

**ÁREA
CIENCIAS
NATURALES**

1) Mecanismo molecular de acción del sistema de quorum sensing NprR-NprRB en la esporulación de *Bacillus thuringiensis*.

Autores: Rosina Cabrera, Jorge Rocha, Gabriel Guarneros, Adela Rodríguez-Romero, Mayra de la Torre.

2) Diversidad bacteriana en consorcios degradadores de fenantreno en agua de mar sintética.

Autores: García-Uitz Karla, Giacóman-Vallejos Germán, Rojas-Herrera Rafael, Ponce-Caballero Carmen.

3) Diseño, elaboración y evaluación citotóxica de sistemas de liberación de fármacos nanométricos para la encapsulación de flavanonas naturales líder y modificadas.

Autores: Berenice Andrade, Vera Petricevich, Valeri Domínguez, Beatriz Clares, Ana Calpena, María Luisa García y María Luisa Garduño.

4) Determinantes estructurales de la oligomerización en proteínas.

Autores: Alejandra Hernández Santoyo.

5) La enseñanza de la Propiedad Intelectual en las carreras de Ciencias. Casos de Estudios.

Autores: Dr. Liudmila Morán Martínez, Dr. Nidia Sánchez Puigbert.

6) Efecto de la combinación alginato, caseína, lactoglobulina en el encapsulamiento y viabilidad de *Lactobacillus rhamnosus* GG.

Autores: Gabriela Ramos-Clamont Montfort, Mireya Hugues Ayala, Humberto González Ríos, Luz Vázquez Moreno.

7) Biofertilización, clave para la producción sustentable de cultivos y biocombustibles.

Autores: Ernesto Ormeño Orrillo, Lorena Gómez Godínez, Martha G. López Guerrero, Julio Martínez, Mónica Rosenblueth, Marco A. Rogel, Esperanza Martínez Romero.

8) Potencial de producción de bioetanol de segunda generación por la Actinobacteria *Micromonospora* L5.

Autores: Liliana Calzadiaz Ramírez, María Valdés.

Mecanismo molecular de acción del sistema de quorum sensing NprR-NprRB en la esporulación de *Bacillus thuringiensis*

¹Rosina Cabrera, ¹Jorge Rocha, ²Gabriel Guarneros, ³Adela Rodríguez-Romero, ¹Mayra de la Torre

¹Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A. C. Carretera a La Victoria Km 0.6, Hermosillo, Sonora 83304, México. ²Departamento de Genética y Biología Molecular CINVESTAV. Av. Instituto Politécnico Nacional 2508 Col. San Pedro Zacatenco 07000 México, D.F., México.

³Instituto de Química. UNAM. Circuito exterior s/n Cd. Universitaria Coyoacán México, D.F. 4510, Mexico.
cabrera.rosina@gmail.com

Introducción

Quorum sensing (QS) es un mecanismo de comunicación bacteriano para regular la expresión génica en respuesta a la densidad celular, a través de moléculas de señalización y proteínas receptoras [1]. NprR pertenece a la familia de receptores intracelulares de QS RNPP, los cuales son activados por oligopéptidos de señalización en bacterias Gram-positivas. En *Bacillus thuringiensis* (Bt), *nprR* está localizado en un casete transcripcional con *nprRB* que codifica para el precursor del péptido de señalización NprRB. NprR fue descrito como un regulador transcripcional activado por la unión de NprRB para activar la expresión de la proteasa neutra NprA [2], y existe evidencia que sugiere que este receptor también participa en la regulación de la esporulación de Bt, pero se desconoce el mecanismo molecular. En este trabajo se estudió el reconocimiento molecular del receptor de QS NprR con su péptido de señalización NprRB y con el regulador de respuesta Spo0F, que participa en la regulación del inicio de la esporulación, todos codificados en el genoma de Bt.

Metodología

1. Producción y purificación de las proteínas recombinantes NprR y Spo0F.
2. Interacción entre péptidos sintéticos putativos (codificados en *nprRB*) y la proteína NprR *in vitro*, por calorimetría de titulación isotérmica.
3. Análisis *in silico* de la secuencia aminoacídica de NprR y las proteínas Rap que interaccionan con Spo0F para regular el inicio de la esporulación en *Bacillus subtilis*.
4. Construcción de una mutante de la cepa Bt8741 en la que se eliminaron los genes *nprR-nprRB* (cepa $\Delta nprR-nprRB$)
5. Interacción de NprR y el complejo NprR-NprRB con Spo0F *in vitro*, mediante fluorescencia intrínseca del triptófano.

Resultados y discusión

Se obtuvieron a las proteínas recombinantes NprR y Spo0F solubles y plegadas. Los péptidos SKPDIVG, SKPDIVG y SSKPDIV fueron reconocidos por NprR *in vitro* con constantes de disociación de 7.19 nM, 28.10 nM y 70.92 nM, respectivamente. Los péptidos que interaccionaron con NprR *in vitro*, habían mostrado tener un efecto sobre la esporulación en cultivos de Bt

in vivo [3]. El análisis *in silico* empleando la secuencia aminoacídica de algunas Rap de Bs y NprR, mostró que NprR está relacionada filogenéticamente con las proteínas Rap que se unen a Spo0F para modular el inicio de la esporulación en Bs. Así mismo, se encontró un 85% de similitud entre los residuos de la interfase de Rap-Spo0F y los residuos de NprR posiblemente involucrado en su interacción con Spo0F, sugiriendo que NprR y Rap quizás se unan en la misma superficie de Spo0F. La cepa mutante $Bt\Delta nprR-nprRB$ presentó actividad de proteasa disminuida y un retraso en el inicio de la esporulación. Para comprobar que el efecto era a nivel del *phosphorelay*, se evaluó la activación de la transcripción de los genes *spoIIA* y *spoIIIG* (genes que codifican para los factores sigma específicos de esporulación σ^F and σ^G , respectivamente) en la mutante y en la cepa silvestre. Se encontró que del al inicio de la fase de transición (t_0) y 2 h después del inicio de la fase de transición la expresión de *spoIIA* y *spoIIIG* fue 12 y 116 veces mayor en la cepa silvestre con respecto a la mutante. Esto significa que NprR interviene en la modulación del *phosphorelay*. Posteriormente, se demostró la unión directa de Spo0F a NprR y al complejo NprR-NprRB. Siendo la $K_d=7.121 \mu M$ para la unión de Spo0F a NprR y de $25.91 \mu M$ para la unión de Spo0F al complejo NprR-NprRB.

Conclusiones

Mediante una predicción *in silico* (teórica), experimentos *in vivo* y *in vitro* se obtuvo información que soporta un modelo para la regulación de la esporulación de Bt por el sistema NprR-NprRB a través de la modulación del *phosphorelay*

Referencias

1. Miller MB, Bassler BL. 2001. Quorum sensing in bacteria. Annual Review of Microbiology 55:165-199
2. Dubois et al. 2012. Necrotrophism is a quorum-sensing-regulated lifestyle in *Bacillus thuringiensis*. PLoS Pathogens 8:1-10.
3. Rocha et al. 2012. Evolution and some functions of the NprR-NprRB quorum sensing system in the *Bacillus cereus* group. Applied Microbiology and Biotechnology 94:1096-1078.

Diversidad bacteriana en consorcios degradadores de fenantreno en agua de mar sintética.

*^a García-Uitz, Karla, ^b Giacóman-Vallejos Germán, ^b Rojas-Herrera Rafael, ^b Ponce-Caballero Carmen.

^a Universidad Autónoma del Carmen. Facultad Ciencias de la Salud, Campus III. Av. Edzná S/N Esq. Fracc. Mundo Maya CP. 24115. Cd. del Carmen, Campeche ^b Universidad Autónoma de Yucatán. Facultad de Ingeniería. Industrias No-Contaminantes S/N x Periférico Norte. CP. 97310, Mérida, Yucatán. * cguitz@pampano.unacar.mx

Introducción

El fenantreno es un hidrocarburo poliaromático simple (HAPs), el cual está ampliamente distribuido en la naturaleza, como un componente de los combustibles fósiles formado de un combustible incompleta de materia orgánica. Es considerado un contaminante peligroso para la vida acuática, plantas y de otros organismos y con frecuencia ha sido mencionado como uno de los 16 hidrocarburos poliaromáticos que pueden ser carcinógenos. La degradación de éste, es necesaria para preservar el medio ambiente y la salud humana ya que la exposición prolongada a este contaminante puede provocar enfermedades en la piel. El fenantreno ha sido usado como un modelo para estudios de biodegradación de hidrocarburos poliaromáticos realizados por bacterias (Mrozik y Piotrowska-Seget 2010). Numerosos consorcios y bacterias puras han sido aislados de suelos y sedimentos para evaluar su capacidad para utilizar fenantreno como fuente de carbono y energía. El presente estudio tiene como objetivo conocer la diversidad bacteriana de cuatro consorcios aislados, usando la pirosecuenciación del gen 16S ARNr.

Métodos

Para determinar la diversidad de los consorcios microbianos, (AS7, AS8, SS4 y SS10) éstos se cultivaron por 5 días a 37°C. La extracción del ADN, se basó en el método de sílica descrito por Rojas-Herrera et al. (2008). El ADN extraído fue cuantificado en un espectrofotómetro a longitudes de onda de 260 y 280 nm. La integridad del ADN fue verificada mediante electroforesis en geles de agarosa al 1.2%. El ADN genómico extraído, fue enviado para pirosecuenciación en el laboratorio *Research and testing laboratory* (Lubbock, Tx).

Resultados y discusiones

Un total de 19,805 secuencias bacterias (16S ARNr), fueron obtenidas en los 4 consorcios analizados. En las comunidades microbianas fueron identificados principalmente seis phylum, en los cuatro consorcios aislados, el phylum predominante fue *Proteobacteria* (55.5 – 72.3%), al igual fueron identificados phylum como *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Cyanobacteria* y *Firmicutes*, los cuales se encontraron en un porcentaje menor al 5.1. Cabe mencionar que al mismo tiempo se encontró una cantidad significativa entre el 22.5 a 32% de no clasificados (derivados de bacterias). Estos no tenían un phylum asignado de acuerdo a la base de datos MG-RAST. A nivel clase dentro de la clasificación taxonómica del phylum *Proteobacteria*, el grupo predominante fue *Gamma*proteobacteria con un porcentaje entre 48 -58%, seguido por *Alphaproteobacteria* (6 -15%), *Betaproteobacteria* (5-7%) y *Deltaproteobacteria*, *uncultured proteobacteria* y *Epsilonproteobacteria* con menos del 3%. (Figura 1).

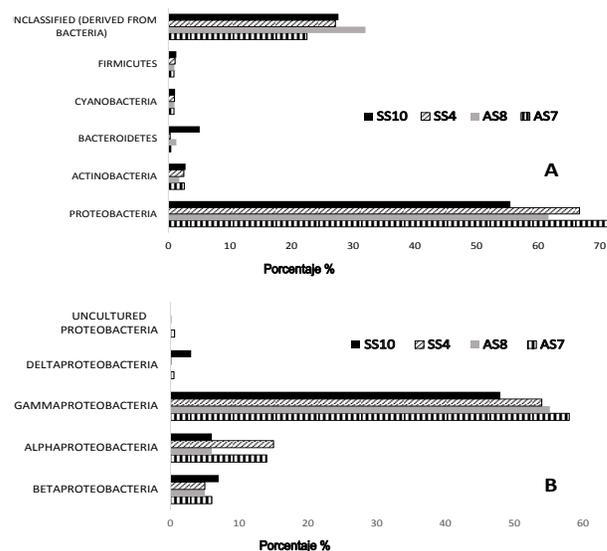


Fig. 1. Asignación taxonómica de 16S ARNr, secuencias de genes identificados de sedimentos (SS4 y SS10) y agua de mar sintética (AS7 y AS8), respectivamente, clasificados por (A) phylum y (B) clases dentro del phylum *Proteobacteria*.

En este estudio, un total de 106, 101, 129 y 153 unidades operacionales taxonómicas (OTUs) fueron identificadas en los consorcios AS7, AS8, SS4 y SS10, respectivamente. Los consorcios fueron analizados a nivel especies, encontrándose en mayor abundancia la *Alcalinovorax venustensis*, con 63 y 40.4% en los consorcios SS4 y AS7, y *Halomonas* en AS8 y SS10 con 46.8 y 27.6%, respectivamente. Sin embargo en el consorcio AS7 esta especie fue encontrada en un porcentaje <1%. Del mismo modo, especies como *Bradyrhizobiaceae*, *Rhodospirillaceae*, *Agrobacterium*, *Pseudomonas*, *Erythobacter*, *Pelagibius*, entre otros, fueron encontradas en AS7.

Conclusiones

La diversidad de cada consorcio fue evaluada, encontrándose principalmente el phylum *Protobacteria* (55 - 72.3%), siendo la clase más abundante *Gamma*proteobacteria (48-58%); y las especies más abundantes *Halomonas sp* and *Alcalinovorax venustensis*.

Agradecimiento

Este estudio fue apoyado por el CONACYT, Proyecto No. CB-2011-01169868.

Referencias

1. (Mrozik and Piotrowska-Seget 2010. *Microbiological Research*, 165, (5) 363-375
2. Rojas-Herrera et al. 2008. *Molecular Biotechnology*, 40, (1) 13-17.

Diseño, elaboración y evaluación citotóxica de sistemas de liberación de fármacos nanométricos para la encapsulación de flavanonas naturales líder y modificadas

^a Berenice Andrade, ^b Vera Petricevich, ^{c,d} Valeri Domínguez, ^e Beatriz Clares, ^{c,f} Ana Calpena, ^{f,g} María Luisa García y ^{*d} María Luisa Garduño.

^a Facultad de Ciencias, Univ. Autónoma del Estado de Morelos

^b Facultad de Medicina, Univ. Autónoma del Estado de Morelos

^c Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Facultad de Farmacia, Universidad de Barcelona, España.

^d Centro de Investigaciones Químicas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad 1001. C.P. 62209 Cuernavaca, Morelos, México, *lgarduno@uaem.mx

^e Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, España.

^f Instituto de Nanociencia y Nanotecnología (IN²UB). Universidad de Barcelona, España.

^g Departamento de Físicoquímica, Facultad de Farmacia, Universidad de Barcelona, España

Introducción

El cáncer es causado por anomalías en el material genético de las células, las cuales son provocadas por agentes físicos, productos químicos y/o biológicos. El objetivo de este proyecto de investigación es diseñar y elaborar sistemas nanométricos de liberación de fármacos para mejorar algunos aspectos problemáticos relacionados con el cáncer; para ello se consideraron las flavanonas (2S)-5,7-dihidroxi-6-metil-8-prenilflavanona (**1**) y (2S)-5,7-dihidroxi-6-metil-8-prenil-4'-metoxi-flavanona (**2**) como líderes para generar nuevos compuestos (**1a-d** y **2a-d**) según la estrategia de modificación del compuesto líder con potencial citotóxico.

Métodos

Del extracto de metanólico de las hojas de *Eysenhardtia platycarpa* se aislaron dos flavanonas: (**1** y **2**) estas flavanonas se identificaron por el análisis estructural de RMN-¹H unidimensional y bidimensional así como por EMHR.¹ Estas se emplearon como compuestos líder para diseñar nuevos compuestos según la estrategia de modificación del líder para aumentar la actividad biológica, así como la mejora de sus propiedades farmacocinéticas. Las flavanonas naturales se sometieron a cambios estructurales por reacciones sintéticas como: Acetilación (**1a** y **2a**),² metilación (**1b** y **2b**),³ ciclación (**1c** y **2c**)⁴ y la vinilogo-ciclación (**1d** y **2d**),⁵ los productos de estas reacciones fueron caracterizados por el análisis de espectroscopia. La actividad citotóxica fue evaluada frente a las líneas celulares HeLa y Vero y expresada como % de la inhibición de crecimiento celular.⁶ La elaboración de nanoemulsiones cargadas con los compuestos **1** y **2** (**NE1** y **NE2**) se realizó de acuerdo con la metodología de Domínguez, *et al* 2014,⁷ en una concentración del 0.5 % (w/w) por medio del proceso de sonicación de los componentes de la formulación en un baño ultrasónico. De igual manera, se elaboraron nanopartículas poliméricas cargadas con los compuestos **1** y **2** (**NP1** y **NP2**) empleando la técnica de desplazamiento disolvente (1.5 mg/mL) descrita por Domínguez *et al.*⁷ El tamaño de **NES** y **NPS** fue determinado por la espectroscopia de correlación de fotón (PCS) con un equipo Zetasizer Nano ZS. El examen morfológico y estructural fue realizado por la microscopía de transmisión electrónica (TEM) con Jeol1010 (Zeiss, Barcelona, España).

Resultados y discusión

Fue posible observar que el compuesto **1b**, fue el más activo frente a las células HeLa (53 %) y la flavanona natural **1** frente a las células Vero (61 %). Por otra parte, de la serie 2, el compuesto **2b** fue el más activo frente a HeLa (51.7 %) y el compuesto **2d** fue el más activo frente a Vero (70.44 %). Para ambos grupos de sistemas nanométricos de liberación **NE1/NE2** y **NP1/NP2**; **NE1** y **NE2** fueron isotrópicos, transparentes, y ligeramente viscosos, mostrando una media de tamaño de partícula de 48.91 ± 2.30 y 49.67 ± 2.33 nm, respectivamente; mientras **NP1** y **NP2** mostraron medias de tamaño de partícula de 173.26 ± 3.43 y 156.16 ± 2.28 nm, respectivamente.

Conclusiones

El compuesto **2b** fue selectivo a HeLa con un 51.7 % y el compuesto **2c** fue el más activo para la línea celular Vero con 70.44 %. Es posible observar que la presencia del grupo metilo en los compuestos **1b** y **2b** puede tener alguna influencia en el incremento de la citotoxicidad frente a las células HeLa. Con respecto al tamaño de partícula, las formulaciones **NES** mostraron un tamaño significativamente menor al observado para las formulaciones **NPS**.

Agradecimientos

A Gattefossé por los componentes de las formulaciones **NES**, a CONACyT por la beca 253949 y al Ministerio de Ciencia e Innovación de España por el proyecto MAT2011-26994.

Referencias

- Domínguez-Villegas, V. *et al* (2013) *Nat. Prod. Comm.* 8:177-180.
- Lin, Y-L. *et al* (1991) *Chem. Pharm. Bull.*; 39:3132-3135.
- Ma, W. *et al* (1995) *Phytochemistry*; 39:1049-1061.
- Jain, A. C. *et al* (1978) *Tetrahedron*; 34:3563-3567.
- Nagar, A *et al* (1978) *Tetrahedron Letters*, 23:2031-2034.
- Petricevich, V. L. *et al* (2007) *Toxicol.* 50:666-675.
- Domínguez, V *et al* (2014) *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces*, 116:183-192.

Determinantes estructurales de la oligomerización en proteínas

Alejandra Hernández Santoyo
 Instituto de Química, Universidad Nacional Autónoma de México.
 Circuito exterior, Ciudad Universitaria. Coyoacán 04510 México, D.F.
 hersan@unam.mx

Introducción

Una gran cantidad de las proteínas presentes en la naturaleza se encuentran en forma oligomérica o requieren cambiar su estado de oligomerización para cumplir con una función determinada. Este proceso de asociación puede provocar un efecto positivo o negativo en las propiedades de las proteínas. Por un lado puede regular su función, favorecer su estabilidad y actividad y por el otro puede generar proteínas no funcionales y la formación de depósitos en fibras, dando lugar a un gran número de enfermedades degenerativas. Es importante notar que cada proteína sigue un mecanismo diferente para la formación de los estados oligoméricos. En el presente estudio se analizarán los mecanismos que siguen algunas de ellas y sus implicaciones funcionales.

Metodología

Se seleccionaron 5 proteínas de diferentes fuentes en las que se ha detectado oligomerización que puede dar un efecto positivo o negativo en su función. La purificación se realizó utilizando técnicas cromatográficas apropiadas para cada proteína. El análisis del estado oligomérico se realizó utilizando dispersión dinámica de luz. La estabilidad en cada estado se determinó por termofluorescencia diferencial de barrido. A cada proteína se le realizaron pruebas de actividad y estabilidad en diferentes estados oligomérico. Las proteínas se cristalizaron utilizando la técnica de difusión de vapor en gota colgante¹. Los datos obtenidos por difracción de rayos X se procesaron con XDS², la estructura se determinó por reemplazo molecular y se afinó utilizando el programa PHENIX³.

Resultados y discusión

Se observó que cada proteína presenta un comportamiento diferente cuando se le modifica su estado oligomérico. En algunos casos se observó un incremento en la actividad en varios ordenes de magnitud lo que puede ser ocasionado por la exposición de un mayor número de sitios catalíticos (Figuras 1 y 2), Por estos mecanismos también se logró un incremento en su estabilidad al proteger zonas lábiles e incluso en algunos casos cambiaron su función. En el caso de la Lisozima de camarón, esta proteína incrementó su actividad y afinidad por medio de procesos de oligomerización. Además mostró la capacidad de formar poros que pueden hidrolizar la pared celular de bacterias Gram (+) y (-) (Figura 2)

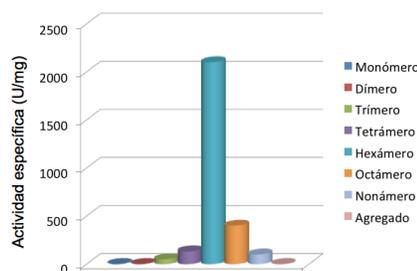


Figura 1. Efecto del estado oligomérico en la actividad de una de una celulas del molusco marino *Megathura crenulata*

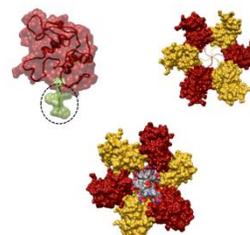


Figura 2. Oligomerización de una Lisozima del camarón, *Penaeus vannamei*

Conclusiones

Una gran variedad de proteínas pueden incrementar su actividad, estabilidad y especificidad mediante procesos de oligomerización. Dicha asociación puede ocurrir por diferentes mecanismos y es posible controlarlos con la adición de aditivos específicos para cada proteína.

Agradecimientos

Este estudio fue apoyado por la DGAPA-UNAM con el proyecto IN207013 y por el CONACyT con el proyecto 166472. Agradezco además al Laboratorio Nacional de Estructura de Macromoléculas del Instituto de Química de la UNAM por su apoyo en la colecta de datos de difracción de rayos X.

Referencias

1. McPherson A, Gavira JA (2014) Acta Cryst. F70, 2-202.
2. Kabsch W. (2010) Acta Cryst. D66, 125-132
3. Adams, et al., (2010) Acta Cryst. D66 213-221

La enseñanza de la Propiedad Intelectual en las carreras de Ciencias. Casos de Estudios

¹DrC. Liudmila Morán Martínez, ² DrC. Nidia Sanchez Puigbert

¹ Universidad de la Habana, Sal Lázaro Y L, Vedado, La Habana, Cuba, liudmila.moran@gmail.com, ² Instituto Superior de Ciencias y Tecnologías Aplicadas (InsTEC) Ave. Salvador Allende, Quinta de los Molinos, Centro Habana, La Habana. Cuba.

Introducción

Durante muchas décadas, la Propiedad Intelectual ha sido dominio exclusivo de un pequeño número de abogados especializados. Sin embargo, el desarrollo acelerado de las ciencias ha impuesto que profesionales de otras áreas del conocimiento deben estar preparados en esta materia. La necesidad de la enseñanza de Propiedad Intelectual no puede estar limitada solamente a los programas de estudios legales, sino debe ser extendida aquellas carreras de ciencias, ingeniería, arte, arquitectura, diseño industrial, administración de empresas, etc. La introducción de los conceptos y principios del sistema de propiedad intelectual, sus incentivos e infraestructura pueden reportar dividendos más adelante, así como que garantiza la protección de las creaciones de estos futuros profesionales.

Métodos

Es necesario lograr la incorporación de los aspectos de propiedad intelectual en las carreras de Ciencias en Cuba, teniendo en cuenta que en los nuevos planes de estudios estos conceptos aparecen de una forma muy incipiente. Para diseñar las indicaciones metodológicas y la incorporación de los aspectos de propiedad intelectual, se tomaron como referencia los métodos siguientes: histórico-lógico, vivencial, enfoque de sistema, revisión y análisis documental y consulta a expertos,

Se determinaron como casos de estudios la carrera de Licenciatura en Radioquímica y la de Ingeniería Agrícola, donde se tiene mejor preparación del claustro en la materia de propiedad intelectual, experiencias de trabajos en relación con la gestión de la ciencia y la tecnología y los programas de estudios permitían esta nueva vinculación.

En el caso de la Licenciatura de Radioquímica se insertó la materia de Propiedad Intelectual, como parte de la asignatura de Gestión de Ciencia y Tecnología en el cuarto año de la carrera. En la carrera de Ingeniería Agrícola se insertó una nueva asignatura denominada Propiedad Intelectual en el tercer año de la carrera. Los aspectos abordados sobre Propiedad Intelectual en cada carrera fueron de acuerdo al perfil y las necesidades del modelo del profesional. Se utilizó el modelo semipresencial y los

medios de enseñanza consistieron en materiales docentes y recursos tecnológicos.

Resultados y discusión

Se analizaron y discutieron casos de estudios de patentes y otras modalidades de la propiedad intelectual. Se realizaron búsquedas en bases de datos de patentes y comerciales disponibles en Internet. Fueron presentados ejercicios sobre negociaciones de transferencia de tecnología.

Para el caso específico de la carrera de Radioquímica las búsquedas de patentes y el análisis del tipo de protección estuvo dirigido al proyecto de investigación de cada estudiante, con el que culmina la carrera.

Es válido destacar que en ambas carreras, la presencia de estudiantes de sexo femenino fue representativo, lo que posibilita que estas futuras profesionales tengan una formación en gestión de la ciencia y la tecnología y se preparen como líderes científicas.

El resultado principal es que los estudiantes posean los conocimientos sobre la materia de Propiedad Intelectual, lo que posibilita que puedan realizar en su vida profesional proyectos de investigación en temáticas actualizadas, analizar la competencia, encontrar espacios de patentabilidad, proteger los resultados investigativos y visualizar su posible comercialización.

Conclusiones

La propiedad intelectual es un activo intangible que permite capitalizar a corto plazo el resultado de investigación y ayuda a concebir los proyectos investigativos a ciclo completo. Es vital que en la enseñanza pre graduada sobre las Ciencias se inserten estos conocimientos especializados.

Referencias

- Blakeney, Michael., 2009. Handbook on IP curricula and teaching materials. Queen Mary Intellectual Property Research Institute, London.
- Riccheri, Mariano., 2012. Disseminations of IP knowledge in Spanish Universities, Alicante, España.
- Takagi, Yo et al., 2008. Teaching of Intellectual Property. Principles and Methods. WIPO, Geneva.

Efecto de la combinación alginato, caseína, lactoglobulina en el encapsulamiento y viabilidad de *Lactobacillus rhamnosus* GG

*^a Gabriela Ramos-Clamont Montfort, ^aMireya Huges Ayala, ^aHumberto González Ríos, ^aLuz Vázquez Moreno.

^aCentro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A. C. Carretera a La Victoria Km 0.6, Hermosillo, Sonora 83304, Mexico.

*gramos@ciad.mx

Introducción

Los alimentos que contienen probióticos se consideran entre los alimentos funcionales y su consumo crece anualmente. Sin embargo, existen estudios que indican que las bacterias benéficas, añadidas a los alimentos, no sobreviven en poblaciones suficientes para producir un efecto benéfico en la salud. Ello debido a las condiciones ambientales adversas a las que están expuestas durante la vida de anaquel del alimento. Aunado a lo anterior, también tienen que resistir el paso por el tracto gastrointestinal para llegar vivas a su lugar de acción, que es el colon¹. Una alternativa para mantener a los probióticos viables es encapsularlos y el encapsulamiento con alginato es la metodología más usada para esto. Sin embargo, la resistencia a las condiciones gástricas al usar este tipo de encapsulamiento, es muy baja. Por lo tanto se ha propuesto el uso de multicapas^{1,2}. El objetivo de este estudio fue encapsular *Lactobacillus rhamnosus* GG con alginato de calcio recubierto por proteínas de suero de mantequilla (principalmente caseína y lactoglobulina) y determinar el efecto del recubrimiento en la sobrevivencia a condiciones gastrointestinales simuladas.

Materiales y Métodos

Se añadió la suspensión de probióticos (2.7×10^8 FCU/mL) a una solución al 1.5 % (p/v) de alginato de sodio. La mezcla resultante se cargó en el extrusor diseñado y se asperjó a un baño de CaCl_2 0.45 M. Las cápsulas formadas se dejaron endurecer durante 30 min, se lavaron dos veces con agua bi-destilada y posteriormente se les añadió una capa de proteínas de suero de mantequilla, midiendo el cambio de potencial zeta como indicador de la deposición de la capa (Malvern Zetasizer, Nano-ZS 90). Seguidamente se liofilizaron las cápsulas y posteriormente se determinó la sobrevivencia del microorganismos encapsulado, sometiéndolo a condiciones gastrointestinales simuladas en un sistema continuo. Las condiciones gástricas se simularon en presencia de mucina, alimento. HCl y pepsina. El tiempo de residencia fue de 90 min. Las condiciones intestinales se simularon en presencia de pancreatina, bilis y mucinas. Se determinó el tamaño por difracción de láser y la morfología por microscopía electrónica (SEM).

Resultados y discusión

Las micrografías mostraron microcápsulas esféricas (Fig. 1) con diámetros entre 40 y 100 μm . La recubierta de proteínas mejoró la viabilidad después de la liofilización. En estas condiciones la sobrevivencia de la bacteria encapsulada fue de 3.6×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro (UFC/mL) después de 30 días de almacenamiento a -40°C , mientras que la bacteria encapsulada únicamente en alginato, presentó cuentas de 1.2×10^4 UFC/mL. La adición de proteínas lácteas también mejoró la viabilidad del probiótico al someterlo a condiciones gástricas simuladas. En las cápsulas frescas se conservaron cuentas suficientes para ejercer un efecto benéfico a la salud (1.41×10^7 CFU/mL). Sin embargo, cuando se liofilizaron las cápsulas, las cuentas fueron de 7.07×10^5 UFC/mL. No obstante, las cuentas fueron significativamente mayores ($p < 0.05$) que las encontradas para el probiótico encapsulado únicamente con alginato y para el probiótico liofilizado sin encapsular. Por lo tanto, si se usan cápsulas secas, se recomienda añadir una mayor cantidad al alimento, para garantizar que el probiótico llegue viable y en suficiente cantidad al colon, que es el lugar en donde ejercerá su acción benéfica

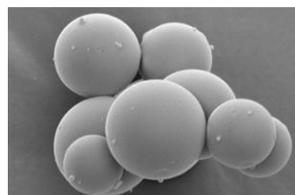


Fig. 1 Micrografía de cápsulas

Conclusiones

La combinación de alginato y proteínas lácteas protegió a *L. rhamnosus* GG de condiciones gastrointestinales simuladas *in vitro*. El efecto protector dependió del grado de deshidratación de las cápsulas.

Agradecimiento.

Trabajo financiado por CONACYT, Mexico, proyecto 169358.

Referencias

- Burgain J., Gaini C., Linder M. y Scher J. 2011. Journal of Food Engineering. 104:467-483.
- Picot A. y Lacroix C. 2003. International Dairy Journal. 13(6):455-462.

Biofertilización, clave para la producción sustentable de cultivos y biocombustibles

Ernesto Ormeño Orrillo, Lorena Gómez Godínez, Martha G. López Guerrero, Julio Martínez, Mónica Rosenblueth, Marco A. Rogel, Esperanza Martínez Romero
Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Cuernavaca, Mor.
esperanzaeriksson@yahoo.com.mx

El nitrógeno (N) es uno de los elementos más limitantes en el suelo. Esta limitación en la agricultura se suple con fertilizantes o con inoculantes (biofertilizantes) basados en bacterias fijadoras de N. En condiciones naturales, estas bacterias proporcionan un servicio ecológico a los ecosistemas al enriquecer el suelo con N. Las enzimas nitrogenasas que participan en la fijación de N se encuentran bien conservadas y los genes que las codifican se han usado como marcadores moleculares para describir la diversidad molecular de fijadores de N. En particular, los fijadores de N simbiotes de plantas intercambian N por C. Entre éstos, los rizobios han merecido particular importancia por los niveles altos de fijación de N que alcanzan en los nódulos de las raíces de las leguminosas. Hemos descrito diversas especies de rizobios nativos de México y el concepto de simbiovar que se refiere a la especificidad de rizobios por las plantas. La especificidad está ligada a plásmidos o islas simbióticas que pueden transferirse entre rizobios, por tanto las filogenias de genes de fijación de nitrógeno y de nodulación no son en muchos casos congruentes con las de genes

cromosomales. Con el objetivo de entender las funciones de fijadores de N en suelo, en especial en rizósfera (el suelo influido por las raíces), hemos seguido enfoques de genómica funcional y de evolución experimental. Encontramos que en rizósfera los genes de fijación de N no se expresan, pero se expresan muchos genes que codifican para transportadores y esto nos ha llevado a proponer hipótesis sobre la nutrición y evolución de rizobios. Proponemos que podemos seleccionar mejores biofertilizantes mediante evolución experimental. Agradecimientos: A PAPIIT (UNAM) IN207615.

Potencial de producción de bioetanol de segunda generación por la Actinobacteria *Micromonospora L5*.

Liliana Calzadía Ramírez; María Valdés.

Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Campus Lázaro Cárdenas. Correo electrónico mvaldesr@ipn.mx

Introducción

Micromonospora L5 es una actinobacteria que en estudios previos ha mostrado degradar los componentes de la pared celular de las plantas, como son la celulosa, xilano y pectina, lo que representa un potencial para el desarrollo de energías renovables a partir de subproductos forestales y agrícolas. El objetivo de este trabajo es determinar en este microorganismo el potencial de producción de etanol por medio de su actividad enzimática a partir de estas diferentes fuentes de carbono.

Materiales y Métodos

Del genoma ya secuenciado de *Micromonospora L5* (NCBI Reference Sequence: NC_014815.1) obtuvimos la información sobre la presencia de las enzimas y con BIOCYC Database Collection, las rutas de degradación de las fuentes de carbono a estudiar. La actividad celulolítica y xilanolítica, se hicieron de acuerdo al método descrito por Ronald y Wood (1982). La actividad pectinolítica se hizo de acuerdo al método descrito por Hankin et al., (1971), revelando con lugol. La cuantificación de la actividad enzimática se llevó a cabo por el método de azúcares reductores de Nelson-Somogyi (1944). La actividad enzimática se midió a pH 6.0, 7.0 y 8.0, temperatura 28°C y 37°C y 4 y 7 días.

Resultados y discusión

Micromonospora L5 tiene en su genoma los 3 tipos de celulasas y múltiples posibles isoenzimas para las mismas. En el mismo genoma, para la degradación xilanolítica se ubicaron las enzimas endo-1,4- beta-xilanasas y la 1,4-beta-xilosidasa y para la pectina, las enzimas pectin esterasa y pectato liasa. Los ensayos de actividad enzimática tanto cuali como cuantitativamente mostraron los valores más altos a temperatura de 37°C y pH 7, para la actividad tanto xilanolítica como pectinolítica. En la actividad pectinolítica se presentó mayor actividad a los 37°C a pH 8.

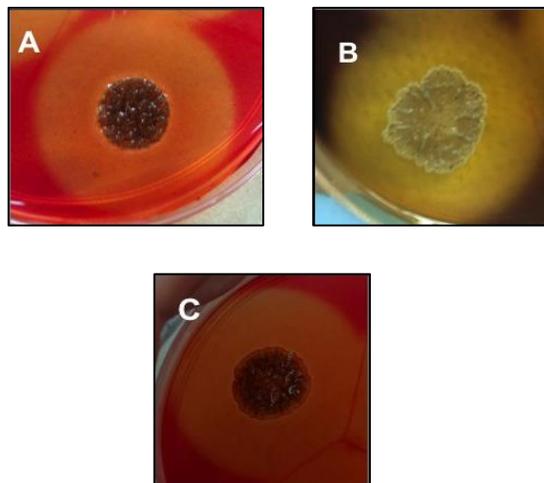


Fig. 1. Actividad cualitativa celulolítica (a) pectinolítica (b) y xilanolítica (c) de *Micromonospora L5*.

Conclusiones

Micromonospora L5 tiene en su genoma las secuencias correspondientes a los genes para la expresión de las enzimas que componen las vías metabólicas de la degradación de los componentes de la pared celular vegetal, como son la celulosa, pectina y xilano. Presenta actividad enzimática hidrolítica a las diferentes condiciones de temperatura y tiempo ensayadas.