis A. | Universidad del Valle de México Campus Tlalpan |
| 4. Bolaños Avellaneda Luis M. | CUAM Morelos |
| 5. Castillo Morales Atahualpa. | Preparatoria Abierta |
| 6. Collado Torres Leonardo. | ITESM Campus Cuernavaca |
| 7. Dulanto Acevedo Vanesa. | Colegio Williams Cuernavaca |
| 8. Escalante Chong Renan A. | Liceo Franco Mexicano |
| 9. Flores Villegas Mirelle C. | Colegio Madrid |
| 10. García Guevara José F. | Instituto Mexicano Madero Unidad Zavaleta, Puebla |
| 11. García Hughes Gianella. | Escuela Moderno Americana |
| 12. García López Rodrigo. | ITESM Campus Morelia |
| 13. Gómez Schiavon Mariana. | ITESM, Campus Cuernavaca |
| 14. González Salinas Sofía. | E.N.P. Plantel No.2 "Erasmus Castellanos Quinto" |
| 15. González Sandoval Adriana V. | Colegio Simón Bolívar |
| 16. Gutiérrez Arcelus María. | ITESM, Campus Cuernavaca |
| 17. Hernández Flores Evelyn. | Preparatoria Diurna No.1 |
| 18. Herrera Paredes Sur. | Centro Educativo Piaget |
| 19. Martínez Camacho Carol. | ITESM Campus Tuxtla Gutiérrez |
| 20. Molina Negrete Diana P. | Universidad Latinoamericana |
| 21. Monzón Sandoval Jimena. | Instituto Lux |
| 22. Morales Tapia José A. | Centro de Enseñanza Técnica Industrial |
| 23. Ortiz Gutiérrez Elizabeth. | Preparatoria Regional de Capulhuac |
| 24. Pantoja Hernández Libertad. | CECyT 6 Miguel Othón de Mendizábal |
| 25. Quinto Cortés Consuelo D. | Liceo Franco Mexicano |

- | | |
|----------------------------------|--|
| 26. Rabanal Mora Fernando A. | Bachillerato Internacional de la Universidad Autónoma de Aguascalientes |
| 27. Reyes Prieto Bertha M. | ENP Plantel No. 6 “Antonio Caso” |
| 28. Robles Espinoza Carla D. | ITESM Campus San Luis Potosí |
| 29. Rodríguez Delgado Claudia L. | Colegio Columbia |
| 30. Rojas Santoyo Miguel A. | ENP Plantel No.8 “Miguel E. Schulz” |
| 31. Romero Martínez Salvador A. | ENP Plantel No.9 “Pedro de Alba” |
| 32. Roth Schulze Alexandra J. | Colegio Suizo de México A.C. |
| 33. Sayavedra Camacho Lizbeth. | ENP Plantel No.6 “Antonio Caso” |
| 34. Valverde Cario Claudia A. | ITESM Campus Cuernavaca |
| 35. Vargas Chávez Carlos A. | ITESM Campus Guadalajara |
| 36. Yáñez Cuna Fares O. | Universidad Latinoamericana |
| 37. Zayas Del Moral Eunice A. | Centro Educativo Cocoyoc |

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 Educación Media Superior 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. Guanajuato |
| 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. | CCH 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. | Tomás Alva Édison |
| 33. Velázquez Camacho Oscar. | Escuela Preparatoria de la Universidad de Guanajuato |
| 34. Zarco Iturbe Jazmín. | ENP Plantel 2 “Erasmus Castellanos Quinto” |
| 35. Zenteno de León Silvia Vanesa. | ENP Plantel 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. | CCH Sur |
| 7. García Gómez Mónica Lisette. | Logos Escuela de Bachilleres |
| 8. Gómez Romero Laura Lucila. | ENP Plantel 2 “Erasmus Castellanos Quinto” |
| 9. Hernández Acuña Ulises. | Universidad Tecnológica de México |
| 10. Hernández Armenta Claudia Ivonne. | ENP Plantel 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. | CCH Azcapotzalco |
| 17. Moreno Mayar José Víctor. | Tecnológico de Monterrey CCM |
| 18. Noriega Ortega Beatriz Elizabeth. | Instituto Arboledas |
| 19. Paulín Paz Luis Felipe. | COBAEM 02 |
| 20. Pérez Villatoro Fernando Ramón. | Preparatoria Tapachula |
| 21. Priego Espinosa Daniel Alejandro. | Centro Cultural Jalil Gibrán |
| 22. Ramos Madrigal Jazmín. | CECyTEM-04 Puruándiro |
| 23. Reyes López José. | ITESM Campus Cuernavaca |
| 24. Reyes Quiróz Alejandro. | ITESM Campus Querétaro |
| 25. Ríos de Anda María Elena Mitzy. | Colegio Partenón |
| 26. Riveros Mckay Aguilera Fernando. | Nuevo Continente |
| 27. Romero Navarro Jorge Alberto. | ENP Plantel 6 “Antonio Caso” |
| 28. Sámano Sánchez Hugo Carlos. | Liceo Michoacano |
| 29. Valtierra Gutiérrez Ilse Ariadna. | Escuela Tomás Alva Edison |

6ª Generación

- | | |
|---------------------------------------|--|
| 1. Berrocal Quezada Nelson Augusto. | ENP Plantel 6 “Antonio Caso” |
| 2. Buendía Buendía Jorge Eduardo. | ENP Plantel 2 “Erasmus Castellanos Quinto” |
| 3. Díaz Sánchez Francisco Javier. | ITESM Campus Toluca |
| 4. Flores Cárdenas Nelly Michelle. | Instituto José María Morelos |
| 5. Fonseca Guzmán Ana Martha Yael. | Liceo Franco Mexicano |
| 6. García Soriano Daniela Azucena. | Preparatoria Emiliano Zapata BUAP |
| 7. López Moyado Isaac Fernando. | Universidad La Salle Cuernavaca Preparatoria |
| 8. López Hernández José Fabricio. | Universidad De La Salle Bajío Campus Juan Alonso de Torres |
| 9. Medina Abarca Héctor. | Liceo Franco Mexicano A. C. |
| 10. Noé González Melvin Jesús. | Escuela Hispano Mexicana |
| 11. Ortíz Sánchez Marco Antonio. | ENP Plantel 1 “Gabino Barreda” |
| 12. Pérez Rico Yuvia Alhelí. | ENP Plantel 6 “Antonio Caso” |
| 13. Romero Moreno Ricardo Josué. | Colegio Williams |
| 14. Ruíz Velasco Leyva Mariana. | Escuela Tomás Alva Edison |
| 15. Samaniego Castruita José Alfredo. | Escuela Preparatoria Federal por Cooperación Luzac Clave: EMS.2/164 |
| 16. Soto Jiménez Luz Mayela. | Centro Escolar del Tepeyac |
| 17. Treviño Garza Abiel. | Centro de Bachillerato Tecnológico Industrial y de Servicios n°24 |
| 18. Vargas Velázquez Amhed. | CECyT 6 “Miguel Othón de Mendizabal” |
| 19. Vázquez Verdín Juan Manuel. | Preparatoria “General Enrique Ramírez” |
| 20. Zepeda Martínez Jorge Arturo. | Universidad Autónoma Chapingo |
| 21. Zepeda Mendoza Marie Lisandra. | Bachillerato Técnico #4 Universidad de Colima |

7ª Generación

- | | |
|--------------------------------|-----------------------------|
| 1. Alatríste González Paulina. | Centro Universitario México |
|--------------------------------|-----------------------------|

| | |
|---|--|
| 2. Arriola Martínez Luis Renato. | Colegio Indoamericano S.C. |
| 3. Barloa Hernández Nancy. | Escuela Preparatoria Número 2 (UADY) |
| 4. Castro Mondragón Jaime Abraham. | CBTis 134 |
| 5. Contreras Paniagua Ximena. | Colegio Suizo de México |
| 6. Cortés Fernández de Lara Josué Daniel. | ENP plantel 9 "Pedro de Alba" |
| 7. García Nieto Pablo Eduardo. | ENP 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. 6 "Antonio Caso" |
| 12. Muñoz González Felipe de Jesús. | Colegio de Bachilleres del Edo. de Sonora Plantel Villa de Seris |
| 13. Muñoz Hernández Eduardo Vladimir. | ENP Plantel 9 "Pedro de Alba" |
| 14. Ochoa Méndez María de la Soledad. | Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UNAM |
| 15. Palacios Flores Kim. | ITESM Campus Cuernavaca |
| 16. Ramírez Hernández Daniel Alejandro. | ITESM 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. |

Datos actualizados al inicio del Semestre 2010-2 (Febrero, 2010)

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

Definición y Caracterización del Esqueleto Repetido Idéntico del Genoma Humano de Referencia.

Durante 2009 se concluyó este proyecto (iniciado en 2008). En el genoma humano las secuencias repetidas de alta identidad han sido implicadas en la generación de rearrreglos genómicos por medio de eventos de recombinación homóloga no alélica. Ciertas enfermedades genómicas, propensión a fenotipos específicos y, en general, la variación estructural entre genomas de individuos diferentes, se han asociado a este tipo de rearrreglos. Basados en estas abreviaciones identificamos y consolidamos todas las secuencias repetidas idénticas de 300 bp o más en la versión 36.2 del genoma humano de referencia. En esta forma definimos el “Esqueleto Repetido Idéntico del Genoma Humano (ERI).

Las secuencias del ERI se encuentran distribuidas en 66,600 regiones, correspondiendo el 2% del genoma. Dentro del ERI se encuentran elementos estructurales y funcionales del genoma, tales como, repetidos comunes, duplicaciones segmentarias y genes que codifican para proteínas y para RNAs funcionales. El análisis del ERI permitió detectar algunos genes no anotados previamente, así como detectar polimorfismos en el número de copias de ciertos genes.

En general, el ERI ofrece una nueva forma de analizar la organización compleja de las secuencias repetidas del genoma humano. Provee un mapa preciso de sitios susceptibles a eventos de recombinación homóloga, permite predecir algunos polimorfismos de variación de número de copias, y es un arma valiosa para implementar la anotación del genoma humano.

Se escribió el siguiente artículo, el cual fue aceptado para su publicación en enero de 2010 en la revista *BMC Bioinformatics* (Cinthya Zepeda, Tzitziki Lemus, Omar Yañez, Delfino García, David Valle-García, Karla F. Meza-Sosa, María Gutiérrez Arcelus, Yamile Márquez-Ortíz, Rocío Domínguez-Vidaña, Claudia Gonzaga-Jáuregui, Margarita Flores, Rafael Palacios. Identical repeated backbone of the human genome).

Se iniciaron otros proyectos de Bioinformática en el Genoma Humano, algunos de estos proyectos no fueron exitosos debido a la alta complejidad del genoma humano. Actualmente se está trabajando sobre una idea que tiene como objetivo definir la variación estructural dentro de las duplicaciones segmentarias del genoma humano de referencia y con base en la variación encontrada, definir regiones polimórficas en genomas individuales secuenciados y en DNA de distintos individuos. En este proyecto están colaborando otros investigadores (G. Dávila, M. Boege y D. Romero), así como estudiantes y egresados de la Licenciatura en Ciencias Genómicas.

Se continuó con el apoyo al grupo de Genómica Forense de la Licenciatura en Ciencias Genómicas.

Se concluyeron exitosamente dos colaboraciones, ambas con la aceptación ó publicación de los artículos correspondientes. Con grupos de Suiza y Alemania, se trabajó en la secuenciación y análisis del genoma de *Rhizobium* sp. cepa NGR234. Con otros investigadores del CCG, como Jaime Mora, Guillermo Dávila y Víctor González, se trabajó en la secuenciación y análisis comparativo de otras cepas de *R. etli*, con miras a describir el pangenoma de esta especie.

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

Phaseolus vulgaris (frijol) fue escogido como el modelo de estudio de la fijación simbiótica de nitrógeno cuando se creó el Centro de Investigación sobre Fijación de Nitrógeno. Por ser nativo de México, el frijol ofrece una gran diversidad de simbioses bacterianas y por esto, iniciamos estudios al respecto. Con el tiempo, estos estudios también se han realizado en otras bacterias benéficas asociadas con diferentes plantas de interés agrícola y forestal.

La investigación futura está dirigida al estudio de la diversidad de las bacterias ambientales que pueden ser de riesgo para humanos y al estudio de la diversidad de simbioses bacterianas de artrópodos y plantas. Hemos iniciado nuevas líneas de investigación con enfoques metagenómicos, como son:

Diversidad, genómica y metagenómica de simbiosis selectas de bacterias con plantas e insectos:

- Plantas: frijol, *Jatropha curcas*
- Insectos: cochinilla del carmín y nijj
- Bacterias: *R. etli* bv. mimosae, *Klebsiella variicola*, *R. etli* Ch24-10, *R. tropici*

Diversidad de extremófilos y metagenomas de los Azufres

*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

*Caracterización de bacterias fijadoras de nitrógeno, con énfasis en el género *Burkholderia*, asociadas a cultivos de interés agrícola y en asociación con leguminosas.*

En el Grupo de Investigación se continuará caracterizando las especies de *Burkholderia* asociadas a plantas de interés agrícola. El proyecto será ampliado a la búsqueda y caracterización de especies de *Burkholderia* formadoras de nódulos en leguminosas. De este proyecto, analizando el cultivo de sorgo y de tomate, fue publicado (2010) el trabajo: Rapid identification of nitrogen-fixing and legume-nodulating *Burkholderia* species based on PCR-16S rRNA species-specific oligonucleotides. Syst. Appl. Microbiol. 33:35-43, el cual es parte de la tesis de Doctorado en Biotecnología (UAEM) del alumno Arnoldo Wong-Villarreal.

Se dio inicio a la Caracterización de las especies del género *Burkholderia* mediante la Secuencia Multilocus (MLSA). Con base en el análisis filogenético de la secuencia del gen ribosomal 16S rRNA de todas estas especies del género se determinó la existencia de dos grandes grupos con prácticamente un número igual de especies. Un grupo está formado principalmente por especies patógenas de plantas, animales, humanos y patógenas oportunistas de humanos. El segundo grupo está formado por especies no patógenas que se asocian con plantas, incluyendo todas las especies fijadoras de nitrógeno y las formadoras de nódulos en leguminosas. Los resultados obtenidos a la fecha revelan que el actual género *Burkholderia*

podría dividirse en dos géneros diferentes. En este proyecto han participado 6 alumnos de la Licenciatura en Ciencias Genómicas.

Detección de mecanismos bacterianos promotores del crecimiento de las plantas de cultivo de interés agrícola y caracterización de los genes involucrados en especies de Burkholderia fijadoras de nitrógeno.

De este proyecto derivó la publicación: ACC (1-aminocyclopropane-1-carboxylate) deaminase activity, a widespread trait in *Burkholderia* species, and its growth promoting effect on tomato plants (Appl. Environ. Microbiol. 75:6581-6590), el cual es parte de la tesis de Doctorado en Ciencias Biomédicas de la alumna Janette Onofre Lemus, quien se graduó en noviembre 2009.

Se pretende continuar con la detección de los mecanismos en este grupo bacteriano y demostrar su función. Previamente detectamos la capacidad de sintetizar Acido Indol Acético (AIA) en varias especies de *Burkholderia* fijadoras de nitrógeno, y en algunos casos se logró obtener secuencias parciales de los genes responsables de la síntesis de AIA. En 2010, se iniciarán los estudios de identificación, relación evolutiva y expresión de genes involucrados en la biosíntesis y degradación de AIA en especies de *Burkholderia* asociadas con plantas. La biosíntesis de AIA, es uno de los mecanismos bacterianos de mayor importancia en la promoción del crecimiento de las plantas.

Estos estudios permitirán definir el uso agrobiotecnológico de las especies de *Burkholderia* fijadoras de nitrógeno, así como la posibilidad de aplicar consorcios de estas especies como sustituto de los fertilizantes y mejorar tanto la nutrición mineral como el rendimiento de los cultivos, usándolos concomitantemente en procesos de rizorremediación y para mejorar la fitorremediación, así como para sustituir el uso de algunos pesticidas. Estos estudios pudieran contribuir, junto con el conocimiento generado con la bacteria *Azospirillum* en los proyectos MicroMaize y FOMIX, a la obtención de “energía limpia” mediante la producción de biocombustibles no contaminados de origen por la aplicación de fertilizantes minerales y pesticidas aplicados a los cultivos, e.g. sorgo, para la obtención de la materia prima necesaria para estos fines.

Anotación de genomas de 4 especies de Burkholderia fijadoras de nitrógeno asociadas con plantas.

Se continuará con la anotación de los genomas de *B. unamae* MT1-641^T, *B. tuberum* STM-678^T, *B. silvatlantica* SRMrh-20^T y *Burkholderia* sp. PVA5. En la actualidad existe un avance alrededor del 30%; se ha priorizado la anotación de los genes involucrados en los mecanismos de promoción del crecimiento de las plantas con el objetivo de sustentar el uso de *B. unamae* y *B. silvatlantica* como biofertilizantes, en el biocontrol de fitopatógenos y en biorremediación. Además, es de nuestro interés comparar estos genomas con los de otras *Burkholderia*, particularmente especies patógenas, con el objetivo de obtener información que asegure la ausencia de genes de virulencia y de patogenicidad en las especies *B. unamae* y *B. silvatlantica*. Este proyecto también permitirá conocer diferentes 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. El proyecto dará apoyo a la separación que pretendemos hacer del género *Burkholderia*.

Colaboraciones. Se llevarán a cabo con grupos nacionales e internacionales cuyas propuestas incluyan proyectos de investigación que coincidan y contribuyan a reforzar los de mi grupo, buscando además la incorporación de nuevas metodologías, como Bioinformática y Genómica. En esta dirección y en colaboración con el Dr. Eulogio Bedmar (Estación Experimental del Zaidín-CSIC, Granada, España) fue sometido a la revista Appl. Environ. Microbiol. el trabajo: Isolation and characterization of *Burkholderia phymatum* from root nodules of *Phaseolus vulgaris*. En colaboración con el grupo dirigido por el Dr. Vittorio Venturi (International Centre for Genetic Engineering & Biotechnology, Trieste, Italia) fue sometido a la revista Appl. Environ. Microbiol. el trabajo: Commonalities and differences in *N*-acyl homoserine lactone quorum sensing regulation in the novel species cluster of beneficial *Burkholderia*. Continuamos la colaboración con el grupo dirigido por Dr. Lázaro Hernández (Centro de Ingeniería Genética y Biotecnología, La Habana, Cuba). Con este grupo se analizan los genes involucrados en la producción de levanasas y levanosacarosas, lo cual permitirá avanzar en el conocimiento de la función de estas enzimas en la interacción con la planta, particularmente de las especies endófitas, así como conocer sobre las relaciones filogenéticas entre las especies de *Burkholderia* y las de otros géneros bacterianos.

Entre las colaboraciones empleando como modelo de estudio a la bacteria *Azospirillum*, buscando mejorar la interacción con la planta de maíz, también se logró la publicación de un trabajo (FEMS Microbiol. Lett. 296:52-59) en colaboración con el grupo dirigido por el Dr. Gabriel Iturriaga (Centro de Investigación en Biotecnología-UAEM). Esta colaboración continuará con financiamiento de FOMIX. También en colaboración se desarrollan estudios con la bacteria *Azospirillum* para su aplicación agrícola en México y Europa; un trabajo ha sido aceptado (J. Appl. Microbiol.) y se espera publicar 3-4 trabajos más derivados de estos estudios.

Hemos continuado y continuaremos colaborando sobre proyectos de taxonomía bacteriana. En colaboración con la Dra. Valeria Souza (Instituto de Ecología-UNAM) fue publicado un trabajo. Un trabajo será sometido próximamente a la revista Appl. Environ. Microbiol. derivado de la colaboración con la Dra. Gloria Soberón (Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM).

Grupo de Interacción entre Pro- y Eucariotes

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 sí.

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.

Estamos en proceso de analizar los resultados obtenidos para diseñar nuevos experimentos que nos permitirán una caracterización más detallada de las mutantes.

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 rizobios 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 acarrearán 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

Las cepas de *S. meliloti* deficientes en la formación de OL no están afectadas en su relación simbiótica con alfalfa ni tampoco en su crecimiento en medios con limitación de fosfato (Gao et al., 2004). En crecimiento en limitación de fosfato de la cepa *S. meliloti* se produce un aumento del OL y de sulfolípidos (SL), así como la síntesis de novo de diacilglicerol trimetilhomoserina (DGTS), revisado en López-Lara et al., 2003. Se construyeron mutantes deficientes en cada uno de los lípidos de membrana sin fósforo, así como los mutantes dobles y el mutante triple incapaz de formar OL, SL o DGTS (López-Lara et al., 2005). Curiosamente, en una mutante en DGTS crecida en limitación de fosfato, el OL pasa a ser el lípido mayoritario ya que constituye más del 50 % del total de lípidos de membrana. Solamente en mutantes en los que faltan a la vez DGTS y OL se observa un menor crecimiento final en limitación de fosfato (López-Lara et al., 2005). Por otra parte, ninguna de las mutantes están afectadas en su capacidad simbiótica sugiriendo que en los nódulos de alfalfa no existe limitación de fosfato (López-Lara et al., 2005). El fosfolípido fosfatidiletanolamina (PE) presenta propiedades físico-químicas similares a OL (López-Lara et al., 2003) y para comprobar si OL puede sustituir a PE, se construyeron mutantes de *S. meliloti* deficientes en la formación de PE (Sohlenkamp et al., 2004). A diferencia de lo que ocurre en *E. coli*, los mutantes de *S. meliloti* en PE son capaces de crecer en medios complejos (Sohlenkamp et al., 2004).

En diferentes bacterias que contienen OL, se ha descrito la presencia de estructuras de OL que contienen como ácido graso secundario un ácido graso 2-hidroxilado (2-OH-OL). La presencia de este ácido graso 2-hidroxilado podría ser un factor importante de virulencia para aquellas bacterias que lo producen, tal como lo es la presencia de un ácido graso 2-hidroxilado en el lípido A. *Burkholderia cenocepacia* presenta OL con un ácido graso secundario 2-hidroxilado y es reconocido como un patógeno oportunista importante especialmente en casos de fibrosis cística. Hemos identificado un gen de *B. cenocepacia*, *bcam2401*, que al ser expresado en *S. meliloti* da lugar a la formación de moléculas hidroxiladas de OL. Los estudios preliminares de espectrometría de masas de este nuevo lípido dependiente de *bcam2401* muestran que el grupo hidroxilo se encuentra en el ácido graso amidificado a ornitina y no en el ácido graso secundario. Esto concuerda con el hecho de que mutantes de *B. cenocepacia* en *bcam2401* aún presentan 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. Durante el 2007 fue construido una mutante de *B. cenocepacia* deficiente en *olsB* e incapaz de formar cualquier OL. Sorprendentemente, dicha mutante no puede ser complementada por *olsB* de *S. meliloti*. En contraste, complementación con *olsB* de *B. cenocepacia* incrementa OL hasta 50% de todos los lípidos membranales en dicho organismo.

Cardiolipina sintasa del tipo eucarionte en bacterias.

Dentro de un curso de la LCG el estudiante Mario Sandoval descubrió que *Streptomyces coelicolor* probablemente 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. El gene candidato se amplificó y se clonó en un vector de expresión. Expresión del gene candidato en *E. coli* indica que se trata de una

cardiolipina sintasa (Cls) del tipo eucarionte como sospechado anteriormente. Este trabajo se publicó en la revista *Journal of Biological Chemistry* en el artículo Sandoval-Calderón et al. en el año 2009. Además de CL, membranas de *S. coelicolor* contienen los lípidos lyso-CL y dilyso-CL, los cuales son derivados de CL. Estamos intentando de identificado los genes y codifican para las actividades necesarias.

De una manera independiente descubrimos en el genoma de *Sinorhizobium meliloti* 1021 un gene probablemente codificando para una CDP-alcohol fosfatidiltransferasa con función desconocida (SMc02134). Se clonó el gene y se expresó en *E. coli*. Los resultados obtenidos indican que también este gene parezca ser una Cls del tipo eucarionte. Se construyó una mutante de *S. meliloti* deficiente en SMc02134. Anteriormente habíamos identificamos en el genoma de *S. meliloti* una Cls tipo procarionte y construimos una mutante en este gene. Sorprendentemente una doble mutante deficiente en ambos genes todavía es capaz de formar cardiolipina. Buscamos el genoma de *S. meliloti* e identificamos dos genes candidato para la tercera cardiolipina sintasa. La expresión de uno de los dos (SMc04448) en una mutante de *Rhizobium etli* deficiente en la formación de CL reestableció la formación de CL.

Al parecer *S. meliloti* tiene tres genes que codifican para cardiolipina sintasas, lo cual no se ha descrito anteriormente en otros organismos. En el momento estamos construyendo mutantes triples deficientes en las tres Cls por medio de una transducción generalizada.

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 fosfatasas responsables para las desfosforilaciones del lípido A en *Rhizobium etli* llama.madas *lpxE* y *lpxF*. También se construyó y se caracterizó la doble mutante deficiente en ambas actividades. Un manuscrito describiendo estos resultados se envió.

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 eucariotes?

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.

Fosfatidilserina descarboxilasa en Sinorhizobium meliloti.

Se construyó una mutante en *S. meliloti* deficiente en un gene que codifica para una fosfatidilserina descarboxilasa putativa. En esta mutante se observó una acumulación de hasta un 18 % de fosfatidilserina (PS). Se pudo mostrar en ensayos bioquímicos que la Psd putativa tiene la actividad de una Psd. La mutantes que acumula PS muestra un fenotipo fuerte de nodulación. En raíces de plantas de alfalfa inoculadas con esta mutante se forman alrededor de 80 % menos nódulos que en raíces inoculadas con la cepa silvestre. Además no se puede detectar fijación de nitrógeno en estos nódulos. De este trabajo salió la publicación Vences-Guzmán et al. (2008) en la revista *Journal of Bacteriology*.

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

En un tamizaje de expresión funcional identificamos el gene *olsX* 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*. Se está determinando si las distintas formas de OL están presentes en la membrana interna o en la membrana

externa. Se están caracterizando las distintas mutantes deficientes en la formación de OLs modificados.

Hasta ahora solamente sabemos que la hidroxilación introducida por OlsX se encuentra en la ornitina, pero se desconoce la posición exacta. Se están purificando cantidades en el rango de mg de los distintos OLs para poder determinar sus estructuras por NMR en colaboración con el Dr. Anthony Ribeiro de Duke Medical School, Durham, NC, USA.

Relacion estructura-funcion 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. Para conocer más sobre la topología de la Pcs de *S. meliloti* se están construyendo 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.

Los fosfolípidos de la membrana pueden ser degradados por distintas fosfolipasas para formar ácidos grasos y liso-fosfolípidos, diacilglicérido y fosfo-alcohol, o ácido fosfatídico y el alcohol del grupo cabeza. Muchos de los productos mencionados pueden fungir como señales pero sus funciones han sido poco estudiadas en bacterias. Liso-fosfolípidos, diacilglicérido y ácido fosfatídico pueden ser degradados aún más o en distintas reacciones de reciclaje, pueden ser convertidos otra vez en fosfolípidos de la membrana, cerrando así un ciclo de un lípido membranal.

En el proyecto propuesto, queremos explorar si el grupo fosfocolina de la superficie de la bacteria *Sinorhizobium meliloti* es importante como ligando para la adhesión a las raíces de su planta hospedadora *Medicago truncatula*. Hasta la fecha no se conocen en plantas receptores que reconozcan específicamente al grupo fosfocolina. Se resolverá si *S. meliloti* también es capaz de producir la señal micorrizal liso-fosfatidilcolina que causa la inducción de un transportador de fosfato en *M. truncatula*. Se identificará un receptor en *M. truncatula* que reconoce específicamente a liso-fosfatidilcolina, el gen codificante para el receptor y las funciones del receptor en la señalización.

Existen pocos reportes sobre ciclos de lípidos membranales en bacterias. Hemos identificado un gen y la actividad correspondiente que en condiciones limitantes de fosfato inorgánico degrada a los fosfolípidos de membrana fosfatidilcolina y fosfatidiletanolamina a diacilglicérido y fosfato inorgánico. El diacilglicérido puede ser utilizado para la formación de lípidos membranales sin fósforo o puede ser reciclado por diacilglicérido cinasa a ácido fosfatídico, una posible señal y precursor biosintético de los fosfolípidos de la membrana. Nuestro grupo de investigación tiene 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 las rizobias son actualmente desconocidos y queremos identificarlos y caracterizarlos. Esperamos identificar vías novedosas para la degradación de fosfolípidos en bacterias y para el reciclaje de los lípidos fragmentados.

En bacterias Gram-negativas existe una amplia tendencia para formar vesículas de la membrana externa (OMV) por mecanismos todavía desconocidos. Pensamos que un cambio en los lípidos membranales sería parte de los mecanismos para formar OMVs. Hasta la fecha no hay reportes publicados sobre OMVs en rizobias. Se pretende identificar OMVs de *S. meliloti*, caracterizar su composición protéica y lipídica y aislar mutantes que muestren un incremento o decremento en la formación de OMVs. Se espera que genes que modifican el nivel de la formación de OMVs estarían involucrados en el mecanismo de su formación. Se determinará si OMVs podrían fungir como vehículos para transportar eficientemente señales hidrofóbicas como factores de nodulación o señales de quórum sensing.

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. - Curación de regulación genética: inicio de transcripción, ubicación de la regulación transcripcional en el contexto de sistemas moleculares de sensado-respuesta.
2. - Modelaje computacional de la regulación transcripcional, diseño, mantenimiento y expansión de RegulonDB.
3. - 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.

Hemos decidido dedicarnos en 2010 a la expansión de la representación de la regulación transcripcional como parte de “sensing organs” o sistemas moleculares de sensado-respuesta (SM-SR). Este año esperamos lograr:

- completar el nuevo modelo conceptual de regulación genética.
- Implementar dicho modelo en una base de datos relacional así como diseñar las formas de navegación.
- Curar y subir el conocimiento de la regulación de factores sigmas, y de sistemas de dos componentes como SM-SRs.

Asimismo avanzaremos en los proyectos de dos alumnas de doctorado, a saber:

Generar un método integral de predicción de sitios de unión de factores transcripcionales (TFs) en el genoma de *E.coli*. (Alejandra Medina).

Análisis de conformaciones activas de TFs de *E.coli*. (Yalbi Balderas).

Proyectos en colaboración:

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*.

NLP (natural language processing) de la literatura de RegulonDB.

En colaboración con el grupo del Dr. Hugo Hahn de Jena, Alemania. Se buscará evaluar el sistema de NLP que ellos tienen accedendo textos completos de la literatura que soporta el conocimiento de RegulonDB. Se implementará una nueva versión de interfase de dicha literatura con TextPresso y con la ontología de *E.coli*. Buscaremos formas de expandir este proyecto y de la incorporación de estas herramientas en el trabajo de curación. Se evaluarán interacciones detectadas con estos métodos ausentes en RegulonDB, para enriquecerla.

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:

El genoma de R. etli CIAT652.

Esta es una cepa simbiote del frijol aislada en Costa Rica. El genoma consiste de un cromosoma circular de 4,513,324 pares de bases (pb) y 3 plásmidos: pA_CR652 de 414,090 pb, pB_CR652 de 429,111 pb y pC_CR652 de 1,091,523 pb. Tiene un total de 6,056 CDS, de los cuales el 67% se asignaron a genes conocidos, 26% a genes hipotéticos conservados y 7% a genes huérfanos. La comparación de los genomas de las dos cepas de *R. etli* (CIAT652 y CFN42) muestra una extensa conservación de los cromosomas, y en grado menor de los plásmidos. Los plásmidos exhiben diferentes bloques sinténicos que permiten deducir que el pA_CR652 es homólogo al pE_CFN42, el pB_CR652 es el plásmido simbiótico homólogo al pD_CFN42 y el pC_CR652 es un plásmido híbrido homólogo al pF_CFN42 y al pB_CFN42. Cuando comparamos las secuencias nucleotídicas entre las regiones homólogas de ambos genomas, encontramos que los plásmidos simbióticos son casi idénticos (> 99 %). En contraste, las regiones homólogas de los cromosomas y de los otros megaplásmidos muestran identidades nucleotídicas del 90-95% en promedio. Estos resultados nos permiten concluir que el plásmido simbiótico de *R. etli* es una molécula de origen reciente y que la estructura genómica de *R. etli* posiblemente precede a su capacidad para establecer simbiosis. Los resultados están presentados en el artículo aceptado en Applied and Environmental Microbiology (23 de Diciembre, 2009).

Microevolución Genómica de Rhizobium.

En este proyecto analizamos 6 genomas de *R. etli* de distinto origen geográfico, diversidad genética y plásmidos, mediante la obtención de secuencias genómicas al azar. Concluimos la secuenciación a una cobertura aproximada de 1x de cada genoma (108, 485 secuencias en total). Comparamos estas secuencias con el genoma completo de *R. etli* CFN42 y encontramos que cerca de un millón de pares de bases de DNA extra ausente en el genoma completo. La comparación entre estos genomas indica que entre cepas de *R. etli* hay una gran divergencia (89-96% de identidad nucleotídica). El genoma completo de *R. etli* CIAT652 y los genomas parciales de las cepas Bra5, Kim5, GR56, CIAT894, 8C-3 e IE4771 han sido depositados en el Genbank. Se preparó un manuscrito reportando las comparaciones entre estos genomas, proponiendo la definición del pangenoma de *Rhizobium* a nivel multireplicon. Este trabajo también reveló una gran conservación de las secuencias de DNA homólogas al pSym (>98%), en contraste con la variabilidad del resto del genoma (90-95%). Este manuscrito está aceptado en Applied and Environmental Microbiology (23 de Diciembre de 2009).

Aislamiento y caracterización de bacteriófagos de suelo asociados a Rhizobium etli.

El objetivo de este proyecto es examinar la contribución de los bacteriófagos a la estructura genómica de *R. etli* y su papel en la diversificación de esta especie.

Se utilizaron muestras de suelo del Estado de Morelos y una del Estado de Zacatecas. Se utilizó el método de “enriquecimiento” para probar 10 cepas de *R. etli*. Los lisados obtenidos en cultivos líquidos se probaron en cajas de doble capa con agar suave para observar las placas líticas. Como resultado se obtuvieron 14 fagos diferentes que infectan a las cepas CIAT652 (1 fago), CIAT894 (1), IE4771 (1), CFN42 (2), Kim5 (3), GR56 (3) y Brasil5 (3). Se realizó un análisis de rango de hospederos por el método de “goteo”, utilizando 65 cepas de *R. etli* de diferentes regiones geográficas y 19 cepas de otras especies como *R. gallicum*, *R. giardini*, *R. trifoli*, *R. leguminosarum*, *R. tropici* y *Agrobacterium tumefaciens*. Los resultados nos indican que 13 de los 14 fagos son específicos para *R. etli*. Observamos que la sensibilidad de las cepas de *R. etli* es muy variable, hay bacteriófagos altamente líticos (46 de 65 cepas), moderados (23 de 65 cepas) y algunos cepa específicos (solo 2 de las 65 cepas). También se determinó el tamaño del genoma de los fagos por electroforesis en gel y restricción enzimática. Son fagos de DNA de doble cadena cuyo tamaño de genoma varía desde 5 kb el más pequeño, hasta aproximadamente 100 kb el más grande. Hasta la fecha se tiene la secuencia genómica completa de 5 fagos, ϕ Bra5-t2, ϕ GR56-t2, ϕ Bra5-t4, ϕ Kim5-

t5 y ϕ Kim5-t6. Estos tienen un tamaño de 44 kb, 50 kb, 46 kb, 43 kb y 45 kb de éstos fagos ya se tiene un análisis y anotación.

Para concluir esta fase del proyecto se planea examinar la morfología de los 14 fagos por microscopía electrónica y obtener la secuencia genómica de los fagos restantes. Mediante comparaciones entre estos fagos y secuencias depositadas en el Genbank esperamos definir cuál es la estructura genómica y diversidad de los fagos que infectan *R. etli*. Así mismo, podremos saber cuáles fagos son capaces de transducir material genético.

Evolución de Secuencias de Inserción.

Determinamos el perfil de presencia/ausencia de las secuencias de inserción de *R. etli* CFN42, en el un conjunto de cepas de *R. etli* de distinto origen geográfico. Encontramos que solamente algunas ISs localizadas en el plásmido simbiótico mantienen la misma posición genómica. Estas ISs tienen son prácticamente idénticas en secuencia nucleotídica independientemente de la divergencia de genes cromosomales. Este trabajo representa la tesis de un alumno de doctorado. El manuscrito está terminado y por enviarse al Applied and Environmental Microbiology.

Análisis de recombinación homóloga en cepas de R. etli.

En las poblaciones bacterianas se ha detectado una gran cantidad de variación genética en la forma de polimorfismos de sitio único (SNPs). Debido a que muchas especies son capaces de intercambiar material genético, los SNPs pueden expandirse en la población mediante recombinación homóloga. Análisis previo de la diversidad genética de *R. etli* por MLEE o RFLP ha mostrado que es una especie muy variable. Sin embargo no hay hasta la fecha una medida directa de la variabilidad a nivel nucleotídico. En este trabajo evaluamos la extensión de polimorfismos genéticos mediante la comparación de los genomas completos de *R. etli* CFN42 y CIAT652, así como de los genomas parciales de las 6 cepas citadas anteriormente. Para ello empleamos diversos los programas Polybayes y Polyfreq para estimar la calidad de los SNPs. Nuestro análisis resultó en un estimado de 6.5% de variación nucleotídica en promedio en la cepas analizadas. La distribución de los SNPs es esencialmente al azar en todo el genoma. Diferentes pruebas indican que muchas regiones del genoma han estado sujetas a recombinación. Por lo tanto, concluimos que a pesar de que la cantidad de SNPs es muy alta, la recombinación puede ser una fuerza para mantener la cohesión de la especie. De este trabajo se esta preparando un manuscrito para su publicación.

Continuaremos en 2010 con el análisis genómico de *R. etli* a través de la secuenciación de genomas mediante la tecnología de Solexa-Illumina, con los siguientes objetivos:

1. Complementación de recursos genómicos de *R. etli* a través de la secuenciación genómica de cepas del biovar *etli*, del biovar *mimosa* y otras especies de *Rhizobium* nodulantes de frijol (v. gr. *R. gallicum*).
2. Obtener datos indicadores de la evolución de la simbiosis *R. etli*-*P. vulgaris*, y respecto al origen y diversificación del plásmido simbiótico, y el resto de los replicones del genoma.
3. Implementar accesos bioinformáticos eficientes para el uso público de la información genómica.

Regulación postranscripcional de RepC

El operón *repABC* presente en plásmido simbiótico de la cepa de *Rhizobium etli* CFN42 es el responsable de sus propiedades de replicación y de segregación. Este operón posee tres genes que codifican proteínas y un gene que codifica un RNA antisentido de 59 pb. Los productos de los dos primeros genes del operón, RepA y RepB, tienen, junto con la secuencia *parS* un papel esencial tanto en la regulación negativa de su propio operón, como en la segregación.

RepC el producto del último gen del operón es esencial para la replicación y el origen de replicación se localiza dentro del gene que codifica esta proteína. El gene del RNA antisentido se encuentra en la región intergénica *repB-repC* y regula los niveles de expresión de *repC* a través de un mecanismo de atenuación traduccional.

Los plásmidos recombinantes que expresan RepC bajo un promotor constitutivo replican con mayor número de copias pero no inducen un fenotipo runaway típico de la sobre-expresión de las proteínas iniciadoras, prueba de que esta proteína regula su actividad postraduccionalmente. Además, las construcción aquí descrita, es incapaz de establecerse en una cepa que contenga el plásmido parental

silvestre, muestra de que, en cierto modo, esta proteína es un factor de incompatibilidad.

Este año nos proponemos seguir elucidando el mecanismo de regulación postraduccional de RepC y su posible relación con el fenómeno de incompatibilidad. Nuestra hipótesis de trabajo será el considerar que RepC tiene dos conformaciones: una como monómero activo capaz de iniciar un ciclo replicativo y otra como dímero (u oligómero) capaz de inhibir la replicación del plásmido. Para cumplir con nuestras propuestas en el transcurso de 2009, sobre expresamos y purificamos a RepC para obtener anticuerpos. También obtuvimos derivados funcionales de RepC etiquetados con hexahistidinas o con FLAG. Aislamos mutantes de RepC capaces de replicar tanto en una cepa sin plásmido, como en una cepa con plásmido simbiótico (compatibles)(Tipo 1). También aislamos mutantes de RepC incapaces de replicar en una cepa sin plásmido simbiótico pero capaces de replicar en una cepa con plásmido simbiótico (Tipo 2).

Regulación transcripcional negativa del operón repABC

El operón *repABC* se autorregula negativamente por medio de cuatro elementos: las proteínas RepA y RepB y dos elementos *cis*: el operador del operón localizado entre el inicio de la transcripción del operón y el inicio de la traducción de *repA*, y la secuencia centromérica de 16 pb presente 40 pb debajo de la corriente del codón de paro de *repC*. Durante este año, hemos determinado de que tanto RepA como RepB son capaces de formar homodímeros y oligómeros *in vitro*. RepA se pega al operador pero esta actividad es de algún modo modulada por RepB. En contraste, RepB se pega a la región *parS* y esta actividad depende de cierta manera de RepA. Este año nos proponemos determinar la estequiometría del complejo represor, determinar el papel de la hidrólisis de ATP (RepA es una ATPasa tipo Walker) y identificar las superficies de contacto entre RepA y RepB.

Factores y Reguladores Transcripcionales en Rhizobia

En términos prácticos podemos afirmar que los Rhizobia han sido objeto de escasos estudios referentes a la regulación transcripcional y el control global de la expresión genética. Prácticamente no existe información relacionada con factores y reguladores transcripcionales en Rhizobia, y mucho menos se cuenta con información al respecto de promotores y sitios de regulación en dicho grupo de bacterias. El no contar con la información previa, impide la identificación y análisis de regulones y redes de regulación en este conjunto de organismos que tienen un papel central en los ciclos biogeoquímicos.

Con la intención de contribuir al conocimiento de las bases moleculares de la regulación en Rhizobia, planteamos estudiar Factores y Reguladores Transcripcionales en Rhizobia, y en este sentido, inicialmente nos hemos concentrado en estudiar a los factores sigma de *R. etli*. Para ello, planteamos dos 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 s^{70} de *R. etli in vivo*.
3. Deducción de la secuencia consenso del promotor reconocido por s^{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 s^{70} de *R. etli in vitro*.
8. Demostración de que los promotores aislados no son reconocidos por s^{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, durante el año 2009 se implementaron las metodologías que nos permitieran obtener, de manera global, promotores reconocidos por SigA. Dichas metodologías incluyeron a Chi-Seq, RNA-seq e identificación masiva de inicios de transcripción. Actualmente contamos con material apropiado para consolidar la obtención de resultados, por lo que esperamos obtener información durante el año 2010.

La segunda 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 osmótico.
2. Demostración de que RpoH2 es indispensable para sobrevivir ante el estrés salino y osmótico y al estrés osmótico.
3. Demostración de que *rpoH1* es regulado primariamente por SigA.
4. Demostración de que *rpoH2* es regulado primariamente por RpoH4.
5. Deducción de una secuencia consenso potencialmente reconocida por las proteínas RpoH de *R. etli*.
6. Identificación de 21 candidatos probablemente regulados por RpoH1.

Parte de los anteriores resultados se publicaron en 2009 (*Microbiology*, 155(Pt 2): 386-397).

Para continuar con este trabajo, se pretende identificar el conjunto de genes reconocidos por cada una de las proteínas RpoH, mediante el análisis de los perfiles de transcripción obtenidos a partir de muestras de RNA aisladas de cultivos crecidos en estrés por calor, y en estrés salino. Actualmente contamos con los resultados del perfil de transcripción de cultivos crecidos en medio rico, fase exponencial, sin estrés alguno, y esperamos contar con los datos asociados a las muestras aisladas bajo condiciones de estrés en el transcurso del año 2010.

Por otra parte, en colaboración con el Dr. Jaime Martínez, se demostró que RpoE4 es el principal factor sigma extracitoplasmático, así como las condiciones en que es empleado, los genes que controla, y la secuencia consenso de los promotores que reconoce. Los resultados de este análisis se publicaron en 2009 (*J. Bacteriol.* 191(13): 4122-4132).

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 año 2010.

Genómica Funcional de Eucariotes

La línea de investigación del Programa de Genómica Funcional de Eucariotes es la de genómica funcional de plantas leguminosas. Esta se realiza en colaboración entre todos los integrantes del programa e investigadores de otras instituciones, principalmente el Dr. Carroll Vance de la U. de Minnesota – USDA.

La investigación del programa se enmarca en Phaseomics que es el consorcio internacional sobre genómica del frijol (*Phaseolus vulgaris*) en el cuál continua participando la Dra. Georgina Hernández como coordinadora (steering committee).

Genómica funcional de la respuesta del frijol a estrés abiótico.

Nos hemos concentrado en analizar tres diferentes estreses: deficiencia de fósforo (Pd), toxicidad por manganeso (Mnt) y estrés oxidativo. A continuación resumo brevemente los avances obtenidos en este año en cada uno de estos proyectos.

Este año se concluyó y se publicó un artículo sobre el análisis de genómica funcional de los nódulos de plantas inoculadas de frijol creciendo en el estrés por Pd. El análisis incluyó la caracterización morfológica y fisiológica de las plantas de frijol inoculadas, el transcriptoma, el metaboloma y el perfil de expresión de los genes de factores de transcripción (TF) en los nódulos. Cabe resaltar que este trabajo, en el que colaboraron colegas de EUA, Alemania y Australia, fue publicado en el número especial de la revista *Plant Physiology* sobre genómica de leguminosas “Legume Focus Issue” (noviembre, 2009), siendo el único artículo hecho en México incluido en dicha publicación.

Sobre el proyecto de genómica funcional de los nódulos de frijol en estrés por Mnt se avanzó en el análisis del transcriptoma, y del perfil de expresión de TF, comprobando la inducción y represión de

genes seleccionados y determinando algunas actividades de enzimas claves para este estrés. Este trabajo fue parte de la tesis doctoral de Oswaldo Valdés-López quien se graduó en octubre de este año. El próximo año se escribirá un artículo con los resultados obtenidos y se enviará a publicación.

El proyecto de estrés oxidativo en los nódulos de frijol ha sido coordinado por el Dr. Mario Ramírez. El sistema utilizado que consiste en exponer a plantas noduladas de frijol al herbicida Paraquat (1 mM) por 48 hrs y posteriormente se analizan los nódulos con base en nuestra plataforma de genómica funcional. Este año se avanzó en el análisis de transcriptoma, de perfil de expresión de TF y de actividades de algunas enzimas claves que responden a este estrés. Se continuará con este proyecto el siguiente año. *Regulación transcripcional y post-transcripcional de la respuesta/adaptación del frijol a estrés abiótico: Papel de los TF y los micro RNAs (miRNAs).*

Durante este año hemos concentrado nuestra investigación en dilucidar la función de reguladores globales esenciales como los TF y los miRNAs en las vías de señalización del frijol en sus repuestas y/o adaptación al estrés abiótico. Este proyecto se basa en nuestros resultados obtenidos previamente. Proponemos continuarlo el próximo año, en él participarán las alumnas de doctorado y las posdoctorales de reciente incorporación en el grupo.

Este proyecto inició gracias a la participación importante de Oswaldo Valdés-López, estudiante de doctorado, y a la colaboración con los Dres. CP Vance y P Graham de la U. de Minnesota. Utilizando miRNA-macroarrays, impresos con oligonucleótidos sintéticos complementarios a 68 miRNAs ya reportados para Arabidopsis, para soya y para frijol, se analizó el perfil de expresión de miRNAs en hojas, raíces y nódulos de plantas de frijol creciendo en estrés nutricional (Pd, deficiencia de Fe, o de N), acidez del medio y Mnt. En este año se continuaron los experimentos para validar los datos de miRNA-macroarrays y se realizaron análisis estadísticos de los datos. Enviamos un artículo a publicar el cual estamos ahora modificando de acuerdo con los comentarios de los árbitros para volver a enviarlo, próximamente, a la misma revista (New Phytologist).

Nuestros datos del perfil de expresión de miRNAs han detectado diversos miRNAs que se inducen o se inhiben en diferentes órganos de frijol de plantas sometidas a estreses que pudieran tener funciones regulatorias relevantes. Hemos pre-seleccionado algunos miRNAs (tanto conservados como de soya o de frijol) que muestran una expresión diferencial en nódulos estresados y nuestra hipótesis de trabajo es que estos tienen papeles importantes en las vías de señalización ante estos estreses. Durante el próximo año iniciaremos la investigación sobre el posible papel regulatorio de miRNAs en nódulos de frijol ante el estrés abiótico.

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. Continuaremos proyectos que plantean demostrar la participación de TF y de miRNAs en la respuesta a estrés nutricionales en frijol. Los TF y miRNAs que estamos investigando fueron seleccionados con base en nuestros resultados anteriores. En estos proyectos colaboramos con los Dres. JL Reyes y F Sánchez del IBt así como L Girard del CCG.

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

La mayoría de las plantas terrestres, incluyendo al arroz, son capaces de establecer una asociación endosimbiótica con hongos micorrízicos para formar micorrizas arbusculares (simbiosis MA) en el interior de la raíz que incrementan principalmente la absorción de fósforo. Por su parte las leguminosas, además de establecer una endosimbiosis radicular con MA, son capaces de formar simbiosis con rhizobia, la cual permite la reducción del nitrógeno atmosférico y la asimilación de amonio por la planta (simbiosis fijadora de nitrógeno, FN). En el establecimiento de los procesos simbióticos; *Rhizobium*-leguminosa y micorriza-planta, se pueden establecer numerosos paralelismos.

El trabajo propuesto busca transferir a las plantas de arroz la habilidad para reconocer y responder a señales de nodulación. De esta forma se podrá lograr una respuesta del arroz ante inoculaciones con rhizobia y permitirá la evaluación de la capacidad de nodulación del arroz. De ser exitosa, esta investigación arrojará información acerca de la factibilidad de la construcción de plantas de arroz capaces de nodular, y dará una idea de los requerimientos adicionales para llevar esta idea al nivel de la práctica agrícola.

Se generaron arcesos transgénicos con los genes de *M. truncatula* que codifican para las proteínas receptoras del factor Nod (LYK3, NFP y DMI2), y los factores de transcripción (NSP1, NSP2 y NIN) para facilitar los estudios sobre la percepción/traducción de las señales Nod de rhizobia en arroz. Para tal fin se aislaron los genes *MtLYK3*, *MtNFP*, *MtDMI2*, *MtNSP1*, *MtNSP2* y *MtNIN* que participan en la percepción y transmisión de los factores Nod en *M. truncatula*. Así mismo, se obtuvieron los promotores de arroz (aproximadamente 1500 pares de bases arriba del codón de inicio) de *Cc1*, *RCg2*, *GOS2*, *CYP1* y *CYP2* y los de los genes *DMI2*, *CCaMK*, *CYCLOPS* relacionados con la simbiosis micorrízica. Se desarrollaron 6 cassettes diferentes de expresión usando los genes y promotores mencionados. Además se construyeron tres cassettes con genes reporteros (*ENOD11P-gusA-nosT*, *35SP-camaleón-nosT* y *35SP-hyper-nosT*) para estudiar la expresión del gen de nodulina, así como los flujos de calcio y ROS en raíces de arroz que expresan dichos genes en respuesta a señales simbióticas.

Se han confirmado por PCR la presencia del transgen en más del 65% de las plantas transgénicas que llevan los genes reporteros (*MtENOD11P-gusA*, *camaleón* o *hyper*). Las plantas transgénicas que llevan los cassettes de los receptores tipo quinasa de leguminosas (*MtLYK3*, *MtNFP* & *MtDMI2*), y con los factores de transcripción (*MtNSP1*, *MtNSP2* & *MtNIN*) están en el proceso de regeneración.

Las observaciones iniciales en las plántulas transgénicas putativas, indican que la expresión de *MtLYK3* y *MtNFP* simultáneamente con *MtDMI2* altera la arquitectura de las raíces de arroz promoviendo el desarrollo de raíces laterales cortas y brevemente espaciadas. Estos hallazgos sugieren que los receptores simbióticos tipo quinasa juegan un rol en promover los procesos de desarrollo llevando a una alteración en la arquitectura de la raíz en arroz. Dado que en las leguminosas, la organogénesis de las raíces laterales y de los nódulos comparte numerosas similitudes, estos resultados posiblemente reflejarían requerimientos similares para sus procesos de desarrollo.

Cuando se obtengan semillas de la F1 se realizarán los análisis de expresión como los flujos de calcio y de ROS y de la expresión de los genes *ENOD* en las raíces de arroz en respuesta a la colonización por los factores NOD de rhizobia, lo cual nos permitirá evaluar los roles funcionales de varios receptores tipo quinasa de leguminosas y de los factores de transcripción en arroz en comparación con los de las leguminosas.

Identificación de genes involucrados en el metabolismo de carbono y nitrógeno en frijol

Se analizó la expresión de los genes afectados por la presencia de nitrato usando macroarreglos de nódulos. Las membranas se hibridaron con cDNA sintetizado a partir de muestras independientes de RNA total (30µg) de nódulos, proveniente de plantas regadas con 0,10 y 20 mM de NO₃K durante 72 hs. La radioactividad de cada spot se cuantificó por medio de STORM 800 con una resolución de 100 µm. Posteriormente se cuantificó la intensidad de cada spot mediante el software Array_Pro Analyzer (Media Cybernetics). Para trabajar con datos altamente reproducibles se realizaron análisis de regresión para cada par de réplicas y se consideraron sólo las que dieron un coeficiente de correlación $r^2 \geq 0.8$. Se usó el software SAM (Significance Analysis for Microarray) para identificar genes significativamente inducidos o reprimidos con respecto al control. La identificación de los genes significativamente inducidos o reprimidos se realizó mediante el software SAM (Significance Análisis for Microarray) y mediante la agrupación en diagramas de Venn de los genes diferencialmente expresados, se detectaron aquellos cuya expresión se modifica dependiendo de la concentración de nitrato. Así mismo se clasificaron los genes en categorías funcionales utilizando la base de datos GO (<http://w.w.wgeneontology.org>) y se realizó un agrupamiento jerárquico utilizando el software Cluster and TreeView.

Los análisis de los macroarreglos se complementaron con las siguientes determinaciones fisiológicas: fijación de nitrógeno (reducción de acetileno), contenido de ureidos, actividad de la enzima sacarosa sintasa, contenido de carbohidratos solubles, aminoácidos libres y ácidos orgánicos.

En condiciones de nitrato, se detectó un descenso de la actividad sacarosa sintasa del nódulo. Este descenso se produjo simultáneamente al descenso de la fijación de nitrógeno, pudiéndose establecer una elevada correlación entre ambos procesos en condiciones de nitrato. Como consecuencia de la inhibición de la actividad sacarosa sintasa, se observó también un descenso en el nivel de azúcares solubles y ácidos orgánicos, lo que indica un descenso en el flujo de carbono en el nódulo que limitaría, a su vez el suministro de carbono al bacteroide, viéndose afectada la capacidad del bacteroide para fijar nitrógeno.

Con la finalidad de determinar si la disminución en el metabolismo del carbono y nitrógeno observado en el nódulo era un efecto generalizado del nitrato sobre toda la planta se analizó en las raíces, la expresión de los genes involucrados en el metabolismo del carbono y nitrógeno analizados en el nódulo. Se pudo observar que en general sólo en el nódulo estos metabolismos están reprimidos. Un dato interesante fue que en las hojas está inhibida la expresión del transportador de sacarosa y que el contenido en sacarosa en el floema está reprimido por nitrato lo que apoya la hipótesis que el efecto inhibitorio del nitrato sobre la fijación de nitrógeno se debería a una falta de suministro de azúcares al nódulo.

Por último, el nitrato induce distorsiones en la estructura del nódulo que pueden ser también responsables en parte de la disminución de la tasa de la fijación de N_2 en leguminosas sometidas al estrés por nitrato.

El metabolismo del carbono juega un papel muy importante en la regulación de la fijación biológica del nitrógeno que tiene lugar en los nódulos de las leguminosas. Los nódulos necesitan carbohidratos para su mantenimiento y desarrollo, utilizándolos tanto como fuente de energía o como esqueletos carbonados para la fijación, y el transporte de los compuestos nitrogenados.

La sacarosa es el principal componente carbonado suministrado por la planta al nódulo. Los azúcares tales como glucosa y sacarosa pueden actuar como señales que desencadenan cambios en la expresión de genes en las plantas. El objetivo de este trabajo es investigar el efecto de azúcares exógenos sobre la expresión global de los genes mediante la tecnología de los macroarreglos. Usando como control plantas noduladas libres de azúcares exógenos, podremos identificar la contribución individual de la sacarosa o glucosa sobre la expresión de los genes en el nódulo.

Siguiendo la metodología antes descrita, se hibridaron membranas de macroarreglos con cDNA sintetizado a partir de muestras independientes de RNA total (30µg) de nódulos, proveniente de plantas sometidas a los siguientes tratamientos durante 24 y 48 hs:

Un grupo de plantas se colocaron en oscuridad continua para disminuir los niveles de azúcares endógenos, otro grupo se colocó en oscuridad en presencia de glucosa 1 y 3% y sacarosa 1 y 3% y a otro grupo luego de estar en oscuridad se las pasó a luz con la finalidad de determinar si los genes que son regulados por azúcares son derivados de la fotosíntesis.

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.

Durante 2009 continuamos con el análisis genómico comparativo de especies Rhizobiales. Preparamos los resultados para publicación, el manuscrito fue enviado a BMC Evol. Biol., y se encuentra en revisión. Para entender la relación de la evolución y la función en cinco genomas de Rhizobiales, estudiamos los genes compartidos en estas especies (*S. meliloti*, *A. tumefaciens*, *R. etli*, *M. loti* y *B. melitensis*). Específicamente realizamos un análisis para determinar si existen diferencias evolutivas y funcionales en relación a la conservación del orden cromosomal (sintenia). Publicamos un primer trabajo al respecto (BMC Evol. Bio. 5:55) y en este año completamos un análisis de los genes comunes ortólogos en los cromosomas de estas especies, que cubrió diversos aspectos como filogenia, el papel funcional, la variación de la secuencia de aminoácidos (similitud, identidad, calificación del cambio con matrices) y la caracterización de la firma de las especies.

Los principales avances son los siguientes: se hizo una clasificación de los genes de los cromosomas en estudio con base en la ortología y al analizar la función de los genes así divididos se encontró una jerarquía funcional, siendo los más esenciales aquellos ortólogos comunes a todas las especies y con sintenia conservada, a continuación los ortólogos comunes no sinténicos totales y después los ortólogos no comunes. Los genes específicos de la especie parecen ser los menos importantes porque abundan en proteínas de función hipotética, así como en isozimas. Se obtuvieron las tasas de sustitución de los genes ortólogos comunes y al dividirlos en tasas altas y bajas de dN (no sinónima) se encontraron también las funciones que no permiten cambios (como las de información), con niveles medios de cambios (del metabolismo) y con mayor nivel de cambio en genes de los procesos celulares e hipotéticas.

También se observó la relación entre las tasas de cambio y el codon bias, con mayores valores de CAI los genes con menor dN, y colateralmente con mayor contenido de %GC3. Un resultado muy importante fue encontrar la alta correlación entre la firma de la especie (obtenida como la cantidad de residuos especie-específicos en alineamientos de proteínas) con dN (tasa de cambio en codones de los genes). La correlación fue mejor que con la identidad o la similitud. Hemos propuesto a la firma de las especies como una medida que puede mostrar la tendencia adaptativa de los organismos. Este resultado es uno de los más importantes del proyecto ya que muestra lo valioso de este nuevo parámetro que hemos propuesto. Comparamos también con otras medidas como %GC y %GC3 encontrando mayor bias en %GC3 como se ha reportado en otros trabajos. De esta manera, es posible extraer información evolutiva más eficientemente del gene con esta medida.

En la parte final del trabajo se presentan los resultados de la evaluación de los cambios en las proteínas mediante matrices que evalúan características fisicoquímicas como volumen, composición, estructura secundaria, carga y polaridad. Primero se obtuvieron las correlaciones entre estas matrices, encontrando que la mejor es carga-volumen; después con programas de clustering, se encontraron las correlaciones globales de las matrices y grupos de proteínas que comparten perfiles fisicoquímicos específicos. Adicionalmente, de acuerdo al signo resultante en la matriz, se encontró que en grupos de funciones hay preponderancia de un signo u otro (por ejemplo metabolismo y procesos celulares asociados a signo positivo e información al negativo), esto significa que hay requerimientos fisicoquímicos específicos en algunas funciones. Finalmente, al relacionar la tasa de cambio evolutivo dN con los signos de los ortólogos de las matrices, se encontró que los genes con menor dN eran más abundantes en signos positivos de polaridad, volumen y carga. Esto significa que posiblemente estas características químicas son las que más se conservan al evolucionar los genes.

En un nuevo proyecto (apoyado por DGAPA con registro IN212710) se realizarán sustituciones cromosomales de genes ortólogos sinténicos y se evaluará genómicamente su efecto, desde el nivel transcripcional al proteómico y fenotípico. Adicionalmente se buscarán las formas en que sea posible distinguir dos especies de Rhizobiales (por ejemplo producción de transcritos, de proteínas, de ribosomas u otros complejos, de membranas, pozas de algunos metabolitos, etc.) para después evaluar cómo se afectan al expresar la firma de otra especie en algunos genes.

El complemento de este proyecto es experimental. En este caso tratamos de entender el nivel de adaptación de una secuencia (que proponemos como la firma de la especie) y las consecuencias genómicas de su sustitución, este es el caso de un gene sinténico esencial *argC* (que codifica la N-Acetilglutamil fosfato reductasa en la vía de síntesis de arginina). Para ello, los operones *speB-argC* de *S. meliloti*, *A. tumefaciens*, *R. etli* y *M. loti* fueron movilizados al fondo genético de la mutante *argC*⁻ de *S. meliloti*. La complementación funcional se analizó mediante crecimiento en medio mínimo y actividad enzimática de SpeB (Agmatinasa) y ArgC y otros ensayos que se explican más adelante. Con los resultados se prepara un manuscrito para publicación.

La complementación con *S. meliloti* resultó ser la más eficaz, mientras que el operón de *M. loti* no fue capaz de complementar a la mutante *argC*⁻ de *S. meliloti*. Los datos de este análisis nos sugieren que cada complementación tiene sus propias características, siendo aquella del operón de *M. loti* la que muestra más diferencias, ya que no fue capaz de complementar el crecimiento y actividad enzimática de ArgC, pero sí la actividad de SpeB. Este último dato nos sugirió la presencia de un promotor propio para el gene *argC*. Por primera vez comprobamos la existencia de promotores de *argC* no reportados en *S. meliloti*, *A. tumefaciens*, *R. etli* y *M. loti*, mediante experimentos de complementación y expresión transcripcional utilizando el gen *uidA* que codifica para la beta-glucuronidasa como gen reportero (actividad GUS). Los genes sinténicos fueron fusionados al promotor *speB* de *S. meliloti*, al promotor de *argC* de *S. meliloti* y al promotor constitutivo *lac*. Estos promotores tienen diferentes niveles de expresión, siendo el promotor de *speB* el más débil. Cuando los distintos genes *argC* están bajo el control del promotor *speB* de *S. meliloti* se observan diferencias muy claras en crecimiento, con actividades de ArgC menores a las observadas en la cepa silvestre, expresión relativa de mRNA a niveles bajos y diferentes en cada construcción a pesar de estar bajo el mismo promotor. Resultados que concuerdan con los observados en las fusiones transcripcionales correspondientes. En particular, el gen *argC* de *M. loti*, es

incapaz de restaurar el fenotipo de crecimiento en MM, presenta una reducida actividad de ArgC y una elevada cantidad de mRNA. Cuando la expresión de los distintos genes *argC* está bajo el control de un promotor constitutivo se observan mínimas diferencias en el crecimiento, elevada actividad de ArgC y diferentes niveles de mRNA y de actividad de GUS. Resultados similares se obtuvieron cuando se utiliza el promotor *argC* de *S. meliloti* para la expresión de los distintos genes, sin embargo, en este caso la actividad de ArgC en la cepa complementada con el gen de *M. loti* es reducida. Estos resultados son la parte medular de un manuscrito en preparación que será enviado a publicación en una revista internacional con arbitraje.

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.

Regulación de la síntesis de vitaminas en Rhizobium etli y su relación con la oxidación.

Este proyecto se ha finalizado. El reporte se encuentra en FEMS Microbiol Lett. 2008 279(1):48-55. El estudiante de doctorado Hermenegildo Taboada Castro presentó su examen de grado al final de 2009.

Análisis de la expresión del genoma de R. etli en vida libre y en simbiosis.

En este proyecto se han estudiado diversas condiciones en vida libre y en simbiosis, especialmente el efecto de una mutación en el gene regulador general de la fijación de nitrógeno, NifA. Los experimentos están ya concluidos y el manuscrito está enviado y en revisión para publicación. Este proyecto forma parte de la tesis del alumno del Doctorado en Ciencias Biomédicas Emmanuel Salazar Bustamante.

Estudio proteómico del cáncer cérvico uterino.

El Cáncer Cérvico uterino es considerado a nivel mundial la segunda causa de muerte relacionada al cáncer en mujeres, mientras que en México ocupa el primer lugar así como en otros países en vías de desarrollo. El campo de la proteómica abre nuevos caminos en la investigación para el diagnóstico, progresión y tratamiento del cáncer.

Utilizando las herramientas de la Proteómica hemos establecido los patrones proteicos de expresión global de seis líneas celulares de cáncer cérvico-uterino usando electroforesis en geles de doble dimensión (2D-PAGE). Los patrones de expresión fueron evaluados usando el software PDQuest 2-D y la identificación de proteínas se realizó mediante espectrometría de masas tipo MALDI-TOF y el programa MASCOT buscando en las bases de datos Swiss-prot o NCBIInr. Un total de 74 proteínas relacionadas con el fenotipo neoplásico han sido identificadas por este método.

Durante la última década se han desarrollado nuevos campos de estudio para definir las complejidades estructurales y funcionales presentes en el microambiente de un tumor, como es el estudio del secretoma; definido como el estudio de las proteínas secretadas. El microambiente del tumor es un biosistema de complejas redes e interacciones que ocurren en diferentes niveles. Estas interacciones están dadas por los componentes del secretoma involucrando factores de crecimiento, citocinas, proteinasas, sus inhibidores y otras moléculas bioactivas. El tumor podrá así, responder a cada una de estas moléculas de una manera diferente, dando como resultado el favorecimiento del crecimiento y desarrollo del tumor. Para estudiar el secretoma estamos utilizando 2D-PAGE – Espectrometría de masa tipo MALDI-TOF y Cromatografía Líquida acoplada a Espectrometría de masas tipo trampa de iones (LC/ESI-MS). Hasta el momento hemos identificado 54 proteínas del secretoma de las líneas celulares HeLa HPV18, SiHa HPV16 y C-33A negativa al HPV cultivadas convencionalmente. Adicionalmente nos encontramos trabajando en la definición del secretoma obtenido de xeno-trasplantes generados en ratones inmunosuprimidos.

A través de la proteómica deseamos identificar proteínas que funcionen como posibles biomarcadores, las cuales estén presentes en las líneas celulares *SiHa* y *CaSki* y que sean reconocidas por la respuesta humoral del paciente con Cáncer Cérvico uterino en nivel NIC 2. Para cumplir este objetivo nos encontramos utilizando 2D-PAGE, para la separación de proteínas celulares, “western blot” y espectrometría de masas. A la fecha hemos identificado 6 entidades electroforéticas las cuales han sido relacionadas con el proceso carcinogénico, las cuales previa validación podrían ser sugeridas como biomarcadores.

Se considera que el agente etiológico del cáncer cervicouterino es el virus del papiloma humano (HPV), ya que se presenta en $\geq 99.7\%$ de los tumores. Se ha reportado que algunos virus tienen la capacidad de producir microRNAs. Los microRNAs (miRNAs) regulan post-transcripcionalmente la expresión genética uniéndose en las regiones 3' no traducidas de los mRNAs, induciendo un silenciamiento traduccional. Se ha reportado que estos microRNAs virales regulan genes del hospedero, controlando procesos como: diferenciación celular, proliferación, apoptosis y el metabolismo celular. Mediante herramientas bioinformáticas hemos identificado en los genomas HPV 16 y 18, alrededor de 30 posibles microRNAs. Los experimentos para identificar los miRNAs maduros, sus blancos y las funciones potenciales de estos, se encuentran aún en proceso. Sin embargo recientemente identificamos experimentalmente los primeros pre-microRNAs, lo cual sugiere que estos miRNAs podrían participar en la regulación del ciclo de replicación viral interactuando con su hospedero y jugando un papel importante en el desarrollo y progresión de una lesión y en consecuencia del desarrollo de cáncer.

La vía de señalización de Hedgehog (Hh) controla la proliferación y diferenciación celular, además de ser crucial para la morfogénesis de varios órganos. Se ha observado que esta vía embrionaria está implicada en el desarrollo y la progresión de varios tumores humanos que se asemejan a las células primitivas precursoras derivadas del cerebro, piel, pulmón, próstata y aparato gastrointestinal. Asimismo, alteraciones de algunos de los componentes de la vía han sido asociados con el desarrollo de cáncer. A pesar de que se tienen bien descritas las alteraciones que ocurren como resultado de la infección por virus del papiloma humano (VPH), éstas no son suficientes para que se desarrolle cáncer. Conocer la etiología de la enfermedad, así como el estado de otras proteínas que se encuentran comúnmente desreguladas en cáncer como son p53 y pRB, da lugar a un escenario que permite una caracterización más directa de las vías participantes. El objetivo de esta parte del proyecto es discernir la participación de la vía sonic hedgehog en el CaCu a partir de líneas celulares positivas (HeLa y SiHa) y negativa (ViBo) para VPH, ya que no se ha investigado a profundidad la importancia de esta vía dentro del proceso de carcinogénesis. Para lograr nuestro objetivo nos encontramos realizando ensayos de silenciamiento por medio de shRNAs sobre distintos componentes de dicha vía, para posteriormente realizar un análisis de la expresión proteica de las células silenciadas.

Análisis proteómico del biofilm simple (bacteriano) y del biofilm mixto hongo-bacteria.

Los biofilms bacterianos son definidos como comunidades de microorganismos adheridas a superficies bióticas o abióticas. Normalmente las biopelículas o biofilms se encuentran constituidos por un abanico de especies bacterianas, formando una verdadera mezcla de especies. La transición del estado planctónico al estado sésil es producto de importantes cambios genéticos, reflejándose en cambios fenotípicos; estudios previos en distintos organismos definen que este proceso muestra diversas etapas, las cuales se generalizan en la mayoría de las especies formadoras de biofilm. Se sabe que el mecanismo genético-molecular de la formación de las biopelículas es muy particular para cada microorganismo; sin embargo, las etapas del desarrollo de biopelículas se conservan entre una amplia gama de microorganismos. Las etapas del desarrollo del biofilm, se han dividido en cuatro principales etapas: estado de adhesión y des-adhesión, formación de pequeñas micro-colonias, maduración del biofilm y proceso de des-adhesión disgregación del biofilm. Esta última con el fin de colonizar nuevos nichos.

Uno de los objetivos de este proyecto, es determinar mediante proteómica la expresión genética durante las etapas del desarrollo y formación del biofilm en *R. etli* CE3 en las diferentes etapas de su desarrollo. Durante las diferentes etapas de formación del biofilm, hemos identificado 200 proteínas mediante espectrometría de masas. Las cuales fueron agrupadas mediante COGs y se ha observado que el mayor número de proteínas pertenecen a los grupos funcionales: transporte y metabolismo de carbohidratos y conversión de energía, el 30% del total de las proteínas identificadas son sin función asignada.

Adicionalmente estamos interesados en comprender los mecanismos moleculares implicados en la formación de biofilms formados entre procariotes y eucariotes, para abordar este problema utilizamos un modelo basado en el cocultivo hongo-bacteria, el cual involucra a *Saccharomyces cerevisiae* un eucariote unicelular ampliamente estudiado y a *R. etli*. Nuestro estudio se enfoca en el análisis de la transcripción global de los genes (transcriptoma), y de las proteínas sintetizadas (proteoma) por *S. cerevisiae* y *R. etli*

durante los estados tempranos y tardíos de la formación del biofilm en cocultivos. Con este modelo estamos identificando mecanismos moleculares tanto de la bacteria como del hongo para poder coexistir y estructurar un biofilm mixto. Encontramos que *S. cerevisiae* y *R. etli* CE3 en cocultivo forman un biofilm mixto cuya biomasa es ~10 veces mayor con respecto a los biofilms de monocultivos. Con ensayos *in vitro* y en raíces demostramos que el plásmido simbiótico pSim es necesario para la colonización y formación de biofilm mixto en la raíz de *P. vulgaris* en presencia de *S. cerevisiae*. Hemos demostrado que el antagonismo entre levadura y bacterias carentes del pSim es ocasionado por la secreción de *S. cerevisiae* de dos moléculas. Mediante experimentos de interacción entre *R. etli* CE3 y cepas “knock-outs” de *S. cerevisiae* (YKO MATa Strain Collection, Open Biosystems), identificamos aproximadamente 140 genes que pueden estar participando directa o indirectamente en la síntesis y producción de las moléculas que inhiben el crecimiento de bacterias. Nuestros resultados revelan que la cooperación o el antagonismo en una interacción biológica dependen de elementos genéticos y de la producción de moléculas pequeñas.

Muchas enfermedades tales como infecciones respiratorias, gastroenteritis y enfermedades peritoneales, a menudo involucran múltiples microorganismos. Por lo cual el estudio de interacciones es esencial para entender las actividades *in vivo* de microorganismos comensales y patógenos, parte de nuestro estudio se enfoca en el análisis de las proteínas sintetizadas por *C. albicans* y *P. aeruginosa* cuando coexisten formando biofilms. Para conocer los mecanismos moleculares durante la interacción *C. albicans*-*P. aeruginosa*, estamos analizando el proteoma de ambas especies cuando forman un biofilm mixto en condiciones de hipoxia y normoxia. Con el objetivo de observar las diferencias en los proteomas de estos dos microorganismos, utilizamos 2D-PAGE y espectrometría de masas (MALDI-TOF) para la identificación de las proteínas expresadas diferencialmente. Hemos encontrado que *P. aeruginosa* sobreexpresa proteínas que están implicadas en el metabolismo de Hierro y en la biosíntesis del sideróforo pioverdina cuando interactúa con *C. albicans* formando un biofilm mixto. Para confirmar que la síntesis de pioverdina se incrementa cuando *P. aeruginosa* interactúa con *C. albicans*, evaluamos la producción de pioverdina en las mismas condiciones en que se cultivaron las células para los análisis del proteoma. Encontramos que la producción del sideróforo es ~2 veces mayor en los biofilms mixtos con respecto a la producción en monocultivos. Derivado de estos resultados proponemos dos hipótesis: a) en los biofilms mixtos *P. aeruginosa* y *C. albicans* compiten por la captura de hierro generando un ambiente limitado en el metal, lo cual induce la síntesis de pioverdina. b) *P. aeruginosa* censa moléculas secretadas por *C. albicans* y responde incrementando la producción de pioverdina. También se encontraron proteasas, proteínas de membrana externa, de adherencia e invasión al hospedero, proteínas implicadas en el metabolismo de ácidos grasos y proteínas de función desconocidas, muchas de las proteínas mencionadas son consideradas factores de virulencia los cuales pueden tener un papel interesante en la interacción de estos dos microorganismos. Por otra parte el análisis del proteoma de *C. albicans* cuando forma biofilm mixto con *P. aeruginosa* muestra cambios en ~118 entidades electroforéticas. De estas se identificaron proteínas implicadas en glucólisis, resistencia a drogas y proteínas implicadas en la interacción huésped-patógeno.

Fosfoproteoma y proteoma extracelular de R. etli en la vida libre y en simbiosis.

La fosforilación de proteínas es una modificación postraducciona, que regula de manera reversible la mayoría de los procesos celulares. La fosforilación es una modificación post-transcripcional (PTM) reversible que es clave en los procesos biológicos de organismos procariotes y eucariotes. Por lo anterior nos encontramos estableciendo una estrategia metodológica para el estudio de fosfopéptidos de proteínas purificadas por electroforesis en geles de doble dimensión. El análisis fue llevado a cabo utilizando dióxido de titanio para atrapar los péptidos modificados y optimizando el tiempo de adsorción del grupo fosfato sobre la superficie del lecho de titanio en cada paso del enriquecimiento. Se emplearon también agentes desplazadores como el ac. 2,5-dihidroxibenzoico y el ácido láctico en el buffer de cargado para mejorar la selectividad del enriquecimiento. Fracciones enriquecidas de metabolismo en vida libre y en simbiosis, fueron separadas en geles de doble dimensión (2-D) e identificadas en un espectrómetro de masas MALDI-TOF. Mediante esta metodología hemos logrado identificar proteínas presentes en el mapa proteico. Las búsquedas realizadas en los servidores NetPhos (<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetPhos/>) y FindMod (<http://www.expasy.ch/tools/findmod/>) predijeron

que la mayoría de las proteínas identificadas poseen al menos un sitio de fosforilación. Además en la mayoría de los casos se logró ubicar dentro del espectro de masas los péptidos fosforilados. Hasta el momento mediante esta metodología hemos logrado identificar cerca de 150 proteínas fosforiladas de *R. etli* durante la fijación de nitrógeno con *P. vulgaris*.

El estudio sobre el proteoma extracelular de *R. etli* podría discernir muchas cuestiones desconocidas sobre las funciones de las proteínas extracelulares, así como su papel al ser exportadas. Por esta razón nosotros nos propusimos como objetivo definir el secretoma de *R. etli* y el papel de las proteínas que lo constituyen. Estas proteínas fueron identificadas por cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas. Las proteínas identificadas fueron agrupadas por COG (del inglés Cluster Orthologous Groups) de acuerdo a la base de datos de NCBI (National Center for Biotechnology Information). En la fase de crecimiento exponencial fueron identificadas 193 proteínas, el 18.75% del total de proteínas identificadas para esta fase de crecimiento fueron proteínas ribosomales lo que sugiere la realización de estudios posteriores para la definición de un probable papel en el secretoma de la bacteria. En la fase de crecimiento estacionaria identificamos 191 proteínas de las cuales las más abundantes en esta fase de crecimiento fueron las proteínas de función desconocida, que representan el 28.7%, lo anterior sugiere que estas proteínas pudieran tener un papel específico en el secretoma de *R. etli* y al ser pocos los estudios realizados al respecto en bacterias, constituyan un grupo importante de proteínas sin función asignada. Adicionalmente hemos demostrado la presencia de vesículas de membrana externa en *R. etli* observando que una función que cumplen en esta bacteria es la exportación de proteínas y otro tipo de moléculas.

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

Derivado de la organización estructural de la región *fix-nir* en *R. etli* codificada en el pCFN42f, hemos estudiado la participación de los reguladores FixK y NnrR en la expresión de los operones *nirKnirVnnrRnnrS* y *norCBQD*, así como la caracterización fisiológica de estas reductasas en la respuesta de *R. etli* a la presencia de óxidos de nitrógeno. Nuestros resultados muestran que la expresión de estos operones es regulada por la concentración de oxígeno y la presencia de óxidos de nitrógeno a través de la participación de FixK y NnrR. El papel funcional de estas reductasas ha sido evaluado tanto en vida libre como en simbiosis. Nuestros resultados muestran que el regulador transcripcional tipo Fnr, NnrR en *R. etli* expande la cascada de regulación FixL-FixK posicionando a FixK como un regulador maestro para los genes *fix*. Estos resultados son la parte medular de un artículo que será enviado a publicación en breve.

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

En *R. etli* CFN42, la regulación de los genes *fixNOQP*, que codifican para la oxidasa terminal simbiótica es muy compleja. La expresión de este operón está regulada por al menos 5 reguladores tipo Fnr tanto negativa como positivamente (Girard et al, 2000; López et al, 2001). Recientemente, nuestro grupo reportó que en *R. etli* CFN42, dos proteínas tipo Fnr que conservan una alta similitud entre ellas (StoRd y StoRf) tienen una participación importante en la regulación global del proceso de fijación de nitrógeno. Sin embargo, a pesar de su similitud estructural, estos genes tienen un papel diferente en el proceso, una mutación en el gen *stoRd* incrementa la capacidad fijadora de nitrógeno de *R. etli*, mientras que una mutación en *stoRf* afecta dicha capacidad. En condiciones de vida libre, mutaciones en ambos genes incrementan la expresión de los genes *fixNOQP* y la expresión de *fixKf* aumenta en una mutante StoRd. (Granados-Baeza et al, 2007).

Esto sugiere que los genes blanco de regulación de estas proteínas son diferentes y pudieran participar en distintas etapas del proceso de fijación del nitrógeno o de adaptación a las condiciones de bajo oxígeno que prevalecen en el nódulo. Los mecanismos moleculares mediante los cuales estas proteínas, son capaces de reconocer blancos diferentes no se conocen. De igual forma no se ha reportado a los genes regulados por éstas, que pudieran explicarnos las diferencias fenotípicas observadas en las mutantes para estos reguladores. Dadas las diferencias que existen en la complejidad de las redes de regulación entre organismos fijadores de nitrógeno, el papel diferente que cumplen *stoRd* y *stoRf* en el proceso de fijación de nitrógeno en *Rhizobium etli*, representa un buen modelo de estudio para evaluar los factores que controlan la compleja red de regulación de este proceso.

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

En *R. etli* CFN42 la cascada de regulación (cascada FixL/FixK) inicia con una proteína FixL atípica y con la ausencia de un homólogo estructural a FixJ. Por lo tanto, este proyecto tiene como objetivo general la caracterización genética y funcional de los elementos involucrados en la cascada FixL/FixK de *R. etli* CFN42, (su análisis funcional) y la descripción de su red global de regulación.

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

En *R. etli* CFN42 los estudios de la cascada de regulación de los genes *nif*, mediada por la proteína NifA han sido limitados. El análisis de la secuencia del genoma de esta bacteria muestra la presencia de un sistema regulador de dos componentes formado por ActSR, sistema de regulación global de dos componentes altamente conservado que participa en la regulación de importantes procesos celulares implicados en la generación y utilización de energía. El objetivo de este proyecto es la caracterización genética y funcional del operón ActSR de *R. etli* CFN42 y la descripción de su red global de regulación y poder establecer la participación de ActR como un elemento adicional en la cascada de regulación de los genes *nif* en *R. etli* y su participación en la conectividad de ambas vías de regulación. Por medio del análisis de la expresión global de *R. etli* en mutantes en estos genes nos permitirá construir la red de regulación global dependiente del sistema de dos componentes ActSR.

Caracterización de la vía de biosíntesis de arginina en Sinorhizobium meliloti Rm1021.

Un manuscrito sobre la caracterización cinética detallada de la *N*-acetilglutamato cinasa está en preparación. Las perspectivas para trabajo adicional en este proyecto también fueron presentados en la Reunión Académica serán base de un gran parte de mi trabajo en 2010.

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

Una meta clave de este proyecto, en colaboración con Oded Livnah y Amit Meir de la Universidad de Jerusalem, es la construcción de una mutante *rhiA* de la cepa CE3. Estamos en la etapa de comprobar la construcción genética correcta de recombinantes dobles putativas de CE3 *rhiA::loxSp* por medio de PCR. Cuando logremos la construcción correcta, podremos seguir con la caracterización de la mutante *in* y *ex planta*.

Potencialización de Streptomyces spp. para control biológico de Sigatoka negra con genes de prodigiosina y quitinasas de Serratia marcescens. La responsable del proyecto, la Dra. Griselda Karina Guillén Navarro, investigadora de El Colegio de la Frontera Sur y el Dr. Michael Dunn hemos planeado los primeros experimentos que serán necesarios para lograr los objetivos planteados del proyecto. El primer paso será que yo caracterice el patron de expresión de las quitinasas en *S. marcescens* utilizando ensayos de actividad y zimogramas.

Relación entre el ciclo de glioxilato y la utilización de la poli-β-hidroxibutirato (PHB) como fuente de carbono de reserva en Sinorhizobium meliloti Rm1021. En este proyecto colaborativo entre Ismael Hernández-Lucas (IBT), Augusto Trujillo (CCG) y Michael Dunn, estamos analizando datos (la mayor parte de ellos generados por A. Trujillo en el curso de su trabajo para obtener su doctorado) que muestran claramente un papel esencial del ciclo de glioxilato en la utilización del PHB como fuente de carbono de reserva en cepa Rm1021, en preparación para elaborar un manuscrito sobre este tema.

Ingeniería Genómica

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

La parte correspondiente al efecto de la limitación parcial ó total de los sistemas para migración de intermediarios de Holliday fue concluida este año, con la publicación de los resultados (J. Bacteriol. 191:4987-4995, 2009) y la recepción de Doctorado de la alumna Mildred Castellanos (Diciembre 4, 2009). El trabajo en esta área continuó a estudiar el efecto de sobreproducción de *recG*. Esto se logró a través de la introducción de copias supernumerarias de este gene en la cepa silvestre. Si bien el aumento de nivel de RecG provoca una reducción ligera en la longitud de segmentos de conversión, el efecto más notable observado fue una supresión del efecto de sesgo a ganancia de marcadores, característico de este sistema. La supresión de este efecto podría deberse a ciclos repetidos de extensión-resección de los

intermediarios de Holliday. Durante 2010 continuaremos con este trabajo, estudiando el efecto de sobreexpresión de RadA (Fares Yáñez en conjunto con Mildred Castellanos). Este trabajo se liga con el del Dr. César Rodríguez, técnico titular, quien estudia el papel de una mutación en el gene *addA* sobre conversión. Hasta ahora, se ha encontrado que una mutación en *addA* lleva a una reducción en la longitud de segmentos de conversión (de 450 a 300 pb) sin afectar ningún otro parámetro en el sistema. El Dr. Rodríguez continuará con este trabajo en 2010, ampliando el análisis de las mutaciones en *recF* y las dobles mutantes *addA-recF*, lo que completará el análisis de las vías participantes en los primeros pasos de conversión. Por último, 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 permitirá la introducción de cortes en doble cadena *in vivo* en un sitio programado, mediante la expresión de la meganucleasa *SceI*. Durante 2010 estudiaremos el efecto de estos cortes durante conversión, en fondos genéticos silvestre, *addA*, *recFrecF* y *addA-recF*. En esta última parte colaborarán la Dra. Mildred Castellanos, el Dr. César Rodríguez y Luis Durán, alumno de la LCG.

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

Este trabajo es parte del proyecto de la alumna de Doctorado Cristina Landeta. Previamente demostramos el papel metabólico de los genes *actP*, *cyoA*, *nadB* y *cls*. En este año continuamos con mutaciones en *minCDE*, y tenemos avances importantes con *cobG*. Estos datos muestran el papel de p42e en vías metabólicas más centrales. Empleando comparaciones globales de genoma, tanto a nivel nucleotídico como a nivel de proteínas codificadas, detectamos replicones homólogos a p42e en *R. etli* CIAT652, *R. leguminosarum* bv *viciae* 3841 y en *R. leguminosarum* bv *trifolii* 202. Hemos hecho más intentos por eliminar plásmido p42e y sus homólogos en otras Rhizobiales a través de incompatibilidad, usando su propio sistema *repABC*. Aún en estas circunstancias, la eliminación de p42e y sus homólogos ha resultado infructuosa, obteniéndose solamente rearrreglos entre p42e y otros replicones, preservando así p42e. Esto resalta la posible esencialidad de funciones codificadas en p42e y sus homólogos. La identificación de posibles regiones esenciales se está llevando a cabo a través de deleciones programadas de ciertos sectores de p42e (elaboradas por la M. en C. Araceli Dávalos), usando el sistema *Cre-loxP*. Hemos podido eliminar el 91.5% de p42e; el 8.5% restante de p42e codifica para 34 ORFs posibles. Por experimentos de mutagénesis, encontramos que ORF1 de p42e no puede eliminarse a menos que exista otra copia silvestre en la célula, lo cual sugiere su papel esencial. En este sector de 34 genes se encuentra también un grupo de 5 genes que podrían participar en estructuración y/o estabilidad de membrana celular. Durante este año, elaboraremos un manuscrito para publicación resumiendo estos resultados. Continuaremos este trabajo para comprender la razón de la esencialidad del ORF1 y los efectos sobre crecimiento del grupo de cinco genes ya mencionado. 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 (en colaboración con la Facultad de Química de la UNAM) 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.

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. Sus objetivos son:

- a) Determinar las regiones necesarias para las reacciones de integración y escisión mediadas por IntA a través de ensayos *in vivo*.
- b) Purificar a homogeneidad la proteína IntA para realizar ensayos *in vitro*.
- c) Determinar la eficiencia de reacciones de integración y escisión *in vitro*.
- d) Determinar las secuencias mínimas necesarias para ambas reacciones por ensayos *in vitro*.
- e) Evaluar el efecto de inhibidores peptídicos de la resolución de uniones de Holliday sobre estas reacciones.

f) En caso necesario, buscar proteínas adicionales que puedan estimular escisión por ensayos de *pull-down*.

Dado lo nuevo de este proyecto, solamente se tienen avances respecto del primer objetivo. En él, se han elaborado las construcciones necesarias para evaluar la funcionalidad de *intA* por ensayos de integración. El sistema consiste en un plásmido suicida conteniendo la región *attD* y un plásmido replicativo conteniendo *intA* y la región *attA*. Se demostró la funcionalidad de IntA por integración dependiente de IntA y de las regiones *att*, pero independiente de *recA*. En estos experimentos se detectó también la integración de el plásmido suicida conteniendo la región *attD* con pF. Pensamos que esta integración ocurre en una región potencial *att* detectada previamente por análisis de secuencia. Durante 2010 haremos experimentos para aclarar esa situación y para avanzar en los otros objetivos del proyecto.

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.

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 hemos detectado que el pGR64a posee una gran zona (~150 Kb) que hibrida 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. Por otra parte, la región de transferencia de p42a de *R. etli* CFN42, no da señal de homología con el pGR64a, lo cual sugiere que los genes que permiten la transferencia de éste plásmido son diferentes a los descritos previamente. En este año se obtuvo la secuencia completa del pGR64a, en colaboración con el grupo del Dr. G. Dávila (CCG, UNAM). La comparación con los genes *tra* presentes en el p42a de *R. etli* CFN42, muestra que sus identidades son menores al 90%, explicando la falta de señal en los experimentos de hibridación, aunque la organización de la región de transferencia es muy similar. 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. El podría ser por movilización o por donación. Datos obtenidos este año apoyan que el mecanismo de inducción de transferencia por el pGR64a sea por movilización, ya que encontramos que no se requiere cointegración para el evento. Con el análisis de los datos de secuencia del pGR64a, y su comportamiento funcional en diversos fondos genómicos, se está preparando un manuscrito para publicación.

Análisis de la región de transferencia de pGR64a de Sinorhizobium fredii GR64.

Se inició 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 indican que la frecuencia de transferencia disminuye drásticamente en las mutantes en *traA* y *traR*, pero no se ve muy 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*. Este trabajo se completará con el estudio de cepas complementadas, determinación de HSLs, y análisis de expresión de los genes en diversas condiciones.

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.

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, y en este año se titulará con él.

Otras cepas de Sinorhizobium fredii noduladoras de soya.

El estudio de cepas de *S. fredii* “típicas” que nodulan soya mostró que algunas de ellas también presentan plásmidos autotransferibles, pero tampoco son capaces de inducir transferencia de plásmidos simbióticos que permiten nodulación de frijol, e incluso parecen tener un efecto inhibitorio. En este año determinaremos si tienen algún efecto inductor sobre sus propios pSim.

Identificación y caracterización de funciones esenciales para el crecimiento en medio mínimo codificadas en el plásmido p42F de R.etli CFN42.

Experimentos de nuestro laboratorio demostraron que el crecimiento en MM disminuye drásticamente en la cepa CFNX186, una derivada de la cepa CFN42 que carece del plásmido p42f, el de mayor tamaño (600kb) de los seis que presenta esta bacteria.

En base al estudio de las proteínas codificadas en este plásmido así como de las vías metabólicas en las que participan, seleccionamos cinco proteínas que pudieran ser necesarios para el crecimiento de esta bacteria en MM. Las dos primeras 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.

El trabajo de doctorado del Biól. Tomás Villaseñor ha demostrado que mutantes en los genes *panCB* son auxótrofas de pantotenato, las cuales recuperan su crecimiento tipo silvestre al ser complementadas con los genes *panCB*. 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. En colaboración con el Dr. David Romero y la M. en IBB Araceli Dávalos estamos llevando a cabo

deleciones sitio dirigidas del plásmido p42f con la finalidad de identificar otras regiones del plásmido p42f relacionadas con el crecimiento en medio mínimo.

Análisis genómico, genético y bioquímico de la síntesis de pantotenato en R. etli CFN42: caracterización de la vía de síntesis de beta-alanina en R. etli CFN42.

El desarrollo del proyecto anterior, nos llevó a profundizar en el estudio de la vía de síntesis de pantotenato en *R. etli* CFN42, lo cual nos permitió observar diferencias importantes con respecto a la vía de síntesis y transporte descrita para enterobacterias, grupo en el cual la síntesis de esta vitamina ha sido estudiada con mucho detalle. Una de estas diferencias proviene de los análisis de similitud, los cuales indican que en el genoma de *R. etli* CFN42 no existe un ortólogo de *panD*, este gene en enterobacterias codifica para una aspartato 1-d Descarboxilasa la cual cataliza la descarboxilación de L-aspartato para producir beta-alanina. Esta molécula es un precursor indispensable para sintetizar pantotenato, en *E. coli* se ha demostrado que mutantes *panD* requieren de beta-alanina o pantotenato para crecer. De acuerdo con la base de datos de KEGG (<http://www.genome.ad.jp/kegg/kegg2.html>) la ausencia de la aspartato 1-d Descarboxilasa típica de bacterias no es solo una peculiaridad de *R. etli* CFN42, sino que está ausente en ocho de las 11 rhizobias secuenciadas a la fecha. Basados en la reconstrucción de vías metabólicas hecha por KEGG, la única posible vía de síntesis de beta-alanina en todas las rhizobias que carecen de PanD, sería por medio de la degradación de uracilo. Hasta ahora se ha considerado como un dogma que la síntesis de beta-alanina en bacterias proviene únicamente de la reacción catalizada por PanD, lo cual no parece cumplirse en algunas rhizobias. También es interesante mencionar que la síntesis de beta-alanina a partir de la degradación de uracilo hasta ahora se considera una vía de síntesis exclusiva de plantas. Es importante resaltar que otra posibilidad de sintetizar beta alanina en las rhizobias que carecen de PanD, podría ser por medio de una nueva isoforma de la enzima aspartato 1-d Descarboxilasa, hasta ahora no descrita en bacterias. El proyecto está iniciando, forma parte de la tesis de licenciatura de la estudiante de biología Elyda Hernández Miranda.

Análisis genómico, genético y bioquímico de la síntesis de pantotenato en R. etli CFN42: mutaciones en los genes ilvC y RHE_CH01710 (panE).

El segundo paso en la vía de biosíntesis de pantotenato consiste en la formación de D-pantoato mediante la reducción enzimática de α -cetopantoato. En *E. coli* y *S. typhimurium* esta reacción puede ser catalizada por dos enzimas, la primera de ellas es la enzima α -ketopantoate reductase (EC 1.1.1.169) codificada por el gene *panE*. La segunda enzima, acetohydroxy acid isomero reductase (EC 1.1.1.86), codificada por el gene *ilvC*, está involucrada en la biosíntesis de isoleucina y valina, sin embargo, también puede catalizar la reducción de α -cetopantoato, tanto *in vitro* como *in vivo*. En *C. glutamicum*, el producto de *ilvC* es la única enzima capaz de producir pantoato, mientras que en *B. subtilis* la única enzima α -ketopantoate reductase funcional esta codificada por el gene *panE*. En el genoma de *R. etli* CFN42 ambos genes están presentes, *panE* (RHE_CH01710), el cual codifica una probable α -ketopantoate reductase e *ilvC* que codifica una enzima acetohydroxy acid isomero reductase. En las rhizobias, y en particular en *R. etli* CFN42, no se sabe cual de las dos enzimas o si ambas se requieren para la formación de pantoato. El Biól. Tomás Villaseñor esta iniciando la construcción de mutantes en los genes *panE* e *ilvC*.

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

En nuestro grupo de investigación estamos utilizando a la cepa de *Rhizobium etli* CFN42 y a sus mutantes que carecen de cada uno de sus seis plásmidos, como modelo para contribuir a la identificación y caracterización funcional de los mecanismos que participan en la resistencia a metales pesados en 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 perteneciente a la familia NiCoT 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.

Este proyecto forma parte de la tesis de doctorado del Biól. Ciro Alberto Cubillas. A partir de una librería genómica hemos logrado identificar un fragmento de DNA de aprox. 30 kb el cual restablece la resistencia de la la cepa p42e Δ a Ni pero no a Co. En este fragmento de DNA están contenidos los genes PE218, PE217 y PE215, lo cual indica que la resistencia a Co está determinada por otros genes.

Sistemática molecular, microevolución y filogeografía de rizobios.

Hemos avanzado significativamente en el estudio de la sistemática molecular y biogeografía de bacterias del género *Bradyrhizobium*, descubriendo la amplia distribución geográfica (cosmopolita) y ambiental de la mayor parte de las especies del género (Vinuesa et al., 2008). En dicha publicación reportamos por primera vez un análisis comparado de genética evolutiva de especies del género en base al análisis multilocus de secuencias de DNA, descubriendo patrones diferenciales de evolución molecular entre linajes de *Bradyrhizobium*. En dicho estudio reportamos además una novedosa estrategia de evaluación cuantitativa del contenido relativo de información filogenética de los diversos marcadores empleados.

Implementación de aproximaciones filogenómicas y de genómica comparada para la selección de marcadores moleculares optimizados para estudios de ecología y sistemática molecular microbiana

Esta línea de trabajo se inició en 2006 en el marco de un donativo solicitado al PAPIIT (2006-1). Este proyecto de investigación ha seguido desarrollándose en estrecha colaboración con el Dr. Bruno Contreras-Moreira, investigador de la Estación Experimental Aula Dei del CSIC, Zaragoza, España.

Este proyecto tiene por objetivos:

- 1) el desarrollo e implementación de una tubería de análisis filogenómico para la selección *in silico*
- 2) el ensayo experimental de múltiples marcadores moleculares óptimos para estudios de sistemática filogenética, microevolución y filogeografía de Proteobacterias asociadas a plantas.
- 3) El desarrollo de herramientas web para proporcionar servicios a la comunidad

El primer objetivo se ha alcanzado mediante el estudio comparado de genomas completos de 19 *Rhizobiales* con genomas > 4 MB, usando rigurosos criterios filogenéticos y de evolución molecular para seleccionar a los genes ortólogos y amplicones teóricos más adecuados identificados *in silico* a partir de ellos. Se obtuvo una colección de 41 marcadores altamente informativos.

El segundo objetivo también fue alcanzado exitosamente. Se establecieron y optimizaron los protocolos de PCR para 7 marcadores y se han usado para obtener y secuenciar los amplicones correspondientes para una amplia colección de *Bradyrhizobium* spp., de diversos orígenes geográficos y hospederos, tanto en contextos macroevolutivos (sistemática molecular del género) como microevolutivo (genética de poblaciones de *B. canariense* y *B. japonicum*). La calidad filogenética de estos marcadores ha sido evaluada cuantitativamente en relación a los resultados obtenidos en estudios previos usando un conjunto de marcadores de variable grado de utilidad filogenética en el contexto de sistemática y genética de poblaciones de *Bradyrhizobium* spp. [*rrs*, ITS (*rrs-rrl*), *atpD*, *recA*, *glnII*]. Este trabajo fue hecho por Iraís Figueroa -Palacios en el marco de su tesis de licenciatura para la Fac. de Biología de la UAEM.

El tercer objetivo también ha sido alcanzado en forma del servidor web primers4clades, que recientemente hemos puesto en el dominio público y que se publicó en el “server issue” de la revista Nuc. Acids. Res. del año 2009.

Este proyecto se ha desarrollado desde su inicio en estrecha colaboración con el Dr. Bruno Contreras Moreira durante su estancia post-doctoral en el Programa de Genómica Computacional así como a tres estudiantes , Iraís Figueroa Palacios (UAEM), Agustín Avila (LCG) y Enrique Zozaya (LCG), quienes realizan sus tesis de licenciatura evaluando marcadores moleculares en rizobia y constuyendo librerías de amplicones de estos marcadores obtenidos a partir de DNA ambiental.

Ecología molecular y genética de poblaciones de micobacterias ambientales en ríos de Morelos con grado contrastante de perturbación.

Este proyecto es parte de la tesis de Doctorado del M. en C. Bernardo Sachman. El Salto de San Antón (que forma parte del río Apatlaco) representa un atractivo turístico en medio de la ciudad de

Cuernavaca que se ha convertido en receptor de basura y del desagüe de la población, lo cual ha generado su grave deterioro, convirtiéndolo probablemente en un foco de infección de enfermedades bacterianas. El estudio en el tiempo y espacio de la composición de la comunidad bacteriana y de poblaciones de especies potencialmente patógenas es indispensable para determinar la magnitud del problema. Se proponen dos aproximaciones analíticas complementarias: I) Análisis comparativo de la composición de comunidades bacterianas en el río Apatlaco de la zona no contaminada vs. la afectada por desagües urbanos mediante fingerprints de comunidades (RISA y T-RFLPs) y II) análisis de la diversidad de especies y estructura genética de poblaciones de bacterias cultivables aisladas en medios selectivos para enterobacteriáceas resistentes a beta lactámicos y micobacterias no tuberculosas mediante métodos filogenéticos y de genética de poblaciones usando secuencias de múltiples loci. A partir de estos análisis se dearrollarán protocolos de PCR para la rápida identificación molecular de grupos selectos de linajes y genes de virulencia o de resistencia a antibióticos, tanto en muestras de agua como en otros ambientes. Además se determinarán los valores de diversos parámetros ambientales (físicos y químicos) que se usarán para buscar correlaciones con la composición de la comunidad bacteriana en cada zona.

Ecología molecular y diversidad de rizobios y sus genes simbióticos en bosques de selva seca baja caducifolia en México con distinto grado de conservación - aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo.

Este proyecto está financiado por CONACyT P1-60071 y actualmente están trabajando en él dos alumnos de la LCG, Enrique Zozaya (proyecto de Licenciatura) y Agustín Avila, quien pasó su examen de ingreso al PDCB en Noviembre de 2008. Enrique Zozaya se recibirá en el semestre actual (2010-2). Una nueva alumna, Fabiola Miranda comenzó a trabajar en el proyecto desde Octubre del 2009, y está preparándose para los exámenes de ingreso al PDC Biomédicas de Mayo del 2010.

Metagenómica, ecología molecular y genética de poblaciones de bacterias entéricas en ríos de México con distinto grado de perturbación

Este es un nuevo proyecto de investigación, que inició formalmente en el 2009. El estudiante de la LCG Pablo Rodríguez pasó la prueba de ingreso al PDCB en Noviembre de 2008 para trabajar en esta línea.

PRINCIPALES DISTINCIONES

La **Dra. Esperanza Martínez Romero** ingresó a la American Academy of Microbiology. Enero 10, 2009.

La **Dra. Isabel María López Lara** fue distinguida con el Reconocimiento UNAM “Sor Juana Inés de la Cruz”. Marzo 8, 2009.

El **M. en IBB. Oscar Rodríguez Sánchez** recibió el Premio de Excelencia Académica otorgado por el Sistema de la Universidad Latinoamericana, Campus Ciencias de la Salud, por el mejor promedio en labores docentes. Junio 4, 2009.

El **Dr. Julio Collado** recibió el Reconocimiento por el artículo más citado en la última década en México en el área de Biología Molecular. Otorgado por Thomson Reuters y CINVESTAV. Septiembre 29, 2009.

El artículo: “**Dunn, M. F.**, J. A. Ramírez-Trujillo and I. Hernández-Lucas. 2009. Major roles of isocitrate lyase and malate synthase in bacterial and fungal pathogenesis. *Microbiol.* 155: 3166-3175.” es el número ocho de los 50 artículos más leídos de la revista *Microbiology* (30 de noviembre de 2009).

El **Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero, el Dr. Osbaldo Resendis y un equipo de alumnos de la Licenciatura en Ciencias Genómicas**, obtuvieron la medalla de plata en la competencia iGEM (International Genetically Engineered Machines competition) organizada por el Massachusetts Institute of Technology (MIT). Noviembre, 2009.

La **Dra. María del Carmen Vargas Lagunas**, Técnica Titular Definitiva, recibió el reconocimiento correspondiente a 25 años de servicios académicos en la Universidad.

La **q Membreño, Técnica Titular Definitiva**, recibió el reconocimiento correspondiente a 20 años de servicios académicos en la Universidad.

El **Dr. Michael Frederick Dunn**, Investigador Titular Definitivo, recibió el reconocimiento correspondiente a 15 años de servicios académicos en la Universidad.

El **Dr. Miguel Lara Flores** fungió como subdirector de Ciencias de la Dirección General de Proyectos Universitarios, UNAM.

PRODUCCIÓN PRIMARIA

Artículos publicados en revistas internacionales con arbitraje

1. Arellano J, Fuentes SI, Castillo-España P, Hernández G. 2009. **“Regeneration of different cultivars of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) via indirect organogenesis”**. *Plant Cell Tiss. Org. Cult.* 96: 11-18.
2. Balleza E., López-Bojórquez L., Martínez-Antonio A., Resendis-Antonio O., Lozada-Chávez I., Balderas-Martínez Y., Encarnación S., y Collado-Vides J. 2009. **“Genomics, bioinformatics and systems modeling of bacterial transcriptional regulatory networks”**. *FEMS Microbiol Rev.* 33(1): 133-151. (Por invitación, Special Issue on Systems Microbiology)
3. Castellanos, M. and Romero, D. (2009). **“The extent of migration of the Holliday junction is a crucial factor for gene conversion in *Rhizobium etli*”**. *J. Bacteriol.* 191(15): 4987-4995
4. Castillo-Ramírez, S., Vázquez-Castellanos, J., González, V., and M. A. Cevallos. 2009. **“Horizontal gene transfer and diverse functional constraints within a common replication-partitioning system in alfaproteobacteria: the *repABC* operon”**. *BMC Genomics* 10: 536.
5. Collado-Vides J., Salgado H., Morett E., Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Martínez-Flores I., Medina-Rivera A., Muñiz-Rascado L., Peralta-Gil M., and Santos-Zavaleta A. 2009. **“Bioinformatics resources for the study of gene regulation in bacteria”**. *J. Bacteriol.* 191 (1): 23-31. (Inaugural issue in Computational Biology).
6. Contreras-Moreira, B., Sachman-Ruíz, B., Figueroa-Palacios, I. and Vinuesa, P. (2009). **“Primers4clades: a web server that uses phylogenetic trees to design lineage-specific PCR primers for metagenomic and diversity studies”**. *Nucl. Acids Res.* 37:W95-W100
7. Couillerot, O, Prigent-Combaret, C, Caballero-Mellado, J. and Moenne-Loccoz, Y (2009). **“*Pseudomonas fluorescens* and closely-related fluorescent *Pseudomonads* as biocontrol agents of soil-borne phytopathogens”**. *Lett. Appl. Microbiol.* 48 (5): 505-512
8. Cummings, S.P., Gyaneshwar, P., Vinuesa, P., Farruggia, F.T., Andrews, M., Humphry, D., Elliot, G.N., Nelson, A., Orr, C., Pettitt, D., Shah, G.R., Santos, S.R., Krishnan, H.B., Odee, D., Moreira, F.M., Sprent, J.I., Young, J.P. and James, E.K. (2009). **“Nodulation of *Sesbania* species by *Rhizobium* (*Agrobacterium*) strain IRBG74 and other *Rhizobia*”**. *Environ. Microbiol.* 11(10): 2510-2525.
9. Dunn, M.F., Ramírez-Trujillo, J.A. and Hernández-Lucas, I. (2009). **“Major roles of isocitrate lyase and malate synthase in bacterial and fungal Pathogenesis”**. *Microbiology* 155 (10): 3166-3175

10. Elliott, G.N., Chou, J.H., Chen, W.M., Bloemberg, G.V., Bontemps, C., Martínez-Romero, E., Velázquez, E., Young, J.P.W., Sprent, J.I. and James, E.K. (2009). **"Burkholderia spp. are the most competitive symbionts of *Mimosa*, particularly under N-limited conditions"**. *Environ. Microbiol.* **11** (4): 762-778
11. Escalante, A. E., Caballero-Mellado, J., Martínez-Aguilar, L., Rodríguez-Verdugo, A., González-González, A., Toribio-Jiménez, J. and Souza, V. (2009). **"*Pseudomonas cuatrociénegasensis* sp. nov., isolated from an evaporating lagoon in the Cuatro Ciénegas valley in Coahuila, Mexico"**. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **59**:1416-1420
12. Garza-Ramos, U., Dávila, G., González, V., Alpuche-Aranda, C., López-Collada, V.R., Alcantar-Curiel, D., Newton, O. and Silva-Sánchez, J. (2009). **"The Bla (SHV-5) Gene is encoded in a compound transposon duplicated in tandem in *Enterobacter cloacae*"**. *Clin. Microbiol. Infec.* **15** (9): 878-880
13. González Pérez, A., Espinosa Angarica, V., Collado-Vides, J. and Vasconcelos, A.T. (2009). **"From sequence to dynamics: the effects of transcription factor and polymerase concentration changes on activated and repressed promoters"**. *BMC Mol. Biol.* **10** (1): 92
14. Hernández, G., Valdés-López, O., Ramirez, M., Goffard, N., Weiller, G., Aparicio-Fabre, R., Fuentes, S.I., Erban, A., Kopka, J., Udvardi, M.K. and Vance, C.P. (2009). **"Global changes in the transcript and metabolic profiles during symbiotic nitrogen fixation in phosphorus-stressed common bean plants"**. *Plant Physiol.* **151**: 1221-1238
15. Janga, S.C., Salgado, H. and Martínez-Antonio, A. (2009). **"Transcriptional regulation shapes the organization of genes on bacterial chromosomes"**. *Nucl. Acids Res.* **37** (11): 3680-3688
16. Jiménez-Cardoso, E., Eligio-García, L., Cortés-Campos, A., Flores-Luna, A., Valencia-Mayoral, P. and Lozada-Chávez, I. (2009). **"Changes in Beta-giardin sequence of *Giardia intestinalis* sensitive and resistant to albendazole strains"**. *Parasitol. Res.* **105** (1): 25-33
17. Keseler, I.M., Bonavides-Martínez, C., Collado-Vides, J., Gama-Castro, S., Gunsalus, R.P., Johnson, D.A., Krummenacker, M., Nolan, L.M., Paley, S., Paulsen, I.T., Peralta-Gil, M., Santos-Zavaleta, A., Shearer, A.G. and Karp, P.D. (2009). **"EcoCyc: a comprehensive view of *Escherichia coli* biology"**. *Nucl. Acids Res.* **37**: D464-470.
18. Lemmens, K., De Bie, T., Dhollander, T., De Keersmaecker, S.C., Thijs, I.M., Schoofs, G., De Weerd, A., De Moor, B., Vanderleyden, J., Collado-Vides, J., Engelen, K. and Marchal, K. (2009). **"DISTILLER: a data integration framework to reveal condition dependency of complex regulons in *Escherichia coli*"**. *Genome Biol.* **10** (3): R27.

19. Lemmens, K., De Bie, T., Dhollander, T., Monsieurs, P., De Moor, B., Collado-Vides, J., Engelen, K. and Marchal, K. (2009). **"The condition-dependent transcriptional network in *Escherichia coli*"**. *Ann. NY Acad. Sci.* **1158**: 29-35.
20. Martínez-Antonio, A., Medina-Rivera, A. and Collado-Vides, J. (2009). **"Structural and functional map of bacterium nucleoid"**. *Genome Biol.* **10** (12): 247 (por invitación)
21. Martínez-Romero, E. (2009). **"Coevolution in *Rhizobium*-legume symbiosis?"**. *DNA Cell Biol.* **28** (8): 361-370
22. Martínez-Salazar, J.M., Zuñiga-Castillo, J. and Romero, D. (2009). **"Differential roles of proteins involved in migration of Holliday junctions on recombination and tolerance to DNA damaging agents in *Rhizobium etli*"**. *Gene* **432** (1-2): 26-32
23. Martínez-Salazar, J.M., Sandoval-Calderón, M., Guo, X.W., Castillo-Ramírez, S., Reyes-González, A., Loza-Correa, M., Rivera, J., Alvarado-Affantranger, X., Sánchez, F, González, V., Dávila, G. and Ramírez-Romero, M.A. (2009). **"The *Rhizobium etli* RpoH1 and RpoH2 sigma factors are involved in different stress responses"**. *Microbiology* **155**: 386-397
24. Martínez-Salazar, J.M., Salazar, E., Encarnación, S., Ramírez-Romero, M.A. and Rivera, J. (2009). **"Role of the extracytoplasmic function sigma factor RpoE4 in oxidative and osmotic stress responses in *Rhizobium etli*"**. *J. Bacteriol.* **191** (13): 4122-4132
25. Mendoza-Vargas, A., Olvera, L., Olvera, M., Grande, R., Vega-Alvarado, L., Taboada, B., Jiménez-Jacinto, V., Salgado, H., Juárez, K., Contreras-Moreira, B., Huerta, A.M., Collado-Vides, J. and Morett, E. (2009). **"Genome-wide identification of transcription start sites, promoters and transcription factor binding sites in *E. coli*"**. *PLoS One* **4** (10): e7526
26. Menéndez, C., Banguela, A., Caballero-Mellado, J. and Hernández, L. (2009). **"Transcriptional regulation and signal-peptide-dependent secretion of exolevanase (LsdB) in the endophyte *Gluconacetobacter diazotrophicus*"**. *Appl. Environ. Microbiol.* **75**: 1782-1785.
27. Onofre-Lemus, J., Hernández-Lucas, I., Girard, L. and Caballero-Mellado, J. (2009). **"ACC (1-aminocyclopropane-1-carboxylate) deaminase activity, a widespread trait in *Burkholderia* and its growth promoting effect on tomato"**. *Appl. Environ. Microbiol.* **75** (20): 6581-6590
28. Ortiz, A., Cardoso-Taketa, A., Rodríguez Monroy, M., Arellano, J., Hernández, G. and Villarreal, M.L. (2009). **"Transformed cell suspension culture of *Galphimia glauca* producing sedative nor-friedelanes"**. *Planta Medica* **75**: 1-7
29. Ramos-Vega, A.L., Dávila-Martínez, Y., Sohlenkamp, C., Contreras-Martínez, S., Encarnación, S., Geiger, O. and López-Lara, I.M. (2009). **"SMB20651 is another acyl carrier protein from *Sinorhizobium meliloti*"**. *Microbiology* **155** (1): 257-267.

30. Rincón-Rosales, R., Lloret, L., Ponce, E. and Martínez-Romero, E. (2009). **“Rhizobia with different symbiotic efficiencies nodulate *Acaciella angustissima* in Mexico including *Sinorhizobium mexicanum*”**. *FEMS Microb. Ecol.* **67**: 103-117
31. Resendis-Antonio, O. (2009). **“Filling kinetic gaps: dynamic modeling of metabolism where detailed kinetic information is lacking”**. *PLoS One* **4** (3): e4967
32. Rodríguez-Alvarez, M., Mendoza-Hernández, G., Encarnación, S., Calva, J.J. and López-Vidal, Y. (2009). **“Phenotypic differences between BCG vaccines at the proteome level”**. *Tuberculosis* **89** (2): 126-135
33. Rodríguez-Salazar, J., Suárez, R., Caballero-Mellado, J. and Iturriaga, G. (2009). **“Trehalose accumulation in *Azospirillum brasilense* improves drought tolerance and biomass in maize plants”**. *FEMS Microbiol. Lett.* **296** (1): 52-59
34. Sandoval-Calderón, M., Geiger, O., Guan, Z.Q., Barona-Gómez, F. and Sohlenkamp, C. (2009). **“A eukaryote-like cardiolipin synthase is present in *Streptomyces coelicolor* and in most Actinobacteria”**. *J. Biol. Chem.* **284** (26): 17383-17390
35. Schmeisser, C., Liesegang, H., Krysciak, D., Bakkou, N., Le Quéré, A., Wollherr, A., Heinemeyer, I., Morgenstern, B., Pommerening-Röser, A., Flores, M., Palacios, R., Brenner, S., Gottschalk, G., Schmitz, R.A., Broughton, W.J., Perret, X., Strittmatter, A.W. and Streit, W.R. (2009). **“*Rhizobium* sp. strain NGR234 possesses a remarkable number of secretion systems”**. *Appl. Environ. Microbiol.* **75** (12): 4035-4045

Artículos publicados en revistas nacionales

- Garza-Ramos, U., Silva-Sánchez, J. y Martínez-Romero, E. (2009). **“Genética y genómica enfocadas en el estudio de la resistencia bacteriana”**. *Salud Pública de México* **51**: S439-S446.
- Zuno-Floriano, F., Estrada-de los Santos, P., Muñoz-Ruiz, C.V., Gallegos-Infante, J.A., Rocha-Guzman, N.E., Aldana-Madrid, M.L., Virgen-Calleros, G. y Miller, M.G. (2009). **“Inoculación *in vitro* de *Pseudomonas* sp. a plantas de papa (*Solanum tuberosum* L.)”**. *Terra Latinoamericana* **27**: 207-217.

OTROS PRODUCTOS

Capítulos en libros

Aparicio Gabriel, Blanco Fernando, Blanquer Ignacio, Bonavides César, Chaves Juan Luis, Embid Miguel, Hernández Álvaro, Hernández Vicente, Isea Raúl, Lagares Juan Ignacio, Aldama Daniel L., Mayo Rafael, Montes Esther, Mora Henry Ricardo. **“Developing biomedical applications in the framework of EELA”** In: (eds.) Udoh Emmanuel and Frank Zhigang Wang, *“Handbook of Research on Grid Technologies and Utility Computing: Concepts for Managing Large-Scale Applications”*, IGI Global, pp. 206-218. ISBN 978-1-60566-184-1 (hardcover) & ISBN 978-1-60566-185-8 (ebook)

Ceccon E, García-Barrios R. and Toledo, I., (2009). "Lecciones en la vinculación universitaria **con una comunidad rural: la Estación de Restauración Ambiental del Río Tembembe en México**". In: *Territorios y Sociedades en un Mundo en Cambio*. Barcelona: Universitat de Barcelona. Francisco López Palomeque y Julio Guadarrama (Eds.).

Artículos en memorias internacionales

Agustín Reyes-Pérez, Magdalena Hernández and Sergio Encarnación. **“Proteome analysis of the different stages of the Biofilm formation in *Rhizobium etli*.”** HUP0 2009 World Congress, Toronto Ca, September 25th, 2009. *Clinical Proteomics*, Vol. 5, Supplement 1, 2009. Page 107

O. Resendis-Antonio. **“Modeling metabolic networks in cancer cells”**. Cancer Systems Biology: Molecular Mechanisms and mathematical modeling. Transatlantic Summer School. 2009, Germany.

PARTICIPACIÓN EN CONGRESOS POR INVITACION

Internacionales

Japan-Mexico Workshop on “Pharmacobiology” and “Nanobiology”, Febrero 25-27, 2009. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Mexico D. F.

- David Romero. **“It takes two to tango: gene conversion in the *Rhizobium* genome”**.

Phaseomics VI Meeting. Pontevedra, Spain. May 21-23, 2009

- Hernández G, Valdés-López O, Ramírez M, Girard L, Sánchez F, Reyes JL, Graham PH, Vance CP.
“Bean genomics: Functional genomics of abiotic stress response”. (Conferencia inaugural)

16th International Congress on Nitrogen Fixation. Big Sky, Montana. USA. June 14-19, 2009

- Hernández G, Valdés-López O, Ramírez M, Girard L, Sánchez F, Reyes JL, Graham PH, Vance CP. **“Functional genomics of common bean plants in symbiosis with rhizobia under abiotic stress conditions”**.

XIV International Congress on Plant-Microbe Interactions. Quebec City, Canada. July 19-23, 2009.

- Valdés-López O, Graham PH, Reyes JL, Vance CP, Hernández G. **“Identification of nodule-responsive microRNAs from common bean (*Phaseolus vulgaris*) in symbiosis with *Rhizobium tropici* under abiotic stress conditions”**.

The 10th International Congress of Ecology. INTECOL. 18-23 de Agosto del 2009 en Brisbane, Australia.

- E. Cecon, R. García Barrios, I. Toledo, P. Hernández, A. Almazo-Rogel, I. Sánchez, A. Morales, E. Ramírez. A. Galindo, R. Vazquez-Perales. **“Linking university research with a rural community through ecological restoration in a seasonally topical dry forest in Mexico”**.

1st International INCT Symposium on Biological Nitrogen Fixation. Curitiba, Brazil. September 13 – 15, 2009.

- Hernández G, Valdés-López O, Ramírez M, Girard L, Sánchez F, Reyes JL, Graham PH, Vance CP. **“Functional genomics of common bean plants in symbiosis with rhizobia under abiotic stress conditions”**.

14th N-cycle meeting. Alicante, Esp. Septiembre 16 – 18, 2009.

- David Zamorano-Sánchez, Nicolás Gómez-Hernández, J.M. Uriel Urquiza García and Lourdes Girard. **“*Rhizobium etli* gene expression in response to oxygen concentration: role of the *fnr*-type regulators”**.

13th Evolutionary Biology Meeting. Marsella, Francia, 22-26 de Septiembre de 2009.

- Esperanza Martínez-Romero and Ernesto Ormeño-Orrillo. **“Different evolutionary histories of symbiotic genes and rhizobial chromosomes, implications for legume evolution and specificity”**

Summer School on Advanced Techniques on Bacterial Genome Research. (CeBitech) Bielefeld University, Bielefeld, Alemania. Septiembre 28-Octubre 3, 2009.

- Peralta, H., Guerrero, G., Aguilar, A., Jaime Mora. **“Analysis of function and evolution in orthologs of Rhizobiales”**.

Symposium on Membranes and Cellular Lipid Regulation. October 2-3, 2009, Harvard Medical School, Boston, MA, USA

- Geiger O. **“Entering in Symbiosis with *Rhizobium*”**. (Conferencia magistral)

13th National Congress of Biochemistry and Plant Molecular Biology & 6th Symposium Mexico – USA. Guanajuato, Gto. México. November 9 – 13, 2009.

- Hernández G, Valdés-López O, Ramírez M, Aparicio-Frabre R, Fuentes SI, Arellano J, Girard L, Sánchez F, Reyes JL, Goffard N, Weiller G, Erban A, Kopkka J, Udvardi M, Graham P, Vance CP. **“Functional genomics of common bean responses to abiotic stress”**.
- A. López-López, M.A. Rogel, J. Martínez and E. Martínez-Romero. **“Seed-borne endophytic bacteria of two contrasting cultivars of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)”**

Bacterial Regulatory Networks Meeting. Baeza, España, 11-14, Nov, 2009

- J. Collado. **“A bioinformatic platform for integrative studies of the *E. coli* K12 gene regulation network”**

BioPAX Workshop, 2009. MSKCC. New York, USA. Noviembre, 2009

- Irma Martínez-Flores, Verónica Jimenez-Jacinto, Alejandra López-Fuentes, Julio Collado-Vides **“Translate data from RegulonDB into BioPAX format”**

Nacionales.

Expo Agro Internacional Sinaloa 2009 INIFAP-Valle de Culiacán. Culiacán, Sin., 4-7 de febrero de 2009

- Humberto Peralta. **“Eficiencia de biofertilizantes microbianos en México. Resultados recientes de campo”**.

Simposio de Evolución Molecular. CINVESTAV Irapuato. 13 Febrero 2009.

- Pablo Vinuesa. **“Aproximación filogenómica al desarrollo de marcadores moleculares para estudios de microbiología ambiental y evolutiva”**.

Primer Congreso “ Complejidad, Ciencia y Sociedad: Nuevas agendas para la reflexión y la investigación”. Cocoyoc, Morelos. 24 de febrero de 2009.

- César Rodríguez Sánchez. **“Maestros de Secundaria en Morelos”**.

Simposium multidisciplinario Académico. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 23-27 de marzo del 2009.

- Heladia Salgado. **“Servicios web en bioinformática”**

VI Reunión de la Sociedad Mexicana de Astrobiología. Instituto de Astronomía, UNAM, México 16-17 de Junio del 2009

- Pablo Vinuesa. **“Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y evolutiva, usando aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo”.**

XIII Congreso Nacional de Biotecnología y Bioenergía y VI Simposio Internacional de Producción de Alcoholes y Levaduras. Acapulco, Guerrero. 21-26 de junio 2009.

- Esperanza Martínez-Romero. **“Management and biofertilization towards sustainable production of *Jatropha curcas* for biodiesel production”.**
- Caballero-Mellado, J., J. Onofre-Lemus, A. Wong-Villarreal, R. Castro-González, P. Estrada-de los Santos, J. Rodríguez-Salazar, R. Suárez, G. Iturriaga y L. Martínez-Aguilar. **“Mecanismos involucrados en la promoción del crecimiento de las plantas expresados por nuevas especies de *Burkholderia* fijadoras de nitrógeno”.**

Taller sobre Aplicación, Producción y Control de Calidad de Biofertilizantes y Reunión Regional sobre Recursos Genéticos Microbianos, Zona Sur. Oaxaca, Oax., 1-3 de Julio de 2009.

- Esperanza Martínez-Romero. **“Inoculantes microbianos a base de *Rhizobium*”.**

“La experiencia de la Influenza” 9-10 Septiembre de 2009. México.

- Pablo Vinuesa. **“Análisis automatizado de la diversidad molecular de secuencias de virus de influenza A/H1N1 depositadas en GenBank”.**

5º Simposio Fronteras del Conocimiento en Tuberculosis y otras Micobacteriosis “Dr. Joseph Colston”. Facultad de Medicina, UNAM. 19 y 20 de octubre del 2009.

- Pablo Vinuesa. **“Estima de la diversidad molecular de micobacterias ambientales en ríos de Morelos usando aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo”.**

Congreso Nacional de Genética 2009. Xalapa, Veracruz, 6-10 de octubre de 2009.

- Cevallos MA. **“La genética de los plásmidos *repABC*”.** (Conferencia Inaugural)
- E. Martínez-Romero, M. Rosenblueth, E. Ormeño, T. Rosas, S.T. Ramírez Puebla, L. Sayavedra, A. Roth, M. López Guerrero, I. Toledo, R. Díaz Méndez, J. Mora, A. López López, M.A. Rogel, J. Martínez. **“Bacterias benéficas de plantas e insectos: de la diversidad genética a la genómica”.**

Simposio: Biodiversidad-Enfoques En Biología Molecular. 19-23 de Octubre del 2009, CICY, Mérida, Yucatán

- Pablo Vinuesa. **“Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de bacterias”**.

3er Simposio Mexicano de espectrometría de masas, proteómica celular y molecular. 8-12 de Noviembre del 2009 San Luis Potosí S.L.P., México.

- Sergio Encarnación. Simposio: **“Proteómica de Microorganismos”** (Moderador)
- Sergio Encarnación, Juan Carlos Higareda, Alberto Checa Rojas, Magdalena Hernández y Alberto Carlos Ramírez Torres. **“Proteomics for gynecological cancer study”**.
- Sergio Encarnación, Magdalena Hernández, Gabriel Martínez-Batallar, Osbaldo Resendis, Sandra Contreras, Niurka Meneses, Guillermo Mendoza, Yesenia Herrera, María del Carmen Vargas and Yolanda Mora. **“Proteoma, Phosphoproteome and Secretome in *Rhizobium etli*”**.
- Martínez Obregón F, Herrera Salgado Y., Contreras S. and Encarnación Guevara S. **“Phosphoproteome Analysis of the *Saccharomyces cerevisiae* in the answer to oxidative stress”**.
- Flores-Pérez Elsa C, Mares –Álvarez Daniela P, Flores-Altamirano Fátima, Ramírez-Emiliano Joel, López- Briones Sergio, Encarnación Sergio y Pérez-Vazquez Victoriano. **“Differential Proteomic analysis in liver of diabetic DB/DB mice”**

XVI Congreso de Bioenergética y Biomembranas de la Sociedad Mexicana de Bioquímica. 8-13 de noviembre del 2009, Boca del Río, Veracruz, México.

- Pech-Canul, A., Miranda-Molina, A., Álvarez-Berber, L, Soto, M.J., Geiger, O., y López-Lara, I.M. **“La acil-coenzima A sintetasa SMc02162 desempeña una función importante en el reciclaje de ácidos grasos en *Sinorhizobium meliloti*”**.

Reunión Nacional de SUBNARGEM. México, D.F. 2-4 de Diciembre de 2009

- E. Martínez-Romero. **“Germoplasma Microbiano como Recurso Genético para su Aplicación en Agricultura, Alimentación y Ambiente”**.

V Seminario y Taller Internacional de Colecciones Microbianas “La importancia de la Conservación de Cepas”. México, D.F., 7-9 de Diciembre de 2009.

- E. Martínez-Romero. **“Colecciones de bacterias fijadores de nitrógeno”**.

PRESENTACIONES LIBRES EN CONGRESOS.

Internacionales.

3rd International Biocuration Meeting. Berlin, Alemania. Abril 16-19 abril, 2009.

- Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Bonavides-Martínez C., Muñoz-Rascado L., Solano-Lira H., Huerta A., Medina-Rivera A., Salgado H., Martínez-Flores I., Morett E.1, Keseler IM.2, Collado-Vides J. **“RegulonDB: The computationally modeled bioinformatic platform available to systems and integrative studies of the *E. coli* K-12 cell regulatory repertoire”**

109th General Meeting of the American Society for Microbiology. Philadelphia, USA. Mayo 17-21 2009.

- Contreras-Moreira, B., Sachman-Ruiz, B. Figueroa-Palacios, I., and Vinuesa, P. **“primers4clades: a web server that uses phylogenetic trees to design clade-specific PCR primers for metagenomic and diversity studies”**.
- Sachman, B., Castillo-Rodal, A.I., López-Vidal, Y., Martínez-Romero, E., Vinuesa, P. **“Diversity of Environmental Mycobacteria in Mexican Rivers Assessed by Cultivation and Metagenomic Approaches”**.

Phaseomics VI Meeting. Pontevedra, Spain. Mayo 21-23, 2009

- Panzeri D, Tagliabue G, Martinelli T, Ramírez M, Valdés-López O, Hernández G, Sparvoli F. **“Functional and physiological characterization of the bean *lpa-280-10* mutant”**.

Transatlantic Summer School. Rostock-Warnemunde, Germany. Junio 7-10, 2009.

- Resendis O. **“Cancer Systems Biology: Molecular Mechanisms and mathematical modeling”**.

16th International Congress on Nitrogen Fixation. Big Sky, Montana, USA. Junio 14-19, 2009.

- T. Villaseñor, S. Brom, A. Dávalos, D. Romero and A. García-de los Santos. **“Functional characterization of plasmid-borne genes required for growth of *Rhizobium etli* CFN42 in minimal medium”**.
- Ramírez M, Valdés-López O, Fuentes SI, Hernández G. **“Transcriptional analysis of bean nodules under oxidative stress”**.
- Reddy PM, Silvente S, Khandual S, Alvarado-Affantranger X, Blanco L, Fuentes S, Hernández G, Sánchez F, Lara-Flores M. **“Functional analysis of the cis-elements in the promoters of C and N metabolism genes in common bean”**.

- Acosta, J. L., Santamaría, R, I., Bustos, P., Fernández, J. L., Eguiarte, L., Dávila, G., and González, V. **“Detection and analysis of homologous recombination in *R. etli* genomes”**.
- Ciro A. Cubillas, Miguel A. Ramírez, and Alejandro García-de los Santos. **“Functional characterization of *Rhizobium etli* plasmid-encoded genes required for nickel and cobalt resistance”**.

3rd ASM Conference on Prokaryotic Development. Cambridge, MA, USA. Junio 30 – Julio 3, 2009.

- Geiger, O., Zavaleta-Pastor, M., Sohlenkamp, C. and López-Lara, I. M. **“A phospholipase from *Sinorhizobium meliloti* degrades its zwitterionic membrane phospholipids under phosphorus-limiting conditions”**.

XIV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions. Quebec, Canada. Julio 19-23, 2009.

- Silvente S, Reddy PM, Mariano N, Blanco L, Lara M. **“Gene expression and changes in carbohydrate and nitrogen metabolism in bean nodules during nitrate exposure”**.
- Nicolás Gómez-Hernández, Alma Reyes-González, Cristina Sánchez, Yolanda Mora, María J. Delgado, and Lourdes Girard. **“*R. etli* CFN42 responds to nitrogen oxides through the reductases coding by *nirK* and *norC* genes”**.

FASEB Summer Conference on Genetic Recombination and Chromosome Rearrangements. Snowmass, CO, E.E.U.U. Agosto 2-7, 2009.

- Castellanos, M. and D. Romero. **“The extent of migration of the Holliday junction is a crucial factor for gene conversion in *Rhizobium etli*”**.

The 2009 Molecular Genetics of Bacteria and Phages Meeting. Madison, WI, USA. Agosto 2-7, 2009.

- Landeta, C., A. Dávalos, M. A. Cevallos, V. González, C. Sohlenkamp, O. Geiger, S. Brom, and D. Romero. **“An essential role of plasmid p42e in *Rhizobium etli* survival”**.

2nd World Summit on Evolution. Islas Galápagos, Ecuador. Agosto 22-26, 2009.

- Rafael Díaz, M. del Carmen Vargas, Miguel A. Villalobos, Lourdes Girard and Jaime Mora. **“Analysis of Syntenic Gene Substitution in *Rhizobia* Species”**.

13th Evolutionary Biology Meeting, Marseilles, France. Septiembre 22-25, 2009.

- E. Martínez-Romero, E. Ormeño Orrillo. **“Different evolutionary histories of symbiotic genes and rhizobial chromosomes, implications for legume evolution and specificity”**.

HUPO 2009 World Congress, Toronto Canadá. Septiembre de 2009.

- Agustín Reyes-Pérez, Magdalena Hernández and Sergio Encarnación. **“Proteome analysis of the different stages of the biofilm formation in *Rhizobium etli*”**.

Plant Genomics European Meetings. Lisbon, Portugal. Octubre 7-10, 2009.

- Contreras-Moreira, B. and Vinuesa, P. **“Cross-species primer design with primers4clades: probing chloroplast genes as phylogenetic markers”**.

VI Congreso Argentino de Microbiología General. Carlos Paz, Córdoba, Argentina. Octubre 21-23, 2009.

- Boeris, P.S., Liffourrena, A.S., Salvano, M.A., López-Lara, I.M., Lucchesi, G.I. **“Phosphatidylcholine synthase is involved in the synthesis of phosphatidylcholine in *Pseudomonas putida* A ATCC 12633 grown with tetradecyltrimethylammonium and Al³⁺”**.

International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009. Quintana Roo, México. Octubre 26-29, 2009.

- Julio Collado. **“Regulation of gene expression: At the cross roads of novel high throughput studies, conceptual design and dynamical modeling”**.
- Irma Martínez-Flores, Verónica Jiménez-Jacinto, Alejandra C. López-Fuentes, Julio Collado-Vides. **“Expanding BioPAX format by integrating gene regulation”**.
- Verónica Jiménez-Jacinto, Leticia Vega-Alvarado, Blanca Itzel Taboada. Alfredo Mendoza-Vargas, Ricardo Grande-Cano, Julio Collado, and Enrique Morett. **“Work Flow for the massive analysis of new transcription start sites in bacterial genomes”**
- Yalbi Itzel Balderas-Martínez, Alberto Santos-Zavaleta, Heladia Salgado, Julio Collado-Vides. **“The necessity of clarifying concepts and terms related to transcriptional regulation in bacteria.**
- Enrique Balleza Davila, Agustino Martínez-Antonio and Julio Collado. **“Stable transcriptional states in *Escherichia coli*: a sketch of its transcriptomic landscape”**
- Martín Peralta-Gil, Alberto Santos-Zavaleta, Socorro Gama-Castro, Verónica Jiménez-Jacinto, César Bonavides-Martínez, Luis Muñoz-Rascado, Hilda Solano-Lira, Araceli Huerta, Alejandra Medina-Rivera, Heladia Salgado, Irma Martínez-Flores, Enrique Morett, Ingrid Keseler, Julio Collado-Vides. **“REGULONDB: A new window to the genetic regulation of *Escherichia coli* K-12”**.
- Heladia Salgado, Verónica Jiménez-Jacinto, Luis J. Muñoz-Rascado, Hilda Solano, Irma Martínez-Flores, César Bonavides-Martínez, Shirley Alquicira-Hernández, Jair S. García-

Sotelo, Liliana Porrón, Alejandra C. López-Fuetes, Víctor Del-Moral, Julio Collado-Vides. **“RegulonDB: challenges and strategies for modeling genetic regulation within a genomic perspective”**.

- Romualdo Zayas-Lagunas, César Augusto Bonavides, Víctor Manuel del Moral, Alfredo José Hernández, Heladia Salgado, Santiago Sandoval, Jason Gunther Lomnitz, José M.Uriel Urquiza, María Guadalupe Loza, Julio Collado. **“The Mexican National node of Bioinformatics, EMBNET: History and perspective”**
- Resendis O. **“Bioinformatics for High Throughput Technologies and the Interface of Bioinformatics and Systems Biology”**.

Congres International: Biotechnologie Microbienne au Service du Developpement (Microbioid) Marrakech, Marruecos. Noviembre 2-5, 2009.

- C. Talbi, M.J. Delgado, L. Girard, J. Caballero-Mellado and E.J. Bedmar. **“Molecular characterization of *Burkholderia* species isolated from *Phaseolus vulgaris* grown in Morocco dry areas”**.

13th National Congress of Biochemistry and Plant Molecular Biology & 6th Symposium Mexico – USA. Guanajuato, Gto. México. Noviembre 9 – 13, 2009.

- Barroso ML, Arellano J, Hernández G, Quinto C, Cárdenas L. **“Expression of novel molecular probes for measuring intracellular calcium and reactive oxygen species in living root hair cells”**.
- Martínez L, Barroso ML, Arellano J, Hernández G, Quinto C, Cárdenas L. **“Expression of molecular probes to visualize intracellular calcium in living legume root hair cells”**.
- Ramírez M, Valdés-López O, Fuentes SI, Hernández G. **“Transcriptional analysis of bean nodules under oxidative stress”**.
- Ramírez, M., Valdes-López, O., Fuentes, S.I. and Hernadez,G. **“Transcriptomic of bean nodules under oxidative stress”**.
- Silvente S, Reddy PM, Mariano N, Blanco L, Lara M. **“Gene expression and changes in carbohydrate and nitrogen metabolism in bean nodules during nitrate exposure”**.

Workshops “Current Trends in Biomedicine” 2009. Baeza, España. Noviembre 12-14, 2009

- Yalbi Itzel Balderas-Martínez, Julio Collado-Vides. **“Functional classification of transcription units based on inducible and repressible systems in *Escherichia coli* K-12”**.

Annual Meeting of the Proteomics Society “Proteome Dynamics: Protein Quantification in Time and Space”. Zurich Suiza. Diciembre 2-4, 2009.

- Niurka Meneses, Guillermo Mendoza-Hernandez and Sergio Encarnación. **“Extracellular Proteome of *Rhizobium etli* CE3 in Exponential and Stationary Phase of Growth”**.

Nacionales

Segunda Reunión de Investigación en Bioenergía. Cuernavaca, Mor. Enero 30, 2009.

- Esperanza Martínez-Romero, Ivonne Toledo, Jorge Islas, Jorge Martínez. **“Introducción y riesgos ecológicos de las plantaciones para biodiesel”**.
- R. Vázquez-Perales, J. Islas, E. Martínez-Romero, I. Toledo, J. Aguillón, R. García-Barrios. **“Producción sustentable de energía mediante una plantación energética: el caso de Cuentepec”**.

XIII Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería, VII Simposio Internacional de Producción de Alcoholes y Levaduras (SIPAL). Acapulco, Gro. México. Julio 21 - 26 de Julio, 2009.

- Concepción Chino Flores, Enrique Sanchez Salinas, Ma. Laura Ortiz Hernández, Rafael Díaz Méndez, Miguel A. Ramírez Romero, Edgar Dantán González. **“Análisis transcripcional del promotor que regula el gen *mcp* (Catabolism of Methyl Parathion) por proteínas CRP y CpxR”**.

Congreso Nacional de Genética 2009. Xalapa, Ver., México. Octubre 6-10, 2009

- César Rodríguez Sánchez y David Romero Camarena. **“Mutantes en recombinación (*addAB* y *recF*) en conversión génica (CG) asociada a cointegración en *Rhizobium etli* CFN42”**.

XXXIV Congreso Nacional de la Asociación Mexicana de Infectología y Microbiología Clínica. Guadalajara, Jal. Octubre 8 al 11, 2009.

- Orduña-Estrada, P., Barrios-Camacho H., Cevallos, MA, Ponce de León S., López-Vidal Y. **“Secuenciación genética de la subcepa *M. bovis* BCG México 1931”**.

VI Reunión Nacional de la Red Mexicana de Bioenergía y Simposio Internacional de Proyectos Bioenergéticos. Querétaro, Qro. Octubre 26 - 29 de 2009.

- Ivonne Toledo García, Juan Carlos Ocampo Ocampo, Jorge Islas Samperio, Fabio Manzini, Consuelo Bonfil Sanders, Esperanza Martínez-Romero. **“Caracterización y manejo de 24 ecotipos de *J. curcas* (L) en dos escenarios contrastantes”**.

3er Simposio Mexicano de espectrometría de masas, proteómica celular y molecular. San Luis Potosí, México. Noviembre 8-12, 2009.

- Y. Herrera-Salgado, S Contreras, M. Elizalde, A. G. Martínez, M. Hernández and Sergio Encarnación. **“Enrichment of phosphopeptides by metal organic affinity chromatography (MOAC) using TIO₂/NUTIP”**
- Juan Carlos Higareda Almaraz, Magdalena Hernández Ortiz, Sergio Encarnación. **“Analysis of the global patterns of protein expression in cellular lines of cervical uterine cancer”**.
- Andrade-Domínguez A., Trejo Hernández A., Meneses Moreno N., Romero Martínez S.A., Encarnación Guevara S. **“Extracellular protein-protein interactions in mixed species biofilms”**.
- Trejo-Hernández A., Andrade Domínguez A., Hernández Ortiz M., Encarnación Guevara S.M. **“Proteomic analysis of mixed biofilm *Candida albicans*-*Pseudomonas aeruginosa*”**.
- Niurka Meneses Moreno, Guillermo Mendoza Hernández, Andrés Andrade Domínguez and Sergio Encarnación Guevara. **“Extracellular proteome of *Rhizobium etli* in exponential and stationary growth phase”**.
- Magdalena Hernández Ortiz, Ángel Gabriel Martínez-Batallar, Sandra Contreras-Martínez, Agustín Reyes-Pérez, Yolanda Mora, and Sergio Encarnación. **“*Rhizobium etli* phosphoproteome during free life and symbiosis metabolism”**.
- Reyes-Pérez Agustina, Hernández Ortiz Magdalena, Martínez –Batallar Angel Gabriel, Aguilar-Vera Alejandro, Vargas-Lagunas María del Carmen and Encarnación Guevara Sergio. **“Proteomics analysis in biofilm formation in *Rhizobium etli* CE3: a screening of different stages”**.
- Arturo Guevara-García, Gabriel Martinez Batallar, Maricela Ramos-Vega, Odette Avendaño Vazquez, Carolina San Román, Patricia León & Sergio Encarnación Guevara. **“Comparative proteomics of chloroplast biogenesis affected *Arabidopsis thaliana* mutants”**.

Simposio Nacional de detección molecular de microorganismos. Puebla, México. Diciembre 3, 2009.

- Chino Flores Concepción, Sanchez Salinas Enrique, Ortiz Hernández Ma. Laura, Díaz Méndez Rafael y Dantan González Edgar. **“Identificación y caracterización molecular de bacterias aisladas de suelos agrícolas contaminados con plaguicidas organofosforados”**.

PARTICIPACIÓN DIRECTIVA EN SOCIEDADES CIENTÍFICAS.

- 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 (2006 –a la fecha).
- 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).
- La Dra. Esperanza Martínez Romero es miembro del International Advisory Board del International Symposium of Nitrogen Fixation with Non Legumes.
- El Dr. Jesús Caballero Mellado es 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 a la fecha.
- La Dra. Georgina Hernández Delgado fue Miembro del International Scientific Advisory Board de “Phaseomics VI” Pontevedra, España. Mayo 21-23, 2009. Miembro del International Advisory Board del 16th International Congress on Nitrogen Fixation. Big Sky, Montana. USA. June 14 – 19, 2009. Miembro del Editors Committee del 13th National Congress of Biochemistry and Plant Molecular Biology & 6th Symposium Mexico – USA. Guanajuato, Gto. México. November 9 – 13, 2009.
- El Dr. Guillermo Dávila Ramos es Miembro del International Scientific Advisory Board of the 9th European Nitrogen Fixation Conference, Ginebra, Suiza. 2010.

PARTICIPACIÓN EN COMISIONES DICTAMINADORAS O EVALUADORAS.

- **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. Año 2009.

Integrante de la Subcomisión Tecnológica del Sistema Nacional de Investigadores (2009).

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

Integrante del Comité Científico del Premio AgroBIO 2009 a la Investigación de Biotecnología Agrícola. Octubre, 2009.

- **Dr. Miguel Ángel Cevallos Gaos.**

Integrante de la Comisión Dictaminadora del Área de Ciencias Exactas e Ingeniería (UAEM). 2008-2009

- **Dr. Sergio M. Encarnación Guevara.**

Integrante de la Comisión Evaluadora del PRIDE del CCG (2006-2009)

- **Dr. Otto Geiger.**

Evaluador de Donativos del HSFP (Human Frontier Science Program) – Unión Europea, NWO (Nederlandse Organisatie voor Wetenschappelijk Onderzoek) – Países Bajos y de The Royal Society, Reino Unido.

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

- **Dra. Ma. de Lourdes Girard Cuesy.**

Integrante de la Comisión Evaluadora del PRIDE del CCG (2006-2009)

- **Dra. Georgina Hernández Delgado.**

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. Desde Agosto, 2008.

Integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Ecología, UNAM. Desde Agosto, 2009.

- **Dra. Isabel M. López Lara.**

Evaluador Experto en la Subcomisión de Joven Investigador de la Comisión de Biotecnología y Ciencias Agropecuarias. Convocatoria Ciencia Básica 2008. Año 2009.

- **Dra. Esperanza Martínez Romero.**

Integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Investigaciones Biomédicas-UNAM, 23 de Marzo de 2006 – a la fecha.

- **Dr. David Romero Camarena.**

Integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Ecología, UNAM (Fuente de designación: Personal Académico). Del 2 de mayo de 2005 al 19 de marzo de 2009.

Integrante de la Comisión Evaluadora del PRIDE en el IBt-UNAM. De octubre de 2005 al 19 de marzo de 2009.

Integrante de la Comisión Dictaminadora del Instituto de Fisiología Celular, UNAM (Fuente de designación: Personal Académico). De Febrero de 2009 a Marzo 19, 2009.

Miembro de la Comisión de Admisión de la Academia de Ciencias de Morelos, A. C., De enero de 2008 a la fecha.

Jurado del Premio de Investigación Médica “Dr. Jorge Rosenkranz” 2009, en el área básica. Junio de 2009.

PARTICIPACIÓN EDITORIAL EN REVISTAS INTERNACIONALES Y NACIONALES.

- La Dra. Esperanza Martínez-Romero es Miembro del Comité Editorial del Journal of Bacteriology, del Applied and Environmental Microbiology, del ISME Journal y del 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.
- El Dr. Otto Geiger fue invitado fungir como Editor Asociado de la revista BMC Microbiology a partir del 1° de diciembre del 2009.

DONATIVOS A PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

| INSTITUCION | RESPONSABLE/ CORRESPONSABLE | PROYECTO | VIGENCIA | MONTO RECIBIDO EN EL 2009 |
|-------------|--|---|--------------------------|---------------------------------|
| CONACYT | Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann | 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 biósfera Sierra de Huautla Mor, México | 27-06-2007 27-09-2010 | \$ 250,000.00 |
| CONACYT | Dr. Sergio Manuel Encarnación Guevara | Estudio del fosfoproteoma de <i>Rhizobium etli</i> en vida libre y durante la simbiosis con <i>phaseolus vulgaris</i> | 27-06-2007 26-06-2009 | \$334,306.00 |
| CONACYT | Dr. Sergio Manuel Encarnación Guevara | Identificación de proteínas biomarcadores en líneas celulares HPV 16 positivas del cáncer cervicouterino | 15/11/2008 14/07/2009 | \$ 42,000.00 |
| CONACYT | Dra. Esperanza Martínez Romero | Ecología evolutiva de micobacterias ambientales en el Río Apatlaco | 15/05/2007 14/05/2010 | 217,000.00 |
| CONACYT | Dra. Isabel María López Lara | Diversidad de productos de las sintasas de ácidos grasos y de policétidos de <i>Sinorhizobium meliloti</i> | 15-09-2006 14-09-2009 | \$ 257,099.00 |
| CONACYT | Dr. Miguel Ángel Cevallos Gaos | Efecto de la composición lipídica de la membrana de <i>Sinorhizobium meliloti</i> en posición del replisoma y del septum. | 15/11/2008 14/07/2009 | 42,500.00 |
| CONACYT | Dr. Michael Frederick Dunn | Rizavadina (RAVA), una proteína extracelular ligadora de biotina producida por <i>Rhizobium etli</i> CE3: Construcción y utilización de una cepa sobreproductora en estudios de competitividad por nodulación y eficiencia simbiótica en frijol. | 31/10/2008 30/10/2009 | \$ 100,000.00 |
| CONACYT | Dr. Otto Geiger | Síntesis de membrana <i>in vitro</i> : Un paso hacia la biología sintética. | 1-02.2009 31/01/2010 | 42,500.00 |
| CONACYT | Dr. Otto Geiger | Ciclos de lípidos membranales en Rizobios y sus contribuciones a la señalización. | 30/11/2008 01/10/2009 | \$1,830,408.00 |
| CONACYT | Dra. Irma Martínez | Construcción y análisis de la red de regulación de los small RNAs en <i>Escherichia coli</i> K-12. | 31-10-2008 30/10/2009 | \$ 99,997.00 |
| CONACYT | Dr. Miguel Ángel Ramírez | Análisis del Sigmulon dependiente del sigma 70 en α -proteobacteria. | 30/11/2008 30/18/2009 | \$ 130,000.00 |
| CONACYT | Dr. Osbaldo Resendis | Biología de sistemas en | 30/11/2008 | 284,900.00 |

| | | | | |
|---------|--|---|--------------------------|---------------|
| | | <i>Rhizobium etli</i> : modelaje e integración con tecnología genómica. | 30/09/2011 | |
| CONACYT | Dra. María de Lourdes Girard Cuesy | Análisis de la expresión global de <i>Rhizobium etli</i> mediada por los reguladores StoRd y StoRf | 31/10/2008 30/10/2009 | \$ 100,000.00 |
| CONACYT | Dra. Georgina Hernández | Vías de señalización en las respuestas de frijol al estrés abiótico. | 30/11/2008 29/09/2011 | \$ 336,000.00 |
| CONACYT | Dra. Georgina Hernandez | Apoyo complementario para la realización de la conferencia "IV International Conference on Legume Genomics and Genetics" | 14/07/2008 30/10/2009 | \$ 172,800.00 |
| DGAPA | Dra. Susana Brom Klanner/ David Romero Camarena | Transferencia horizontal y generación de diversidad en plásmidos de <i>Rhizobiaceas</i> | 01/01/2009 31/12/2011 | \$ 200,000.00 |
| DGAPA | Dr. Miguel Ángel Cevallos Gaos | Análisis genético y molecular de la regulación postraduccional de una proteína iniciadora de la replicación: el caso de RepC de los plásmidos <i>repABC</i> | 01/01/2008 31/31/2010 | \$ 150,000.00 |
| DGAPA | Dr. José Guillermo Dávila Ramos | El papel de los bacteriófagos en la microevolución de <i>Rhizobium etli</i> . | 01/01/2008 31/12/2010 | \$ 199,570.00 |
| DGAPA | Dr. Frederick Dunn | Genómica funcional de la biosíntesis de la arginina en <i>Sinorhizobium meliloti</i> : enzimas para la acetilación de glutamato y la utilización de N-acetilglutamato | 01/01/2008 31/12/2010 | \$ 181,090.00 |
| DGAPA | Dr. Sergio Manuel Encarnación Guevara | Análisis del fosfoproteoma de <i>Rhizobium etli</i> en la vida libre y la simbiosis. | 01/01/2007 31/12/2009 | 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 | \$ 160,000.00 |
| 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 | Dra. Georgina Hernández Delgado | Genómica funcional de la adaptación al estrés abiótico en frijol. | 01/01/2007 31/12/2009 | \$ 200,000.00 |
| DGAPA | Dr. Miguel Lara Flores | Estudio de los mecanismos moleculares de señalización del frijol durante el desarrollo de la simbiosis con <i>Rhizobia</i> . | 01/01/2007 31/12/2009 | \$ 191,000.00 |
| DGAPA | Dra. Esperanza Martínez Romero | Diversidad y genómica de endófitos y endosmbiontes | 01/01/2009 31/12/2011 | \$ 200,000.00 |
| DGAPA | Dr. Maheswara Reddy Pallavolu | Bioengineering nodulation signal transduction pathway for symbiotic nitrogen fixation in rice. | 01/01/2008 31/12/2010 | \$ 199,856.00 |
| DGAPA | Dr. Jaime Mora Celis | Análisis de la expresión y función de los genes sinténicos <i>argC</i> de <i>Rhizobiales</i> . | 01/01/2007 31/12/2009 | 200,000.00 |

| | | | | |
|-----------------------------------|---------------------------------|---|--------------------------|--------------------------------------|
| DGAPA | Dr. Miguel Ángel Ramírez Romero | Análisis de los regulones dependientes de los factores sigma RpoH1 Y RpoH2 en <i>Rhizobia</i> | 01/01/2007 31/12/2009 | 197,000.00 |
| DGAPA | Dr. Mario Ramírez Yañez | Análisis trascricional de la respuesta a estrés oxidativo en los simbioses: frijol y <i>Rhizobium</i> durante la fijación de nitrógeno. | 01/01/2008 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 | \$ 130,000.00 |
| DGAPA | Dr. Christian Sohlenkamp | El lípido A de bacterias gram negativas y sus efectos sobre las plantas. | 01/01/2007 31/12/2009 | \$ 200,000.00 |
| NATIONAL INSTITUTE HEALTH (NIGMS) | Dr. Julio Collado Vides | Gene regulation <i>E. coli</i> database integrated Modeling | 09/01/2008 08/31/2012 | \$ 2,280,075.81 (408,032.00 USD). |
| SRI INTERNATIONAL | Dr. Julio Collado Vides | Encyclopedia of <i>E. coli</i> Genes and Metabolism. | 30/06/2009 30/06/2010 | \$ 627,965.56 |
| COMUNIDAD ECONOMICA EUROPEA | Dr. Jesús Caballero Mellado | Manejo de microbios benéficos para las plantas para equilibrar la introducción de fertilizante en el monocultivo del maíz. | | \$ 468,893.10 M.N. 36,050.50 USD. |
| INSTITUTO DE ECOLOGIA, A.C. | Dra. Esperanza Martínez Romero | Conservation and Sustainable Management of Below-Ground Biodiversity, BGBD" | 1/05/2007 31/12/2009 | \$ 56,000.00 |

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.

4. FORMACIÓN DE RECURSOS HUMANOS Y DOCENCIA

GRADUADOS

Doctorado

1. Ana Laura Ramos Vega.
Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.
“SMb20651 es una proteína acarreadora de acilos de *Sinorhizobium meliloti*”.
Director de Tesis: Dra. Isabel M. López Lara.
13 de Marzo, 2009
2. Oswaldo Valdés López.
Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.
“Regulación transcripcional y post-transcripcional de las respuestas de frijol a estrés nutricional”.
Director de Tesis: Dra. Georgina Hernández Delgado.
15 de Octubre, 2009.
3. Santiago Castillo Ramírez
Doctorado en Ciencias Bioquímicas, UNAM.
“Análisis de la congruencia evolutiva de genes ortólogos de Rhizobiales”.
Director de Tesis: Dr. Víctor González Zúñiga
13 Noviembre 2009
4. Janette Onofre Lemus.
Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.
“Actividad ACC desaminasa y detección del gene *acdS* en especies del género *Burkholderia*, su expresión y efecto en asociación con la planta de tomate”.
Director de Tesis: Dr. Jesús Caballero Mellado.
20 de Noviembre, 2009
5. Mildred Castellanos Escamilla.
Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.
“Papel de las proteínas participantes en la migración del intermediario de Holliday en la conversión génica en *Rhizobium etli*”.
Director de Tesis: Dr. David R. Romero Camarena.
4 de Diciembre, 2009.
6. Hermenegildo Taboada Castro
Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.
“Una visión metabólica y genética de la síntesis de la tiamina durante el metabolismo aeróbico y fermentativo de *Rhizobium etli* CE3”
Director de Tesis: Dr. Sergio M. Encarnación Guevara.
4 de Diciembre, 2009

7. Olivier Couillerot
l'Université Claude Bernard-Lyon 1.
"Compatibilité des bactéries phytobénéfiques Azospirillum et Pseudomonas dans la rhizosphère"
Co-Director de Tesis: Dr. Jesús Caballero
4 de diciembre de 2009

Licenciatura en Ciencias Genómicas (Trabajo de Investigación para Titulación)

1. María Guadalupe Loza Correa
"Resurrección de una capacidad conjugativa críptica en el plásmido simbiótico de *Rhizobium etli*."
David R. Romero Camarena.
16 de Enero de 2009
2. Mario Sandoval Calderón
"Reconstruction of metabolic pathways in *Streptomyces coelicolor*: identification of missing genes in cardiolipin biosynthesis"
Christian Sohlenkamp (en codirección con Francisco Barona).
2 de Julio 2009
3. Alexandra Jazmín Roth Schulze
"Análisis filogenético de algunas especies de las coccoidea y de sus endosimbiontes"
Esperanza Martínez Romero
18 de Agosto de 2009
4. Luis Manuel Bolaños Avellaneda
"Análisis de la microbiota de dos especies simpátricas de alacranes de la ciudad de Cuernavaca"
Esperanza Martínez Romero
10 de Septiembre de 2009-
5. Sur Herrera Paredes
"Los genomas de los bacteriófagos como indicadores de sus relaciones con los hospederos"
José Guillermo Dávila Ramos
9 de octubre de 2009
6. Jorge Francisco Vázquez Castellanos
"Estimación y comparación de la variabilidad genética de cuatro loci (NFR1, PEP carboxilasa, DMI 3 y Calmodulina) en el frijol común, *Phaseolus vulgaris*"
Víctor Manuel González Zúñiga
3 de Diciembre de 2009

7. Libertad Pantoja Hernández
"Diseño y estrategias de implementación de un circuito sintético implicado en la extracción de níquel en *E. coli*"
Miguel Ángel Ramírez Romero.
11 de Diciembre de 2009

Licenciatura en Ciencias Genómicas (Titulación por Alto Desempeño Académico)¹
Fecha de titulación: 03 de junio

1. María Gutiérrez Arcelus
2. Carla Daniela Robles Espinoza
3. Lizbeth Sayavedra Camacho
4. Leonardo Collado Torres
5. Fares Osam Yáñez Cuna

¹ Se incluyen solamente los alumnos que realizaron su último año en la LCG adscritos a grupos del CCG

Licenciatura en Ciencias Genómicas (Titulación por Estudios de Posgrado)¹
Fecha de titulación: 09 de junio

1. Agustín Ávila Casanueva

¹ Se incluyen solamente los alumnos que realizaron su primer año de posgrado adscritos a grupos del CCG

Otras Licenciaturas

1. Shamayim Tabita Ramírez Puebla
Facultad de Ciencias, Biología-UNAM
"Excreción de riboflavina por bacterias asociadas a plantas en vida libre y en rizósfera".
Director de Tesis: Esperanza Martínez Romero
17 de Febrero de 2009
2. Paloma Lara Figueroa
Facultad de Ciencias, UAEM
"Estudio de la dinámica de la regulación por parte *inco* y *repC* sobre la replicación del *p42d* durante las fases de crecimiento de *R. etli*"
Director de Tesis: Miguel Ángel Cevallos
1° de Septiembre de 2009

PROGRAMA INSTITUCIONAL: CURSO PROPEDEÚTICO

Organizado y Coordinado por:

Semestre 2009-2: Dr. Otto Geiger.

Semestre 2010-1: Dr. Pablo Vinuesa F.

| Estudiante | Procedencia | Tutor |
|------------------------------|--------------------|-----------------------|
| <i>Semestre 2009-2</i> | | |
| Francisco Pedraza López. | LC-UAEM | Miguel A. Cevallos G. |
| Agustín Ávila Casanueva. | LCG-UNAM | Pablo Vinuesa F. |
| Pablo Rodríguez Bucheli T.T. | LCG-UNAM | Pablo Vinuesa F. |
| <i>Semestre 2010-1</i> | | |
| Bárbara Nova Franco | F. Biol. UAEM | Georgina Hernández D. |

DOCTORADO EN CIENCIAS BIOMÉDICAS

Entidades participantes

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

Tutores acreditados por el CCG

Tutores adscritos al CCG

| | | |
|-----|-----------------------------------|----------------------------|
| 1. | Brom Klanner Susana | Inv. Tit. B |
| 2. | Caballero Mellado Jesús | Inv. Tit. C |
| 3. | Cevallos Gaos Miguel Ángel | Inv. Tit. C |
| 4. | Collado Vides Pedro Julio | Inv. Tit. C |
| 5. | Dávila Ramos José Guillermo | Inv. Tit. C |
| 6. | Dunn Goelli Michael | Inv. Tit. A |
| 7. | Encarnación Guevara Sergio Manuel | Inv. Tit. B |
| 8. | García de los Santos Alejandro | Inv. Tit. A |
| 9. | Geiger Otto | Inv. Tit. C |
| 10. | Girard Cuesy María de Lourdes | Inv. Tit. A |
| 11. | González Zúñiga Víctor Manuel | Inv. Tit. B |
| 12. | Hernández Delgado Georgina | Inv. Tit. B |
| 13. | Lara Flores Miguel | Inv. Tit. C |
| 14. | López Lara Isabel María | Inv. Tit. B |
| 15. | Martínez Salazar Jaime | Inv. Tit. A (Hasta agosto) |
| 16. | Martínez Romero María Esperanza | Inv. Tit. C |
| 17. | Mora Celis Jaime | Inv. Emérito |
| 18. | Palacios de la Lama Rafael | Inv. Emérito |
| 19. | Ramírez Romero Miguel A. | Inv. Tit. A |
| 20. | Reddy Pallavolu Maheswara | Inv. Tit. B |
| 21. | Romero Camarena David René | Inv. Tit. C |
| 22. | Sohlenkamp Christian | Inv. Tit. A |
| 23. | Vinuesa Fleischmann Pablo | Inv. Tit. A |

Tutores adscritos a otras entidades

| | | | |
|----|------------------------------|-------------|-----|
| 1. | Alagón Cano Alejandro | Inv. Tit. C | IBt |
| 2. | Aldana González Maximino | Inv. Tit. B | ICF |
| 3. | Arias Ortiz Carlos Federico | Inv. Tit. C | IBt |
| 4. | Beltrán Núñez Ma. Del Carmen | Inv. Tit. B | IBt |

| | | |
|-------------------------------------|--------------|------|
| 5. Cocho Gil Germinal | Inv. Tit. C | IF |
| 6. Covarrubias Robles Luis F | Inv. Tit. C | IBt |
| 7. Darszon Israel Alberto | Inv. Tit. C | IBt |
| 8. Dubrovsky Joseph | Inv. Tit. C | IBt |
| 9. Espin Ocampo Elda Guadalupe | Inv. Tit. C | IBt |
| 10. Garcíarrubio Granados Alejandro | Inv. Aso. C | IBt |
| 11. Garduño Juárez Ramón | Inv. Tit. B | ICF |
| 12. Gosset Lagarda Guillermo | Inv. Tit. C | IBt |
| 13. Joseph Patricia Ileana | Inv. Tit. C | IBt |
| 14. Lanz Mendoza Humberto | ICB E | INSP |
| 15. Martínez Mekler Gustavo C | Inv. Tit. C | ICF |
| 16. Martínez Barnetche Jesús | ICB D | INSP |
| 17. Merino Pérez Enrique | Inv. Tit. C | IBt |
| 18. Miranda Ríos Juan | Inv. Tit. B | IIBM |
| 19. Morett Sánchez Juan Enrique | Inv. Tit. C | IBt |
| 20. Pantoja Ayala Omar Homero | Inv. Tit. B | IBt |
| 21. Pérez Rueda Ernesto | Inv. Tit. A | IBt |
| 22. Perez Martínez Leonor | Inv. Tit. B | IBt |
| 23. Possani Postay Lourival D | Inv. Emérito | IBt |
| 24. Puente García José Luis | Inv. Tit. C | IBt |
| 25. Quinto Hernández Carmen | Inv. Tit. C | IBt |
| 26. Reyes Taboada José Luis | Inv. Tit. B | IBt |
| 27. Rocha Sosa Mario | Inv. Tit. B | IBt |
| 28. Rosenstein Azoulay Yvonne | Inv. Tit. C | IBt |
| 29. Sánchez Rodríguez Federico E. | Inv. Tit. C | IBt |
| 30. Soberón Mainero Francisco X | Inv. Tit. C | IBt |
| 31. Treviño Santa Cruz Claudia | Inv. Tit. A | IBt |
| 32. 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 |
| Jesús Caballero | ¹ Rocio Castro | DBt | FCB-UAEM |
| | ¹ Arnoldo Wong | DBt | FCB-UAEM |
| | ² Diego F. Gutiérrez | MCBiom. | ENCB-IPN |
| | Luz María García | DCBiol. | CCA-UNAM |
| | Jorge A. Valdivia | MCBiol. | CCA-UNAM |
| | Vianey Marín | DMBiol. | BUAP |
| | Yolanda Elizabeth Morales | DMBiol. | BUAP |
| | Miriell Corrada Alberto | Doctorado | Conjunto Univ. de La Habana-UNAM |
| 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 |
| | Luany C. Martínez | DCBq | IBT-UNAM |
| | Fernando Lara | DCB | IFC-UNAM |
| | Arlet del Carmen Loza | DCB | CCG-UNAM |
| | José Utrilla Carrera | MCBq | IBT-UNAM |
| | Zuemy Rodríguez | DCB | CCG-UNAM |
| | Marco Tulio Fernández. | MCBq | IBT-UNAM |
| | Cecilia Contreras | MCBq | IBT-UNAM |
| | Eugenio López | DCB | CCG-UNAM |
| | Marco Antonio Rodríguez | DCB | IE-CCG |
| | Celia Flores Ocampo | MCBq | IBT-UNAM |
| | Yossef López | MCBq | IBT-UNAM |
| | Mauricio Martín (a Oct) | DCB | CCG-UNAM |
| | Julio Collado | ¹ Yalbi I. Balderas | DCB |
| ¹ Alejandra Medina | | DCB | CCG-UNAM |
| Santiago Sandoval | | DCB | CCG-UNAM |
| Jesús Espinal Enríquez | | DCB | CCG-UNAM |
| José Luis González | | DCBq | IBT-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 |
| 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 Fatima Berenice Martínez | MCBq | IBT-UNAM |
| | ¹ Agustín Reyes Pérez | DCBiol | FC-UNAM |
| | Rafael Díaz Mendez. | DCB | CCG-UNAM |
| | Angeles Cancino | DCBioq | IBT-UNAM |
| | José Omar Bueno | MCBq | IBT-UNAM |
| | Marcos Amed Salazar Blas. | MCBq | IBT-UNAM |
| | Beatriz Castrejón Gallegos. | DCBiol | CM SIGLO XXI |
| | Karla Martínez Gómez | DCBioq | IBT-UNAM |
| | Hugo Arreola | DCBiol | CM SIGLO XXI |
| | Alma Rosa Escalona | DCB | IIB-UNAM |
| | Miguel Mejía Mandujano. | DCBioq | IBT-UNAM |
| Paulina Estrada | Juan Mauricio Fortuna | MC | CBG-IPN |
| | Elizabeth Mota | MC | CBG-IPN |
| Alejandro García | ¹ Tomás Villaseñor | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Ciro A. Cubillas | DCB | CCG-UNAM |
| Otto Geiger | ¹ Maritza Zavaleta | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Napoleón González | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Diana Sahonero | DCB | CCG-UNAM |
| | Yadira Dávila | DCB | CCG-UNAM |
| | Ángel Pech | DCB | CCG-UNAM |
| | Rosa Lidia Solís | 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 Mauricio Martín (a Oct) | DCB | CCG-UNAM |
| | Rocio Castro | DBt | FCB-UAEM |

| | | | |
|--------------------|----------------------------------|----------|---------------------|
| | Arnoldo Wong | DBt | FCB-UAEM |
| | Laura Cervantes | MC | FC-UAEM |
| Victor González | ¹ Luis Lozano | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ José Luis Acosta | DCB | CCG-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 |
| Georgina Hernández | ¹ Ana Belén Mendoza | DCB | CCG-UNAM |
| Miguel Lara | Aline López | DCB | CCG-UNAM |
| Isabel López-Lara | ¹ Yadira Dávila | 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 |
| Jaime Martínez | Nicolás Gómez | DCB | CCG-UNAM |
| Esperanza Martínez | ¹ Aline López | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Martha López | 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 |
| | Bernardo Sachman | DCB | CCG-UNAM |
| | Abigail Trejo | DCB | CCG-UNAM |
| | Pablo Rodríguez-Bucheli | DCB | CCG-UNAM |
| | Sandra Bolaños | DCBq | IBT-UNAM |
| | Andrea Sabido | DCBq | IBT-UNAM |
| | Carlos López | Maestría | Col.de Posgraduados |
| | Yessica González | Maestría | Col.de Posgraduados |
| Jaime Mora | ¹ Rafael Díaz | DCB | CCG-UNAM |
| | Emmanuel Salazar | DCB | CCG-UNAM |
| Maheswara Reddy | ¹ Alma Rosa Altúzar | DCBq | IBT-UNAM |
| | Ana Belén Mendoza | DCB | CCG-UNAM |
| | Bárbara Nova-Franco | 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 |
| | Concepción Chino | MBiot | CIB-UAEM |
| | José L. Rodríguez | DCB | CCG-UNAM |
| | Liliana Medina | MCBq | IIB-UNAM |
| | Patricia Oliver | DCB | CCG-UNAM |
| | Nancy Rivera | 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 |
| | Cristina Lara | DCBq | IBT-UNAM |
| | Miguel A. de la Cruz V. | DCBq | IBT-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 | Edgar Jaime Salinas | MCBq | IBT-UNAM |
| Christian Sohlenkamp | ¹ Rosa L. Solís | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Miguel A. Vences | DCB | CCG-UNAM |
| | Diana Sahonero | DCB | CCG-UNAM |
| Pablo Vinuesa | ¹ Bernardo Sachman | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Agustín Ávila | DCB | CCG-UNAM |
| | ¹ Pablo Rodríguez-Bucheli | DCB | CCG-UNAM |
| | Laura Espinosa | DCB | IE-UNAM |
| | Mario Alberto Martínez | DCB | IBT-UNAM |
| | Erick García | DCB | IE-UNAM |
| | Enrique Scheinvar | DCB | IE-UNAM |
| | Santiago Ramírez | DCB | IE-UNAM |
| | Nancy Rivera | DCB | IBT-UNAM |

Datos actualizados al Semestre 2010-1

¹Tutor principal; ²co-director

ESTUDIANTES DE POSGRADO

Doctorado en Ciencias Biomédicas

| <i>Alumno</i> | <i>Nivel</i> | <i>Comité Tutorial</i> | <i>Becario</i> |
|--------------------------|------------------------------|--|---------------------------|
| Emmanuel Salazar | 16° sem. Candidato a Doctor | ¹ S.Encarnación, J. Mora, E. Morett | Ejerció beca CONACYT DGEP |
| Nicolás Gómez | 13° sem. Candidato a Doctor | ¹ M.L. Girard, J. Martínez, M. Soberón. | Ejerció beca CONACYT DGEP |
| Ramón Cervantes | 13° sem. Candidato a Doctor | ¹ M. Cevallos, D. Romero, J.L. Puente | Ejerció beca CONACYT DGEP |
| Maritza Zavaleta | 12° sem. Candidata a Doctora | ¹ O. Geiger, I. López, G. Espín | Ejerció beca CONACYT DGEP |
| Yadira Dávila | 11° sem. Candidata a Doctora | ¹ I. López, O. Geiger, G. Espín | Ejerció beca CONACYT DGEP |
| Aline López | 11° sem. Candidata a Doctora | ¹ E. Martínez, M. Lara, L. Segovia | Ejerció beca CONACYT DGEP |
| Luis Lozano | 11° sem. Candidato a Doctor | ¹ V. González, G. Dávila, V. Souza | CONACYT |
| Napoleón González | 10° sem. Candidato a Doctor | ¹ O. Geiger, I. López, G. Sóberon | CONACYT |
| José Luis Acosta | 9° sem. Candidato a Doctor | ¹ V. González, G. Dávila, L.E.Eguiarte | CONACYT |
| Bernardo Sachman | 8° sem. Candidato a Doctor | ¹ P. Vinuesa, E. Martínez, V. Souza | CONACYT |
| Niurka Meneses | 7° sem. Candidata a Doctora | ¹ S. Encarnación, G. Mendoza, M. Dunn | DGEP |
| América Paulina Rivera U | 7° sem. Candidata a Doctora | ¹ M. A. Cevallos, E. Morett, G. Dávila | CONACYT |

| | | | |
|-------------------|-----------------------------|---|---------|
| Tomás Villaseñor | 7º sem. Candidato a Doctor | ¹ A. García, D. Romero, G. Soberón | CONACYT |
| Andrés Andrade | 7º sem. Candidato a Doctor | ¹ S. Encarnación, J. Nieto, G. Gosset | CONACYT |
| Rafael Díaz | 6º sem. Candidato a Doctor | ¹ J. Mora, S. Encarnación, G. Soberón | |
| Cristina Landeta | 6º sem. Candidata a Doctora | ¹ D. Romero, S. Brom, G. Dreyfus | CONACYT |
| Martha López | 6º sem. Candidata a Doctora | ¹ E. Martínez, M. Ramírez, J. Miranda | CONACYT |
| Gamaliel López | 5º sem. Candidato a Doctor | ¹ M. Ramírez, G. Dávila, J. Miranda | CONACYT |
| Yalbi I. Balderas | 5º sem. | ¹ J. Collado, M. Ramírez, E. Morett | CONACYT |
| Angel de C. Pech | 5º sem. | ¹ I. López, O. Geiger, M. Martínez | CONACYT |
| Gabriela Pérez | 5º sem. Candidata a Doctor | ¹ M. Cevallos, L. Segovia y M. Ramírez | CONACYT |
| Rosa Lidia Solis | 5º sem. Candidata a Doctor | ¹ Ch. Sohlenkamp, O. Geiger, A. Moreno | CONACYT |
| Alberto Checa | 4º sem. Candidato a Doctor | ¹ S. Encarnación, A. Zentella, M. Lizano | CONACYT |
| Juan C. Higareda | 4º sem. Candidato a Doctor | ¹ S. Encarnación, M. Salcedo, M. Lizano | CONACYT |
| Alejandra Medina | 4º sem. | ¹ J. Collado, G. Gosset, E. Merino | CONACYT |
| Abigail Trejo | 4º sem. Candidato a Doctor | ¹ S. Encarnación, J. Nieto, E. Martínez | CONACYT |
| David Zamorano | 4º sem. | ¹ M.L. Girard, D. Romero, J.L. Puente | CONACYT |
| Ciro A. Cubillas | 3º sem. | ¹ García de los S., M.A. Ramírez, M. Soberón | CONACYT |

| | | | |
|-------------------------|----------------------|--|---------|
| Tania Rosas | 3 ^{er} sem. | ¹ E. Martínez, V. González, L. Segovia | CONACYT |
| Orlando Santillán | 3 ^{er} sem. | ¹ M.A. Ramírez, G. Dávila, M. Soberón | CONACYT |
| Miguel A Vences | 3 ^{er} sem. | ¹ Ch. Sohlenkamp, I. López L., J. L. Puente | CONACYT |
| Agustín Ávila | 2 ^o sem. | ¹ P. Vinuesa, J. Puente, V. Souza | CONACYT |
| Diana Sahonero | 2 ^o sem. | ¹ O. Geiger, C. Quinto, Ch. Sohlenkamp | CONACYT |
| Luis Eduardo Servín | 2 ^o sem. | ¹ E. Martínez, E. Espín, F. Sánchez | CONACYT |
| Pablo Rodríguez-Bucheli | 2 ^o sem. | ¹ P. Vinuesa, E. Martínez, V. Souza | CONACYT |
| Tabita Ramírez | 2 ^o sem. | ¹ E. Martínez, V. Gonzalez, M. Zurita | CONACYT |
| Rogelio Hernandez | 1 ^o sem. | ¹ D. Romero, S. Bromy J. Puente | CONACYT |
| Ana B. Mendoza | 1 ^o sem. | ¹ G. Hernández, P. Maheswara y J. Reyes | CONACYT |
| Francisco Pedraza | 1 ^o sem. | ¹ M. Cevallos, J. Puente, O. Geiger | CONACYT |

Doctorado en Ciencias Bioquímicas (IBt-UNAM)

| | | | |
|-------------------|---------------------|--|---------|
| Alma Rosa Altúzar | 2 ^o sem. | ¹ M. Reddy M. Lara, F. Sánchez | CONACYT |
|-------------------|---------------------|--|---------|

Doctorado en Ciencias Biológicas (FC – UNAM)

| | | | |
|---------------------|---------------------|--|---------|
| Agustín Reyes Pérez | 6 ^o sem. | ¹ S. Encarnación, V. González, G. Gosset | CONACYT |
| Marco Antonio Rogel | 7 ^o sem. | ¹ E. Martínez, V. González, E. Merino | |

Doctorado en Ciencias (FC-UAEM)

| | | | |
|---------------|----------------------|--|---------|
| Alma R. Reyes | 3 ^{er} Sem. | ¹ L. Girard, S. Brom M.A. Ramírez, V. Lira | CONACYT |
|---------------|----------------------|--|---------|

Doctorado en Biotecnología (FCB-UAEM)

| | | | |
|--------------|----------------------|---|--------|
| Rocío Castro | 11 ^o sem. | ¹ J. Caballero, L. Girard, E. Villegas, M. Trejo, Y. Rios. | COSNET |
|--------------|----------------------|---|--------|

ESTUDIANTES DE LICENCIATURA

ALUMNO (Institución)

Ana Yanci Alarcón González (Fac. Biología-UAEM)
 Ana Luz Álvarez Pérez Gil (Fac. Biología-UAEM)
 Ma. del Carmen Galindo Barrios (Inf. Tec. Zacatepec)
 Angel Gabriel Martínez Batallar (Fac. Biología-UAEM)
 Rigoberto Medina Andrés (Fac. Biología-UAEM)
 Maritza Merino Flores (Fac. Biología-UAEM)
 Angela Pamela Muñoz Rascado (Inf. Tec. Zacatepec)
 Marlene Ortiz Berrocal (UAM-Iztapalapa)
 Alberto Carlos Ramírez Torres. (Fac. Biología-UAEM)
 Violeta Rodríguez Pérez (Fac. Biología-BUAP)
 Estephany Tondopo Jiménez (Fac. Biología, UNICACH)

DIRECTOR DE TESIS

Miguel A. Ramírez R.
 Mario Ramírez Y.
 Heladia Salgado.
 Sergio M. Encarnación G.
 Maheswara Reddy.
 Esperanza Martínez R.
 Heladia Salgado.
 Maheswara Reddy.
 Sergio M. Encarnación G.
 Miguel A. Cevallos G.
 Paulina Estrada de los Santos.

CURSOS O TÓPICOS SELECTOS IMPARTIDOS

Posgrado

Semestre 2009-2 (Febrero-Junio, 2009)

| <i>Curso o Tópico</i> | <i>Programa Docente/ Institución</i> | <i>Profesores</i> |
|---|--|--|
| Avances recientes en el estudio de la replicación del DNA, la segregación y la división celular en las bacterias. | DCB-UNAM | Dr. Miguel A. Cevallos |
| Interacciones moleculares en simbiosis | DCB-UNAM | Dra. Esperanza Martínez |
| Comunicación entre y con bacterias | DCB-UNAM | Dr. Otto Geiger, Dra. Isabel López Dr. Christian Sohlenkamp |
| Estadística Matemática | DCB-UNAM | Julio Martínez R. |
| Antropología Física. | ULA | M.IBB. Oscar Rodríguez |
| Metodología de Investigación | ULA | M.IBB. Oscar Rodríguez |

Semestre 2010-1 (Agosto-Diciembre, 2009)

| <i>Curso o Tópico</i> | <i>Programa Docente/ Institución</i> | <i>Profesores</i> |
|--|--|---|
| Transferencia lateral de material genético | DCB-UNAM DC-UNAM DC-UAEM | Dra. Susana Brom |
| Curso básico de Microbiología | DCB-UNAM | Dr. Miguel A. Cevallos Dr. Michael Dunn Dr. Alejandro García Dra. Isabel López Lara Dra. Esperanza Martínez Dr. Pablo Vinuesa |
| Taller Latinoamericano de Evolución Molecular | DCB-UNAM | Dr. Pablo Vinuesa |
| Actividad-Ad-hoc. Estructura genética y evolución en α -proteobacterias | DCB-UNAM | Dra. M.Lourdes Girard Dr. Michael Dunn |
| Seminario sobre Metagenómica | DCB-UNAM | Dr. David Romero |
| Microbiología | L. Biol. UAEM | Dra. Paulina Estrada |
| Biología Molecular | IB. ITESM | Dr. Miguel A. Ramírez |
| Genómica Vegetal | L. Biol. UAEM. | Dr. Mario Ramírez |
| Genómica Vegetal | FC- UAEM | Dra. Sonia Silvente |
| Seminario de Investigación | ULA | M. IBB. Oscar Rodríguez |
| Estadística Básica. | ULA | M. IBB. Oscar Rodríguez |

Licenciatura en Ciencias Genómicas ^{1,2}

Semestre 2009-2 (Febrero-Junio, 2009)

| <i>Curso</i> | <i>Semestre</i> | <i>Profesores/Ayudantes</i> |
|--------------------------------|-----------------|--|
| Computación | 2° | Julio A. Freyre/José Antonio Alonso |
| Genética | 2° | David Romero/Cintha Zepeda |
| Principios de Estadística | 2° | Julio Martínez/Leonardo Collado; María Gutiérrez |
| Principios de Evolución | 2° | José Guillermo Dávila/Orlando Santillán |
| Bioinformática y Estadística 2 | 4° | Heladia Salgado |
| Genómica Humana | 4° | Rafael Palacios/Tzitziki Janik Lemus |
| Matemáticas 4 | 4° | Julio Martínez/Luis A. Arriola |
| Seminario 4 (Bioética) | 4° | David Romero/Martha Rosalía Rendón; María de los Dolores Soto; José Antonio Alonso |
| Bioinformática y Estadística 2 | 6° | Heladia Salgado |
| Aplicaciones de la Genómica 2 | 6° | Rafael Palacios/Omar Yáñez |
| Fronteras de la Genómica 2 | 6° | Rafael Palacios/Vanesa Dulanto |
| Genómica Integrativa 1 | 6° | Osbaldo Resendis/Libertad Pantoja; Daniela Robles |
| Genómica Integrativa 2 | 6° | Osbaldo Resendis/Carlos Vargas |
| Trabajo de Investigación 4,5,6 | 8° | Guillermo Dávila; Sergio Encarnación; Esperanza Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis; David Romero |
| Tópico Selecto 3 | 8° | Guillermo Dávila; Esperanza |

| | | |
|------------------------------|----|---|
| | | Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis; David Romero |
| Tópico Selecto 4 | 8° | Guillermo Dávila; Otto Geiger; Esperanza Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis; David Romero |
| Seminario de Investigación 2 | 8° | Guillermo Dávila; Sergio Encarnación; Esperanza Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis; David Romero |

Semestre 2010-1 (Agosto-Diciembre, 2009)

| <i>Curso</i> | <i>Semestre</i> | <i>Profesores/Ayudantes</i> |
|----------------------------------|-----------------|--|
| Bioquímica | 1° | Otto Geiger/Libertad Pantoja |
| Biología Molecular | 1° | Guillermo Dávila/Orlando Santillán |
| Principios de Programación | 1° | Julio Collado/Ilse Valtierra |
| Seminario 1 | 1° | Julio Collado/Alejandra Medina; Santiago Sandoval |
| Bioinformática y Estadística 1 | 3° | Julio Collado/José María Uriel Urquiza |
| Genómica Evolutiva 1 | 3° | Pablo Vinuesa/Agustín Ávila |
| Genómica Funcional 1 | 3° | Miguel Ángel Ramírez; Christian Sohlenkamp |
| Matemáticas 3 | 3° | Julio Martínez/Luis A. Arriola |
| Modelos Genómicos | 3° | Esperanza Martínez/Luis Servín |
| Seminario 3 (R y Bioestadística) | 3° | Leonardo Collado/José Victor Moreno; Alejandro Reyes; José Reyes |
| Genómica Integrativa 1, 2 | 5° | Rafael Palacios/Ana Paola Carranco. |
| Fronteras de la Genómica 1 | 5° | Rafael Palacios/Ana Paola Carranco. |

| | | |
|----------------------------------|----|---|
| Aplicaciones de la Genómica 1, 2 | 5° | Lourdes Girard/José María Uriel Urquiza; Arturo Velarde |
| Fronteras de la Genómica 1 | 5° | Lourdes Girard/José María Uriel Urquiza; Arturo Velarde |
| Trabajo de Investigación 1,2,3 | 7° | Julio Collado; Sergio Encarnación; Esperanza Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis |
| Tópico Selecto 1, 2 | 7° | Julio Collado; Sergio Encarnación; Esperanza Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis |
| Seminario de Investigación 1 | 7° | Julio Collado; Sergio Encarnación; Esperanza Martínez; Rafael Palacios; Miguel Ángel Ramírez; Osbaldo Resendis |

¹ Se incluyen solo los cursos impartidos por académicos del CCG

¹ Se impartieron un total de 50 cursos en la LCG durante este período.

PARTICIPACIÓN EN CURSOS (HORAS O SESIONES)

Semestre 2009-2 (Febrero-Junio, 2009)

Dr. Sergio Encarnación G.

Biología genómica. M. en C. Biología Genómica. CBG-IPN (3 sesiones)

Expresión genética y regulación metabólica, con referencia particular a aspectos evolutivos .
DCB-IIB (cuatro sesiones).

Genómica Funcional de plantas, Proteómica, electroforesis de doble dimensión y espectrometría de masas. F. Ciencias Biol.-UAEM (1 sesión).

Dr. Pablo Vinuesa F.

Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica. Profesor invitado del curso "Introducción al Biocómputo" del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por el Dr. Enrique Merino del Inst. de Biología (IBT) de la UNAM. (9 hrs).

"Inferencia filogenética." Profesor invitado del curso "Evolución" de la Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Licenciatura en Ciencias, Area Terminal en Bioquímica y Biología Molecular. Responsable del Curso: Dra. Claudia Verónica Silva Romero. (4 hrs).

Dr. Jesús Arellano G.

Fotosíntesis en Plantas. Curso: Biología Vegetal. Fac. de C. Biol.-UAEM. (4 horas)

Transporte en Plantas. Curso: Biología Vegetal. Fac. de C. Biol.-UAEM. (4 horas)

M. en C. Rafael Díaz M.

Técnicas comunes del DNA recombinante Fac.de Ciencias químicas e ingeniería. UAEM (8 horas)

Semestre 2010-1 (Agosto-Diciembre, 2009)

Dr. Pablo Vinuesa F.

Taller parte teórica: Inferencia filogenética bajo criterios de máxima verosimilitud y bayesiano.
En: Simposio: Biodiversidad-Enfoques en Biología Experimental. CICY. Mérida, Yucatán.

"Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica" Profesor invitado del curso "Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos" del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM. (6 hrs.)

Dr. Jesús Arellano G.

Origen, estructura y papel de los cloroplastos en la fotosíntesis. CEIB-UAEM (4 horas)

Biotecnología. El empleo de la transgénesis para la producción de metabolitos de interés farmacológico. Fac. de Farmacia-UAEM (2 horas).

Origen, estructura y papel de los cloroplastos en la fotosíntesis. Curso propedéutico de ingreso a la Maestría en Biotecnología del CEIB-UAEM (4 horas).

ASESORÍAS DE SERVICIO SOCIAL.

Dra. Susana Brom K.

Nombre del Alumno: Miriam Guadalupe Pichón Bayardo

Programa Docente: Técnico Laboratorista. UAEM

Fecha: Agosto – Diciembre, 2009.

Dr. Jaime Mora y Dr. Hermenegildo Taboada C.

Nombre del alumno: Angélica Cruz Alvarez

Programa docente e institución: Escuela Técnicos Laboratoristas UAEM

Fecha: Enero-Julio 2009.

Nombre del alumno: Luis Alan Martínez Guerrero

Programa docente e institución: Universidad del Valle de Cuernavaca

Fecha: Marzo-Septiembre 2009.

Nombre del alumno: Marlene Adilene Lagunas Orihuela

Programa docente e institución: Escuela Técnicos Laboratoristas UAEM

Fecha: Julio-Diciembre 2009.

Nombre del alumno: Sara Gloria Sarmientos Pérez

Programa docente e institución: Escuela Técnicos Laboratoristas UAEM

Dr. Pallavolu M. Reddy

Nombre del alumno: Rigoberto Medina Andrés

Programa docente e institución: Universidad Autónoma del Estado de Morelos,

Fecha: Enero a Julio 2009

SUPERACIÓN ACADÉMICA DE LOS TÉCNICOS ACADÉMICOS

- Ingreso al Sistema Estatal de Investigadores. Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

| | |
|-----------------------|-------------|
| César A. Bonavides M. | Honorífico. |
| Sandra Contreras M. | Nivel A. |
| Sara I. Fuentes M. | Nivel B. |
| M. Socorro Gama C. | Honorífico |
| Delfino García A | Nivel A |
| Marco A. Rogel H | Honorífico |
| Heladia Salgado O. | Honorífico |

- Estudios de posgrado.

| | |
|---------------------------|---|
| Laura Cervantes de la Luz | Maestría en Ciencias, UAEM |
| Alfonso Leíja Salas. | Doctorado en Farmacia UAEM. (Graduado) |
| Rafael Díaz Méndez. | Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM. |
| Marco A. Rogel Hernández | Doctorado en Ciencias Biológicas, UNAM. |

- Curso de “PCR Tiempo Real Aplicaciones Cuantificación Relativa y Cuantificación absoluta en el equipo 7300”. Impartido por la Dra. Mariana Pérez Escobar de Applied Biosystems de México. Centro de Ciencias Genómicas UNAM. Cuernavaca, Morelos. Marzo 10-13, 2009.

Patricia Bustos A.
Sara I. Fuentes M.
Rosa I. Santamaría G.

Lic. Edith Cinta E.

- Asistencia a las Reuniones del Grupo BIOS, en donde se trabaja para llevar a cabo la adquisición compartida de revistas científicas (impresas y electrónicas) y para la adquisición o suscripción compartida de libros electrónicos.
- XL Jornadas Mexicanas de Biblioteconomía, Acapulco, Gro. Septiembre 9-11, 2009.

M. en C. Alfonso Leíja Salas

- Curso avanzado de Inmunohistoquímica. Hospital General de Pediatría. México D.F. Junio 26-28, 2009

Dra. Ivonne Toledo G.

- Curso “Biodiesel” de la Red Mexicana de Bioenergía, A.C. Querétaro, Qro. Octubre 26-29, 2009.

5. INTERCAMBIO ACADÉMICO

PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE CONGRESOS INTERNACIONALES.

Dr. Julio Collado V.

Organizador del *“International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009”*
Octubre 26-29, 2009. Riviera Maya, Quintana Roo, México

PARTICIPACIÓN EN ORGANIZACIÓN DE EVENTOS ACADÉMICOS NACIONALES.

Dra. Esperanza Martínez R.

Organizadora de la *“Segunda Reunión de Investigación en Bioenergía”*, 30 de enero 2009, CCG, UNAM. Cuernavaca, Mor.

M. en IBB. Oscar Rodríguez S.

Coordinador Académico-Operativo, Coordinador del Módulo “Historia de las Ideas Científicas” y conferencista de tópicos de Biología y Divulgación científica del Diplomado “Pensamiento Científico en el aula”. Programa Estatal Coordinado por la Academia de Ciencias de Morelos. Para profesores de Secundarias generales, Secundarias técnicas y Telesecundarias. SEMor, IBT, ACM. Octubre 2004 a la fecha (sesiones sabatinas de 3 horas)

Coordinador Académico-Operativo Diplomado “Pensamiento Científico en el aula”. Programa Estatal coordinado por la Academia de Ciencias de Morelos. Para profesores de preparatoria, Octubre 2006 a la fecha. (sesiones sabatinas de 3 horas) SEMor, IBT, ACM, ICF, CIE, UAEM, UM.

Dr. Pablo Vinuesa Fleischmann

Coordinador del *“Taller Latinoamericano de Evolución Molecular – TLEM09”*, 22 de Junio al 3 de Julio de 2009. CCG y LCG, UNAM. Cuernavaca, Mor.

INVESTIGADORES VISITANTES

Investigador Responsable

Visitante.

Dr. Jesús Caballero M.

Dra. Genevieve Défago. Zurich, Suiza. ETH. Institute of Plant Sciences, Federal Institute of Technology. Proyecto: 036314 “MicroMaize: Management of plant-beneficial microbes to balance fertiliser inputs in maize monoculture”. 30 de Junio-3 de Julio, 2009.

Dr. Patrick Mavingui. Lyon, Francia. Universidad de Lyon-1. Proyecto: 036314 “MicroMaize: Management of plant-beneficial microbes to balance fertiliser inputs in maize monoculture”. 10-14 de Noviembre, 2009.

Dr. Julio Collado V.

Dra. Morgane Thomas-Chollier, proveniente de la Université Libre de Bruxelles. Del 23 de febrero al 06 de marzo de 2009.

Dr. Jacques Van Helden. Laboratoire de Bioinformatique des Génomes et des Réseaux (BiGRE) Université Libre de Bruxelles, CP263. Boulevard du Triomphe, Campus Plaine. B-1050 Bruxelles, Belgium. Del 07 al 14 de marzo de 2009.

Dr. Arturo Medrano Soto, Computational Genomics Group UCLA-DOE Institute for Genomics & Proteomics Howard Hughes Medical Institute. Los Angeles California.USA. Del 16 al 20 de marzo de 2009.

Dr. Cei Abreu Goodger Lander. European Institute for Bioinformatics. The Wellcome Trust Institute. Londres, Inglaterra. Del 23 de marzo al 03 de abril de 2009.

Dr. Bruno Contreras Moreira, Estación Experimental de Aula Dei /CSIC. Zaragoza (España). Del 18 al 25 de mayo de 2009.

Dr. Michael F. Dunn.

Dra. Amit Meir, Israel, Universidad de Jerusalem, “Papel biológico de la rizavidina de *Rhizobium etli*”. Octubre de 2009.

Dr. Otto Geiger.

Dra. Daniela Beatriz Medeot, , Universidad de Río Cuarto, Argentina. “Ciclos de lípidos membranales en rizobias y sus contribuciones a la señalización” financiada por una beca de la UNESCO. Julio- Diciembre, 2009.

Dra. Georgina Hernández.

Dr. Dario Panzeri, Italia, Instituto de Biología y Biotecnología Agrícola-CNR (Milán), Caracterización de la mutante de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) *lpa-280-10* (low phytic acid):

transcriptoma y análisis funcional de la respuesta a la deficiencia de fósforo. Proyecto de Cooperación Bilateral de CONACyT. 1- 31 de octubre, 2009.

Dra. Esperanza Martínez R. Dr. Reiner Rincón Rosales del Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, Chiapas. 18-21 de Agosto de 2009.

Dr. Pallavolu M. Reddy Dr. Kalpana Nanjareddy: investigadora visitante (University of Agricultural Sciences, Bangalore, India): Está desarrollando un sistema de raíces peludas (hairy root) en monocotiledóneas.

Dr. Christian Sohlenkamp Dr. Alisdair Fernie,. “Metabólomica utilizando GC-MS combinado con diferentes tipos de extracción.” Noviembre 15-19 del 2009.

ESTUDIANTES VISITANTES

Dr. J. Jesús Arellano G. Liliana Martínez Lara. Estudiante de la Maestría en Ciencias Bioquímicas, UNAM.

María Luisa Barroso G. Estudiante del Doctorado en Ciencias Biológicas, UNAM.

Dra. Paulina Estrada S. Nora Belinda Vacaseydel Aceves. Estudiante de la Maestría en Ciencias en Biotecnología Genómica. Centro de Biotecnología Genómica. IPN. 21 Septiembre - 2 Octubre 2009.

Dra. Isabel López L. Paola Boeris, Estudiante de Doctorado en la Universidad de Rio Cuarto, Argentina. Estancia beca otorgada por el Gobierno de México en el marco del Programa Bilateral de la Convocatoria de Becas para Extranjeros. 5 de febrero a 30 de junio del 2009.

Dra. Esperanza Martínez R. José Manuel Villalobos Escobedo. Estudiante de Ingeniería Bioquímica del Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez. XIV Verano de la Investigación Científica del Pacífico. 29 de Junio-Agosto de 2009.

Christian Cisneros Pérez. Estudiante de la M en C Ingeniería Bioquímica del Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez. 27 de Julio-27 de Agosto de 2009.

Ricardo Vázquez. Estudiante del CIE-UNAM. Trabajo de Investigación de Tesis Doctoral. 2009.

Dr. César Rodríguez S.

Victoria Lizeth Campos Toscueto. Estudiante de Bachillerato de la Escuela Nacional Preparatoria # 2, UNAM. Del 13 - 31 de julio de 2009.

Dr. Pablo Vinuesa F.

Carolina Pérez Martínez. Estudiante del doctorado en el Colegio de Postgraduados, en la especialidad de Entomología y Acarología.

CICLOS DE CONFERENCIAS INSTITUCIONALES

Frontiers in Genomics

Norbert Perrimon

HHMI. Department of Genetics. Harvard Medical School. Boston, MA. USA
“Organization and functional analysis of the *Drosophila* Insulin network”.
Febrero 16. Auditorio IBT.

Colin A. Russell

Department of Zoology. University of Cambridge. Cambridge UK.
“Quantifying virus evolution and the global migration of influenza viruses”.
Febrero 23. Auditorio IBT.

Allan Drummond

FAS Center for Systems Biology. Harvard University. Cambridge, MA. USA
“How mistakes in making proteins shape the evolution of genes”
Marzo 2. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG

Patrick O. Brown

HHMI. Department of Biochemistry. Stanford University School of Medicine.
Stanford, CA. USA.
"The dark matter of biological regulation?"
Marzo 9. Auditorio IBT.

Bruce W. Stillman

Cold Spring Harbor Laboratory. Cold Spring Harbor, NY, USA
“Control of the initiation of DNA replication in eukaryote cells”
Marzo 16. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Carmen Buchrieser

Institut Pasteur. Unité de Génomique des Microorganismes Pathogènes.
Paris, France.
“Comparative genomics of the genus *Legionella* and phylogenomics of eukaryotic like proteins of *Legionella pneumophila*”
Marzo 30. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Ajit P. Varki

Glycobiology Research and Training Center.
University of California, San Diego, La Jolla, CA. USA.
“Human Origins: Clues from Hominid Genomics of Sialic Acid Biology”.
Abril 13. Auditorio IBT.

Leemor Joshua-Tor

HHMI. Cold Spring Harbor Laboratory. Watson School of Biological Sciences.
Cold Spring Harbor, NY, USA.
“DNA translocation through a replicative hexameric helicase: one step at a time”

Abril 20. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG

Jeffrey Lawrence

Department of Biological Sciences. University of Pittsburgh. Pittsburgh, PA. USA.
“The myth of hierarchy in bacterial evolution”
Mayo 25. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG

John Quackenbush

Department of Biostatistics. Dana-Farber Cancer Institute. Boston, MA, USA.
“Information integration approaches to discovering biology in genomic data”
Agosto 17. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG

Mitsuhiro Itaya

Institute for Advanced Biosciences. Keio University. Yamagata, Japan.
“Our approaches to design functional genomes”
Agosto 31. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG

Sean Eddy

HHMI. Janelia Farm Research Campus. Ashburn, VA, USA
“Next generation sequence database homology searches: Theory, methods, and software”
Septiembre 7. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Andrés Aguilera

Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa. Sevilla, España.
“Genome instability as a result of transcription and replication”
Septiembre 21. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Doron Lancet

Department of Molecular Genetics. Weizmann Institute of Science. Rehovot, Israel.
“The Genome diversity revolution: olfaction as a model”.
Septiembre 28. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Gisela Storz

Cell Biology and Metabolism Branch. National Institutes of Health. Bethesda, MD. USA.
"The genes that were missed: an expanding universe of small RNAs and small proteins".
Octubre 5 Auditorio IBT.

Benno Schwikowski

Systems Biology Group. Institut Pasteur. Paris, France.
“Computational analysis of large-scale proteomic data: Current approaches, tools, and challenges”
Octubre 12. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

Sylvain Brisse

Genotyping of Pathogens and Public Health Platform, Institute Pasteur. Paris, France.
“The biodiversity within microbial species: Population genetics and strain microevolution”
Octubre 19. Auditorio “Dr. Guillermo Soberón”, CCG.

David E. Salt

Horticulture and Landscape Architecture. Purdue University. West Lafayette, IN USA.
Mapping connections between the genome, ionome and the physical landscape
Octubre 26. Auditorio IBT.

Scott Lowe

HHMI. Watson School of Biological Sciences. CSHL.
Cold Spring Harbor, NY. USA.
" Studying cancer biology using RNA interference *in vivo* "
Noviembre 9. Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Alisdair Fernie

Max-Planck Institute of Molecular Plant Physiology. Golm, Germany
"Metabolomics, a tool for gene discovery with huge potential for crop improvement"
Noviembre 16. Auditorio "Dr. Guillermo Soberón", CCG.

Nancy A. Moran

Department of Ecology and Evolutionary Biology. University of Arizona, Tucson AZ, USA.
"Evolution of bacterial endosymbionts in insects"
Noviembre 23. Auditorio IBT

Seminarios organizados por los programas de investigación

Dr. Gary Stacey

University of Missouri. Columbia, MO, USA

"Soybean genomics: its rapid development and future promise"

Invitado del Programa de Genómica Funcional de Eucariotes-CCG y del Dr. Federico Sánchez-IBT.

Abril 13.

Dr. Bing Stacey

University of Missouri. Columbia, Missouri, USA

"Role of peptide transport in plant growth and development"

Invitada del Programa de Genómica Funcional de Eucariotes-CCG y del Dr. Federico Sánchez-IBT

Abril 16.

Dr. Jaime Martínez Urtaza

Instituto de Acuicultura. Universidad de Santiago de Compostela. Santiago de Compostela, España

"El clima y la dispersión de enfermedades: marcadores genéticos para el rastreo de patógenos humanos"

Invitado del Programa de Ingeniería Genómica.

Noviembre 27.

Dr. Humberto Peralta, Lic. Gabriela Guerrero, Lic. Alejandro Aguilar, Dr. Jaime Mora.

“Análisis funcional y evolución de los genes ortólogos en *Rhizobiales*”.

Seminario organizado por el Programa de Genómica Funcional de Procariotes.

28 de octubre de 2009.

Reunión académica 2009

Centro de Ciencias Genómicas, 18 al 20 de Noviembre de 2009

Presentaciones orales.

Sesión I Moderador: Christian Sohlenkamp

Esperanza Martínez. “Microbiomas de transmisión vertical en plantas e insectos”.

Pablo Vinuesa. “Estima de la diversidad molecular de micobacterias ambientales en ríos de Morelos mediante aproximaciones clásicas y metagenómicas”.

Paulina Estrada. “Anotación del genoma de especies del Género *Burkholderia* asociadas a Plantas”.

Jesús Caballero. “Potencial de especies de *Burkholderia* fijadoras de nitrógeno como biofertilizantes, agentes de biorremediación y biocontrol de fitopatógenos”.

Sesión II Moderador: Víctor González

Rafael Palacios. “Proposición de un proyecto de investigación-docencia: Variación estructural en duplicaciones segmentarias y evolución en el genoma del linaje humano”.

Sergio Encarnación. “Incurionando en el estudio del cáncer cérvico uterino”

Osbaldo Resendis. “Avances, retos y perspectivas de la Biología Sintética y de Sistemas en el CCG-UNAM”.

Sesión III Moderador: Miguel Ángel Ramírez

Susana Brom. “Transferencia conjugativa en *Rhizobium*”.

Víctor González. “Evolución de la estructura del genoma de *Rhizobium etli*: Conservación, recombinación y transferencia horizontal”.

Guillermo Dávila. “Los genomas de los bacteriófagos: Influencias y relaciones con los genomas de los hospederos”.

Sesión IV Moderador: Osbaldo Resendis

Julio Collado. “Integración de la regulación genética en *E.coli* K12”.

Lourdes Girard. “Análisis de la regulación de la expresión genética de *Rhizobium etli* en respuesta a la concentración de oxígeno”.

Miguel Ángel Ramírez. “Análisis de los sigmulones de *Rhizobium etli*”.

Sesión V Moderador: David Romero

Humberto Peralta. “Análisis funcional y evolución de los genes ortólogos en *Rhizobiales*”.

Rafael Díaz. “Análisis del patrón de expresión de los genes sinténicos *argC* de *Rhizobiales*”. (Parte I)

Carmen Vargas. “Análisis funcional de los genes sinténicos *argC* de *Rhizobiales*”. Parte II

Michael Dunn. “La biosíntesis de arginina en *Sinorhizobium meliloti*: Enzimas para la acetilación de glutamato y la utilización de *N*-acetilglutamato”.

Sesión VI Moderador: Sonia Silvente

Otto Geiger. “*Rhizobium* adapta su membrana a estreses ambientales”.

Isabel López. “Diversidad de productos de las sintasas de ácidos grasos y de policétidos de *Sinorhizobium meliloti*”.

Christian Sohlenkamp. “Metabolismo de lípidos de membrana: Bacheado de las rutas metabólicas”.

Sesión VII Moderador: Alejandro García

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

Sonia Silvente. “Análisis de la expresión de genes regulados por nitrato en nódulos de frijol”.

Pallavolu M. Reddy. “Promoter expression and functional analysis of the *cis* elements in the 5' regulatory sequences of the nodule-enhanced genes in common bean”.

Georgina Hernández. “Genómica funcional de frijol (*Phaseolus vulgaris*): Respuesta al estrés abiótico”.

Sesión VIII Moderador: Michael Dunn

Miguel Ángel Cevallos. “Las proteínas RepA y RepB regulan negativamente la transcripción del operón *repABC* por un mecanismo de esposado (handcuffing) y de lazo (looping)”.

Alejandro García. “Caracterización de funciones importantes para el crecimiento saprofítico y la resistencia a metales pesados codificadas en los plásmidos de *R. etli* CFN42”.

David Romero. “El plásmido p42e tiene un papel esencial en la supervivencia de *Rhizobium etli* CFN42”.

CARTELES

1. Acosta, José Luis y col.

Detección y análisis de recombinación homóloga en genomas de *R. etli*.

2. Andrade, Andrés y col.

Elementos genéticos y moléculas pequeñas participan en la cooperación o el antagonismo en un biofilm mixto hongo-bacteria.

3. Ávila, Agustín y col.

Diversidad genética de las comunidades de rizobios en la Sierra de Huautla de Morelos.

4. Balderas, Yalbi y col.

The necessity of clarifying concepts and terms related to transcriptional regulation in bacteria.

5. Castellanos, Mildred y col.

Las enzimas que migran los intermediarios de Holliday juegan un papel determinante en la conversión génica de *Rhizobium etli*.

6. Cervantes, Laura y col.

Identificación y caracterización de la región de transferencia del plásmido pGR64 de *Sinorhizobium fredii* GR64.

7. Checa, Alberto y col.

Análisis del secretoma en líneas celulares de cáncer cérvico uterino.

8. Contreras, Sandra y col.

Enriquecimiento de péptidos fosforilados por cromatografía de afinidad con oxidos de metales (MOAC), utilizando microcolumnas de TiO₂ (NuTip).

9. Cubillas, Ciro y col.

Análisis de las bases genéticas de la resistencia a níquel en *Rhizobium etli*: papel clave de un transportador de la familia CDF.

10. Del Castillo, Martín y col.

MicroRNAs codificados por el virus del papiloma humano.

11. Delgadillo, Luis Fernando y col.

Dinámica proteómica en tumores de cáncer cérvico uterino.

12. Enríquez, Rocío y col.

Análisis global de la vía de señalización Hedgehog en cáncer cérvico uterino.

13. Gama, Socorro y col.

Vías de regulación de la expresión genética de *E.coli* K12 en RegulonDB.

14. Hernández, Magdalena y col.

Fosfoproteoma de *Rhizobium etli* en el metabolismo de la vida libre y en simbiosis.

15. Higareda, Juan Carlos y col.

Análisis de los patrones globales de expresión proteica en líneas celulares de cáncer cérvico uterino.

16. López, Gamaliel y col.

Análisis del sigmulón dependiente de *rpoH* en *Rhizobium etli*.

17. Lozano, Luis y col.

Evolución de secuencias de inserción en poblaciones de *Rhizobium etli*.

18. Martínez, Fátima y col.

Análisis del fosfoproteoma de *Saccharomyces cerevisiae* en la respuesta a estrés oxidativo.

19. Martínez, Irma y col.

Expanding BioPAX format by integrating Gene Regulation

20. Medeot, Daniela y col.

Un decremento de los niveles de fosfatidilcolina de la cepa *Bradyrhizobium sp.* SEMIA 6144 afectan su tamaño celular y movilidad.

21. Meneses, Niurka y col.

Proteoma extracelular de *Rhizobium etli* en fase de crecimiento exponencial y estacionaria.

22. Ormeño, Ernesto y col.

Genoma de *Rhizobium tropici* CIAT899.

23. Pech, Angel y col.

La acil-coenzima A sintetasa (*fadD*) desempeña un papel importante en el reciclaje de ácidos grasos en *Sinorhizobium meliloti*.

24. Ramírez, Alberto y col.

Identificación de proteínas biomarcadoras del estado neoplásico en las líneas celulares de cáncer cérvico uterino HPV 16 positivas.

25. Reyes Pérez, Agustín y col.

Análisis mediante proteómica de agregados celulares en *Rhizobium etli* CE3.

26. Reyes, Alma y col.

Análisis funcional de las proteínas FixL y ActS de *Rhizobium etli* CFN42.

27. Rodríguez Bucheli, Pablo y col.

Diversidad, genética evolutiva y distribución ambiental de *Escherichia coli* y de genes de virulencia indicadores de patotipos EPEC y ETEC en ríos en Morelos con diversos grados de contaminación residual.

28. Rodríguez, César y col.

Mutantes en recombinación (*addAB* y *recF* en conversión génica (CG) asociada a cointegración en *Rhizobium etli* CFN42.

29. Sachmann, Bernardo y col.

Polimorfismos en el gen *rpoB* que probablemente confieren resistencia a rifampicina (Rif^R) en librerías y aislados de micobacterias ambientales (MA's).

30. Sahonero Canavesi, Diana y col.

Actividades en *Sinorhizobium meliloti* que degradan a los fosfolípidos y liberan ácidos grasos.

31. Salazar, Emmanuel y col.

Genómica funcional en *Rhizobium etli* CFN42, interpretando los mensajeros del regulón NifA-RpoN2.

32. Salgado, Heladia y col.

RegulonDB: retos y estrategias en el modelado de la regulación genética con una perspectiva genómica.

33. Santamaría, Rosa Isela y col.

Aislamiento y caracterización de bacteriófagos de *Rhizobium etli*.

34. Santillán, Orlando y col.

Identificación de la región responsable de la laxitud del factor $\sigma 70$ DE *Rhizobium etli*.

35. Sayavedra, Lizbeth y col.

Endosimbiontes de la superfamilia *Coccoidea* (Hemiptera: *Sternorrhyncha*) ¿Coespeciación con los insectos?

36. Solís, Rosa y col.

Residuos de amino ácidos esenciales para la actividad de fosfatidilcolina sintasa de *Sinorhizobium meliloti*.

37. Taboada, Hermenegildo y col.

Análisis transcriptómico del metabolismo aeróbico y fermentativo de la cepa *Rhizobium etli* CE3

38. Trejo, Abigail y col.

Análisis proteómico del biofilm mixto *Candida albicans* – *Pseudomonas aeruginosa*.

39. Vences, Miguel Angel y col.

Identificación de una hidroxilasa que modifica los lípidos de ornitina en *Rhizobium tropici*.

40. Villaseñor, Tomás y col.

Genes necesarios para el crecimiento de *Rhizobium etli* CFN42 están localizados en el plásmido p42f.

41. Zamorano, David y col.

Predicción de sitios de unión para las proteínas tipo FNR de *Rhizobium etli*.

42. Dávalos, Araceli y col.

Deleciones en el plásmido e de *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 e receptores |
|--|--|
| Dr. Jesús Caballero M. | Dr. Genevieve Défago. Institute of Plant Sciences, ETH. Zurich, Suiza. 30 Marzo -3 Abril, 2009. Dr. Yvan Moëgne-Leccoz; Dr. Patrick Mavingui. UMR CNRS Ecologie Microbienne. Université Lyon 1. 30 Noviembre-5 Diciembre, 2009. |
| Dr. Julio Collado V. | Jena University, Department of Bioinformatics, Alemania. Diciembre, 2009. |
| Dr. Rafel Palacios de la Lama. M. en C. Margarita Flores. | Dr. Bernard Dujón, Dr. Carmen Buchrieser, Dr. Frank Kunst, Dr. Antoine Danchin, Dr. Didier Mazel. Instituto Pasteur, París Francia. 8 de Junio – 3 de Julio, 2009 Dr. Claudio Stern. University College London. Londres, UK. Junio, 2009. Dr. Patrick O. Brown, Dr. Matthew Scott, Dr. Jan Skotheim. Universidad de Stanford. California, USA. 10- 20 Diciembre, 2009. |
| Dr. Otto Geiger. | Dra. Ma. José Soto. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, España. 14 Abril, 2009. |
| Dra. M.L. Girard. | Dra. María Jesús Delgado. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, España. Septiembre, 2009. |
| Dra. Georgina Hernández. | Dr. Manuel Becana. Estación Experimental Aula Dei, CSIC- Zaragoza, España. Mayo, 2009. Dr. Antonio Márquez. Universidad de Sevilla, España. Mayo, 2009. |
| Dr. Osbaldo Resendis A. | Prof. Pamela Silver. Department of Systems Biology. Harvard Medical School, USA. Junio-Agosto 2009. |
| Dr. David Romero C. | Dra. Irene Castaño y Dr. Alejandro de las Peñas, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICYT). San Luis Potosí, S. L. P., Abril 16-18, 2009. |
| Dr. Christian Sohlenkamp. | Dr. Christian Raetz. Duke Medical School, NC, USA, Raetz, Marzo |

8-15 del 2009.

Dr. Pablo Vinuesa F.

Dr. Francisco Martínez Abarca. Estación Experimental del Zaidín,
CSIC, Granada, España. 22 al 24 de Abril, 2009.

SEMINARIOS IMPARTIDOS EN OTRAS INSTITUCIONES.

Jesús Caballero M

- El uso de los biofertilizantes en cultivos de cereales en México. Foro: Los Agrónomos y el Campo Morelense. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. 21 de febrero, 2009. Conferencia Magistral.
- Investigación y uso de bacterias en la agricultura Mexicana; nuevas bacterias, nuevas oportunidades en agrobiotecnología. VII Jornadas Científicas del Programa de posgrado en Biomedicina y Biotecnología Molecular. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, I.P.N. 27 de marzo, 2009. Conferencia de Clausura.

Miguel A. Cevallos G.

- El control de la replicación en los plásmidos *repABC*. Facultad de Ciencias UAEM. 9 de Febrero del 2009

Dr. Julio Collado V.

- “Computación, Dinámica y complejidad: Bioinformática de la Genómica funcional” Seminario impartido en la Universidad Autónoma Metropolitana, Iztapalapa, Depto. de Química 25 de nov, 2009
- “Modelling of Living Systems: Learning from Linguistics for Biology “ Jena Life Science Symposium, Universidad de Jena, Alemania, Ponencia bajo invitación. 2, dic, 2009.
- “Bioinformatics of bacterial gene regulation – addressing genomic challenges” Jena University, Department of Bioinformatics, Alemania, 3, dic, 2009.

Dr. Sergio M. Encarnación G.

- “Análisis proteómico y transcriptómico de interacciones entre procariotes y eucariotes. Transcriptómica y proteómica herramientas para dilucidar el funcionamiento fisiológico en microorganismos”. Centro de Biotecnología Genómica del IPN, Reynosa Tamaulipas, 27 de marzo del 2009.
- “Análisis proteómico del cáncer cérvico uterino” Instituto Nacional de Salud Pública, Cuernavaca Morelos, 22 de abril del 2009.

Dr. Otto Geiger.

- "Formación, función, y reemplazo de lípidos de membrana en rhizobia" April 14, 2009, at Dr. Ma. José Soto, CSIC, Granada, España.

Dra. Georgina Hernández D.

- “Genómica funcional de la respuesta al estrés abiótico en *Phaseolus vulgaris*. Estación Experimental Aula Dei, CSIC-Zaragoza, España. Mayo, 2009.
- “Genómica funcional de la respuesta al estrés abiótico en *Phaseolus vulgaris* Universidad de Sevilla, España. Mayo, 2009.

Dra. Esperanza Martínez R.

- Conferencia en el “Coloquio científico en Escuelas de Educación Media en el Estado de Morelos”. Colegio de Bachilleres del Estado de Morelos, EMSAD 02-Cuatepec, Mor. 30 de Octubre de 2009.

Dr. Rafael Palacios

- “Relaciones Internacionales de la Licenciatura en Ciencias Genómicas. University College London. Julio 2009.

Dr. Miguel A. Ramírez R.

- “El libro de la vida de *Rhizobium etli*” Ciclo de conferencias ITESM-Cuernavaca. 16 de Noviembre del 2009

Dr. David Romero C.

- “Doble o Nada: la Conversión Génica en el Genoma de *Rhizobium*.” Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICYT). San Luis Potosí, S. L. P. Abril 16, 2009

Dr. Christian Sohlenkamp

- “Modification and biosynthesis of bacterial membrane lipids”. Duke University, Durham, NC, USA. Marzo 13, 2009

Dr. Pablo Vinuesa F.

- Aproximación Filogenómica al Desarrollo de Marcadores Moleculares para Estudios de Microbiología Ambiental y Evolutiva. Simposio de Evolución Molecular, Evento de Conmemoración del Natalicio y Obra de Charles Darwin. Cinvestav-Irapuato, Guanajuato. México. 13 de Febrero, 2009.
- Selección a escala genómica de marcadores moleculares optimizados para estudios de microbiología ambiental y evolutiva. Seminario de investigación en la Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, España. 24 Abril 2009.
- Phylogenomics, molecular markers and natural history of environmental bacteria. Seminario Departamental Facultad de Química, UNAM, México. 13 Noviembre 2009.

6. DIVULGACION DE LA CIENCIA

PUBLICACIONES SOBRE DIVULGACIÓN

Dr. Miguel Angel Cevallos

- “La Influenza A/H1N1: la nueva epidemia” ¿Cómo ves? Año 11 , Número 1XX : XX-XX. Mayo del 2009.

CONFERENCIAS DE DIVULGACIÓN IMPARTIDAS

Dr. Jesús Arellano G.

- “Alimentos y Cultivos Transgénicos: Importancia en México y en el Mundo”. Especialidad de Cirugía Oral y Maxilofacial de la División de Estudios de Posgrado e Investigación de la Facultad de Odontología de la UNAM. 11 de Junio de 2009.

Dr. Miguel A. Cevallos G.

- La Influenza A/H1N1. Colegio Morelos. 12 de Noviembre 2009.

Dr. Humberto Peralta D.

- “Talleres de transferencia de tecnología Biofertilizantes para la agricultura sustentable en México”. Serie organizada por Vinculación-UNAM y Coordinadora de Fundaciones Produce AC, para la difusión de los biofertilizantes entre productores y técnicos agrónomos. En:

Ixtacuixtla, Tlax. Sede de la Fundación Produce Tlaxcala,. Octubre24, 2009.

Morelia, Mich. Sede de la Fundación Produce Michoacán. Noviembre 13, 2009.

Celaya, Gto. Campo Experimental INIFAP-Bajío. Noviembre 14, 2009.

Monte Escobedo, Zac. Casa Ejidal,. Noviembre 27, 2009.

M. en IBB. Oscar Rodríguez S.

- "150 años de Teoría Evolutiva de Darwin". Preparatoria Cuautla. Cuautla, Mor. Enero 22, 2009.
- “Genómicas”. Academia de Ciencias/ CECyTE- Yecapixtla. Enero 28, 2009.
- “Genomas, Darwin y yo: un problema de orígenes. *Colegio Indoeuropeo*. México, DF. Febrero 5, 2009.
- “Darwin”. CUAM- Morelos. Marzo 10, 2009.

- “Aplicaciones de la Genómica”. CECyTE, Zapata. Zapata, Morelos. Marzo, 11, 2009.
- “200 años de Darwin”. Colegio Cocoyoc. Cocoyoc, Mor. Abril 1, 2009.
- “De Genomas y Maromas”. Colegio Williams. Cuernavaca, Morelos. Mayo 6, 2009.
- “Ciencias Genómicas y Evolución”. DGIRE-UNAM. Cuautla, Mor. Mayo 25, 2009.
- “Genomas, un encuentro cercano del tercer tipo”. COBAEM-Cuautla. Cuautla, Mor. Septiembre 4, 2009
- “Genómica y Origen del Hombre”. Preparatoria Quintana Roo. Cuernavaca, Morelos. Septiembre 18, 2009
- “Ciencias Genómicas y Fijación Biológica del Nitrógeno”. Museo de Ciencias Cuernavaca. Octubre 26, 2009.
- “Qué es un Genoma”. Museo de Ciencias –Cuernavaca. Cuernavaca, Mor. Octubre, 27, 2009.
- “Radiactividad”. Preparatoria Quintana Roo. Chamilpa, Morelos. Octubre 28, 2009.
- “Desafíos del Nuevo Siglo”. CUAM. Cuernavaca, Morelos. Noviembre, 10, 2009.
- “Introducción a las Ciencias”. Feria de Ciencia. México, D.F. Noviembre 12 y 13, 2009.
- “Transgénicos”. CCH-Oriente. Noviembre, 23, 2009.
- “Agricultura y Fijación Biológica del Nitrógeno”. CCH-Oriente. Noviembre, 23, 2009.

Dr. César Rodríguez S.

- Participación en las XVII Mesas de Especialistas organizadas por el Colegio Marymount Cuernavaca. Enero 23, 2009.
- Conferencia “Las moléculas del DNA viajeras entre los organismos”. 16ª Semana Nacional de Ciencia y Tecnología en Morelos. El Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos. Jornada Estatal de Ciencia y Tecnología. SEP, Secundaria General # 7 “Francisco Zarco”. Cuernavaca, Morelos. Octubre 28, 2009.

Dr. David Romero C.

- “Determinando la variabilidad en el genoma humano: esperanzas y limitaciones” en la Mesa Redonda: La Genómica Humana: su Aplicación en Salud. Organizada por la Academia Mexicana de Ciencias. Centro Cultural Isidro Fabela “Casa del Risco” Plaza San Jacinto D. F. Viernes 5 de junio de 2009, 10:00 a 14:00 hrs.
- “Coloquio Científico”, Organizado por la Academia de Ciencias del Estado de Morelos y el Instituto Tecnológico de Zacatepec, en el marco del VIII Symposium en Biotecnología y Bioingeniería. Zacatepec, Mor. Octubre 22, 2009.

Dra. Ivonne Toledo G.

- “Proyecto *Jatropha curcas*” para los alumnos de la escuela CBTA-159 de Miacatlan, Morelos. Junio 10, 2009.

PARTICIPACIÓN PROGRAMAS DE RADIO Y TV

Dr. Humberto Peralta D.

- Entrevista para Noticiario Primero Noticias, Televisa con Juan Antonio Ayala sobre el biofertilizante de frijol. Abril 2, 2009.
- E-Conference: Learning from the past: Successes and failures with agricultural biotechnologies in developing countries over the last 20 years. Food and Agriculture Organization (FAO-ONU). <http://www.fao.org/biotech/logs/c16/120609.htm>, www.fao.org/biotech/logs/c16/180609.htm. Junio 12 y 18, 2009.

M en IBB. Oscar Rodríguez S.

- “Gente de Ambiente/ Radio UAEM”/
 - 1) Enero 15 – “Darwin y Galileo”
 - 2) Enero 29 – “Diversidad Genética”
 - 3) Febrero 12 – “El olfato y la selección sexual”
 - 4) Febrero 19 – “El Complejo Mayor de Histocompatibilidad”
 - 5) Marzo 5 – “Hemofilia”
 - 6) Marzo 19 – “El CCG y su impacto en Morelos”
 - 7) Mayo 7 – “Genes y determinación sexual”
 - 8) Mayo 14 – “De la Historia del CCG”
 - 9) Septiembre 3 - “Enseñanza en el aula de la Ciencia”
 - 10) Septiembre 17 – “Aniversario del Programa”
 - 11) Octubre 1 – “Entrevista al CECyT Morelos” (invitado como conductor de programa)
 - 12) Octubre 15 – “El árbol de la vida”
 - 13) Octubre 29 – “Transgénicos”
 - 14) Noviembre 5 – “Plantas medicinales” (invitado como conductor del programa)
 - 15) Noviembre 19 – “¿A que se le llama el genoma mexicano?”
 - 16) Noviembre 3 – “Divulgación científica”

- “Hablando se entiende el ambiente” /Canal 3 de Morelos” (Anécdotas de Científicos)
 - Septiembre 10 – “Darwin ”
 - Octubre 15 – “Historia de los transgénicos”
 - Noviembre 10 – “Mendeleyev”

Dr. David Romero C.

- Entrevista para Grupo Acir (Radio) sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Viernes 13 de marzo del 2009, 13:15 hrs.
- Entrevista para Radio UNAM (860 AM, 96.1 FM) para el programa “Los Retos de la UNAM” sobre los retos para la nueva Dirección del Centro de Ciencias Genómicas. Viernes 20 de marzo de 2009.
- Entrevista para Radio Fórmula (103.3 FM/970 AM, Noticiero de Joaquín López Dóriga) sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Lunes 11 de mayo de 2009, 14:45 hrs.
- Entrevista para Radio Mil (1000 AM, Programa Enfoque, Leonardo Curzio) sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Martes 12 de mayo de 2009, 07:20 hrs.
- Entrevista radiofónica en el programa Pulso Informativo (91.5 FM/880 AM, Guadalajara, Jal., conductora Mafalda Wario) sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Martes 12 de mayo de 2009, 18:25 hrs.
- Entrevista para ABC Radio (760 AM) en el programa “Fronteras del Conocimiento” sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Sábado 16 de mayo de 2009, 20:30 hrs.
- Entrevista para TV UNAM sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Transmitida por TV UNAM dentro del programa “Las respuestas de la Ciencia”. Jueves 4 de junio, 19:00 hrs.
- Entrevista para el programa “Espacio Abierto” (Radio 660 AM, IMER) sobre “Las Ciencias Genómicas y su aplicación en Salud y Otros Campos”. Transmitida el lunes 27 de julio de 2009, 10:00 a 11:00 hrs.

Dr. Pablo Vinuesa F.

- “La influenza, situación actual”. Programa de radio Radioconciencia de la UAEM que conduce Susana Ballesteros, sobre el tema en este programa participaron los Drs. Celso Ramos García y José Luis Díaz Ortega (experto en vacunas) del INSP de Cuernavaca. 14 de Diciembre de 2009

PARTICIPACIÓN EN MEDIOS IMPRESOS

Dra. Georgina Hernández D.

- “Reúnen conocimiento en torno a las leguminosas” En: Investigación y Desarrollo, suplemento mensual de La Jornada. Enero, 2009.
- “Genómica funcional del frijol, la leguminosa más importante de México”. La Unión de Morelos. Año 15, Num. 5467. pp 32-33. Marzo 9, 2009.

Dr. David Romero C.

- Entrevista periodística sobre el Mapa Genómico del Mexicano. Publicada en el periódico *La Jornada*, Miércoles 13 de mayo de 2009.
- Entrevista para la revista electrónica “Buzos” sobre el Mapa del Genoma de los Mexicanos. Disponible desde Junio 1, 2009, en http://www.buzos.com.mx/reporte_nacional_1.html
- “El CCG de la UNAM: Vanguardia mundial en la investigación de biofertilizantes”. Entrevista publicada en el Suplemento mensual Agro XXI del Periódico Reforma, agosto 2009.

M. en IBB. Oscar Rodríguez S.

- Columna editorial del periódico “La Opinión de Morelos”:
 - 1) Febrero 12, “*Darwin y yo*”
 - 2) Agosto 19, “*Chimpancés*”
 - 3) Septiembre 2, 2009, “*Biografía de Werner von Braun*”
 - 4) Septiembre 10, 2009 “*Nobel y las Matemáticas*”
 - 5) Septiembre 17, 2009 “*Nobel y las Matemáticas, segunda parte* –
 - 6) Octubre 14, 2009 , “*Breves discursos de científicos*”
 - 7) Octubre 21, 2009 “*Mendeleyev*”
- Revista electrónica “Cienciorama” de la Dirección General de Divulgación de la UNAM. “*¿Qué región del genoma Humano, nos distingue del Chimpancé?*” Agosto 19, 2009.
- Diario de Morelos. “*El genoma Mexicano*”. Septiembre 1, 2009.

Dra. Ivonne Toledo G.

- Entrevista en la Secretaría de Desarrollo Agropecuario del Gobierno del Estado de Morelos en reunión de trabajo publicada en El Sol de Morelos. Julio 30, 2009.

DIPLOMADOS “PENSAMIENTO CIENTÍFICO EN EL AULA”.
**Coordinado por la Academia de Ciencias de Morelos. Para profesores de Secundarias
generales y Preparatorias.**

Participación de académicos del CCG.

Dr. Jesús Arellano G.

- “De la Naturaleza a la Domesticación y al Fitomejoramiento y del Fitomejoramiento tradicional a los Cultivos Transgénicos”. Diplomado “Pensamiento Científico en el aula” para profesores de preparatoria. Diciembre 12, 2009.

Dra. Sara I. Fuentes M.

- Visita Guiada al Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales e Invernaderos. Enero 31, 2009
- “Técnicas de Cultivo de Tejidos Vegetales”. Marzo 21, 2009.

T. Lab. M. Ángeles Moreno O.

- “Las técnicas básicas de Microbiología y Biología Molecular que se emplean en el laboratorio” Enero 31, 2009.

M. en IBB. Oscar Rodríguez S.

- Coordinador general y del módulo “Historia de las Ideas Científicas.

Dr. César Rodríguez S.

- Coordinador General Académico y Coordinador Académico del Módulo de Biología.

Dra. Mónica Rosenblueth L.

- “Coevolución entre bacterias e insectos”. Marzo 21, 2009.

**PARTICIPACIÓN COMO JURADO EN CONCURSOS DE INICIO A LA
INVESTIGACIÓN**

Dr. David Romero C.

- Participación como jurado en el área de ciencias (nivel preparatoria) del XX Congreso Regional de Investigación. Organizado por el Centro Universitario Anglo Mexicano, la Academia Mexicana de Ciencias y la UNAM. Cuernavaca, Mor., 22 de abril de 2009.

M. en IBB. Oscar Rodríguez S.

- Jurado en el Concurso de Posters “Colegio Morelos”. Nivel medio y medio superior. Febrero 26, 2009.
- Jurado del Concurso de Ciencia y Tecnología. “Ciudad de Cuernavaca”. Nivel medio y medio superior. Marzo 13, 2009.
- Jurado del Concurso de Ciencia y Tecnología. “Colegio Williams”. Nivel medio y medio superior. Mayo 28, 2009.
- Jurado en el Concurso Nacional de Investigación. CECyTE. Cocoyoc, Morelos. Junio 3 y 4, 2009.

Dr. César Rodríguez S.

- Jurado en el VII Concurso de Investigación Científica y Prototipos. Proyecto con...ciencia 2009. III Encuentro Estatal de Ciencias. Colegio Morelos de Cuernavaca. Cuernavaca, Morelos. Febrero 27, 2009.
- Jurado en la Décima Expociencia 2009. Evaluador de carteles. Escuela de la Ciudad de Cuernavaca. Cuernavaca, Morelos. Marzo 29, 2009.
- Jurado en el XX Congreso de Investigación CUAM (Centro Universitario Anglo Mexicano, S.C- Preparartoria). Sede Plantel del CUAM. Jurado en el área de Ciencias – Categoría Secundaria. Cuernavaca, Morelos. Abril 22, 2009.
- Miembro del comité evaluador de Carteles en el Congreso Nacional 2009 de la Sociedad Mexicana de Genética. Xalapa, Veracruz, México. Octubre 6-10, 2009.

Dra. Ivonne Toledo G.

- Jurado en el III Encuentro Estatal de Ciencias. Colegio Morelos de Cuernavaca. Cuernavaca, Morelos. Febrero 27, 2009.

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)

Universidad Autónoma de Nuevo León. Diciembre 3, 2009.

Dra. Susana Brom K. “Transferencia horizontal de material genético”
Dr. Michael F. Dunn. “Investigación del metabolismo bacteriano mediante genómica funcional.”
Dra. M. Lourdes Girard. “Análisis de la regulación de la expresión genética de *Rhizobium etli* en respuesta a la concentración de oxígeno”.

Del Programa Jóvenes hacia la Investigación. DGIRE-UNAM

Preparatoria 2- *Jóvenes a la Investigación*- DGIRE-UNAM. Febrero 19, 2009
Preparatoria 8 – *Jóvenes a la Investigación*- DGIRE-UNAM. Septiembre 24 ,2009.
Preparatoria 6 – *Jóvenes a la Investigación*- DGIRE-UNAM. Octubre 23 , 2009
Preparatoria 6 – *Jóvenes a la Investigación*- DGIRE-UNAM. Noviembre 12 , 2009
CCH-Oriente – *Jóvenes a la Investigación*- DGIRE-UNAM. Noviembre 20 , 2009

Otras visitas

Preparatoria Tomás Alva Edison / DGIRE- UNAM. Enero 29, 2009.
Facultad de Ciencias – UNAM “*Una vuelta por la UNAM*” – DGIRE. Marzo 12, 2009.
Universidad de Querétaro – Lic. Biotecnología. Abril 24, 2009.
Universidad Autónoma de Nuevo León. Ciencias Químicas. Mayo, 6, 2009
CBTA 155. Mayo, 29, 2009
CUAM- Morelos. Septiembre 9, 2009.
Preparatoria Quintana Roo. Septiembre 18, 2009.
Universidad de Nuevo León – Biotecnología. Noviembre 3, 2009
Biotecnología – Juriquilla. Noviembre 4, 2009

7. INFRAESTRUCTURA Y MANTENIMIENTO DEL CCG

Durante 2009 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 propios y con el apoyo de la Dirección General de Servicios de Cómputo Académico y el Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, se expandió en un tercio la capacidad de almacenamiento y procesamiento del cluster de cómputo del CCG. Asimismo, se proveyó a la Biblioteca del CCG de dos nuevas computadoras para atención de los usuarios. Se adquirió un ultracongelador horizontal con recursos de la Dirección del CCG para atender necesidades generales de almacenamiento.

Se construyó y equipó un aula adicional en la Unidad de Docencia del CCG, así como una oficina de Divulgación y otra de Apoyo de Cómputo en el Área Administrativa del CCG.

Con recursos propios y con el apoyo de la Coordinación de la Investigación Científica, se adquirió e instaló una nueva planta de emergencia, adicional a la ya existente, lo que permitirá separar la carga actual en dos plantas. Esto resolvió problemas de capacidad insuficiente de energía de emergencia que habían aquejado al CCG por los últimos seis años.

Con recursos adicionales otorgados por la Rectoría de la UNAM, y como parte de los trabajos de mantenimiento 2009, se impermeabilizaron todos los techos del CCG y la LCG (3000 m²), se pintó el exterior de los edificios (9000 m²), se rehabilitaron plafones y pisos en laboratorios y Unidad Administrativa, se rehabilitó el interior del Auditorio, se reacondicionó la Unidad Habitacional, se reacondicionó y reencarpetó el estacionamiento y un camino empedrado, se rehabilitó la cerca perimetral y cancha deportiva, se repararon seis aulas de docencia y se adaptó un espacio para comedor de trabajadores administrativos. Es importante señalar que la gran mayoría de los trabajos de mantenimiento se hicieron con el apoyo de los trabajadores de base. Adicionalmente, se sustituyeron seis tanques de almacenamiento de gas natural, que habían superado ya su vida útil segura. Para reforzar la seguridad del CCG, se adquirieron e instalaron tres cámaras de seguridad.