



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



***DICER*-mediated Reprogramming of Cell Fate Specification in *Marchantia polymorpha*.**

Adolfo Aguilar-Cruz¹, Ana Dorantes-Acosta¹, Omar Oltehua-López¹, Bernardo Pollak², Takayuki Kohchi³, Kimitsune Ishizaki⁴, John Bowman⁵, Daniel Grimanelli⁶, Jim Haseloff² and Mario Arteaga-Vázquez¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, CB2 3EA, United Kingdom.

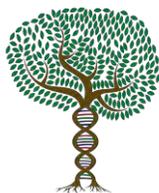
³Graduate School of Biostudies, Kyoto University, Kyoto 606-8502, Japan.

⁴Graduate School of Science, Kobe University, Kobe 657-8501, Japan.

⁵School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne VIC 3800, Australia.

⁶Institut de Recherche pour le Développement, UMR232, Université de Montpellier, 34394, France.

Small RNAs (sRNAs) are essential regulators of gene expression in eukaryotes. *DICER* genes are involved in the biogenesis of sRNAs including microRNAs and small interfering RNAs. Here we report the characterization of mutant alleles of the *Marchantia polymorpha* *DICER-LIKE 1* gene (*MpDCL1*) that we obtained through genome editing using the CRISPR-Cas9 system. Vegetative propagules (gemmae) of *Mpdc1* mutant alleles exhibit additional apical notches and contain ectopical mucilage papillae. At the reproductive level, *Mpdc1* mutants show severe defects during the formation of archegonia. However, the most striking phenotype corresponds to the direct reprogramming of single epidermal cells of the gemma into ectopical gemmae. The expression domain of *MpDCL1* (inferred from reporter gene fusions: *proMpDCL1:GUS*) is restricted to the first layer of cells derived from gemmae initials and to a group of cells located in the central region of the gemmae. Expression of *proMpDCL1:GUS* is negatively regulated by 1-Naphthaleneacetic acid which strongly suggest *MpDCL1* is regulated by auxin. Our results indicate that *MpDCL1* plays a central role in plant development through the regulation of cell specification of structures derived from single epidermal cells that expand out from the epidermal surface during the formation of vegetative propagules and the formation of female gametes



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



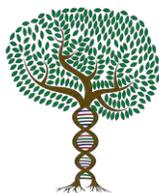
Comportamiento poscopulatorio y proteoma en Moscas de la Fruta (*Diptera: Tephritidae*)

Guadalupe Córdova-García¹ y Diana Pérez-Staples¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

Las glándulas accesorias son estructuras que forman parte del aparato reproductor de los machos. Están formadas por compuestos de varias proteínas tales como proteasas, prohormonas y proteínas antioxidantes, agua, lípidos y carbohidratos; a este grupo de sustancias se les conoce como productos de las glándulas accesorias (PGAs). En algunos insectos, los PGAs tienen un efecto poscópula en el comportamiento de la hembra, ésta puede disminuir los reapareamientos, incrementar la ovulación y oviposición, cambiar la respuesta olfativa de la hembra de responder a la feromona sexual del macho o a los volátiles de hospederos. Estos cambios en el comportamiento poscopulatorio de las hembras es particularmente importante entenderlo en insectos plagas. En este sentido, se pretende generar mayor conocimiento sobre las proteínas producidas en las glándulas accesorias y su función en el comportamiento de la mosca mexicana de la fruta *Anastrepha ludens*, la cual es una importante plaga para la fruticultura. Además, se determinará el efecto de los PGAs en la respuesta de la hembra a la feromona sexual del macho, en el desarrollo ovárico, volátiles de hospedero e inhibición del apareamiento. Los resultados nos permitirán tener un mejor entendimiento de los efectos del eyaculado en el comportamiento reproductivo de esta plaga.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



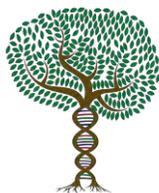
Dispersión de semillas por aves y establecimiento de plántulas del bosque mesófilo de montaña en plantaciones de pino

Tania L. Velázquez-Escamilla¹, Lázaro R. Sánchez-Velásquez¹ y Ernesto Ruelas-Inzunza¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

El bosque mesófilo de montaña (BMM) es uno de los ecosistemas más afectados por la deforestación, además los escenarios del cambio climático sugieren cambios dirigidos hacia menores precipitaciones y mayores temperaturas. La pérdida y transformación del BMM ocasiona cambios regionales microclimáticos, pérdida de especies, disminución de la captación de agua y otros servicios ecosistémicos. Ante esta problemática la restauración ecológica es una estrategia para revertir los efectos en el sistema degradado. En México, el establecimiento de plantaciones con pinos ha sido una opción de rehabilitación de los BMM y otros tipos de vegetación. Sin embargo, esta estrategia está enfocada a la reparación de la función, pero no de la estructura del ecosistema y hay poca información sobre el papel de las plantaciones de pino en procesos de interacción con la flora y fauna local. Por ello este trabajo pretende evaluar el proceso de dispersión de propágulos de árboles del BMM a través de aves, así como su efecto en la germinación y regeneración de las plantas nativas bajo el dosel de plantaciones de pinos. Esto para conocer el papel de estas plantaciones como coadyuvantes en la restauración de los BMM del centro de Veracruz, México.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Respuesta metabolómica de vainilla en interacción con cepas patógena y no patógena de *Fusarium oxysporum*

Sacsi X. Cervantes-Herrera¹, Juan L. Monribot-Villanueva², Lourdes G. Iglesias-Andreu¹, Nadia G. Sánchez Coello³, José A. Guerrero-Analco², Andrés Rivera-Fernández³, Mauricio Luna-Rodríguez³

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Red de Estudios Moleculares Avanzados Clúster BioMimic®, Instituto de Ecología, A.C., Carretera antigua a Coatepec 351, El Haya. C. P. 91070, Xalapa, Veracruz, México.

³Laboratorio de Genética e Interacciones Planta Microorganismos, Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México.

Enfermedades como la pudrición de raíz y tallo ocasionada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*, causa pérdidas superiores al 60% en la producción de *Vanilla planifolia* Jacks.¹ La detección de los metabolitos implicados en la respuesta bioquímica resultante de la infección por patógenos², permitirá evaluar las diferencias metabolómicas de *V. planifolia* en su interacción con cepas de *F. oxysporum*, patógena (M21C5) y no patógena (BC1). Raíces nuevas de esquejes de vainilla se inocularon con una suspensión de esporas de cada cepa. La respuesta se evaluó 36 h, 5 y 10 días post-inoculación. Los controles fueron plantas sin inóculo fúngico. Los extractos se prepararon en metanol y fueron analizados en RP-UPLC-MS-ESI-Q-TOF, en rango de masa 50-1200 Da. Los biomarcadores químicos se determinaron mediante análisis de componentes principales (PCA) y discriminarios de mínimos cuadrados parciales ortogonales (OPLS-DA)³. El PCA mostró menor variación de las características químicas en el tratamiento *V. planifolia*-BC1 y el control, contrario a lo observado para *V. planifolia*- M21C5. Del OPLS-DA se generaron S-plot para analizar los marcadores representativos. La respuesta metabolómica de *V. planifolia* durante la fase inicial y media del establecimiento de la enfermedad presenta diferencias, de acuerdo con el carácter patogénico de la cepa de *F. oxysporum*.



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Efecto de la aplicación de bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB) y digestato sobre el rendimiento de cultivo de lechuga (*Lactuca sativa* L.)

Jeisel Delgado-Flores¹, Laura J. García-Barrera¹, María Myrna Solís-Oba¹

¹Instituto Politécnico Nacional (IPN), Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada (CIBA), Ex-Hacienda San Juan Molino Carretera Estatal Tecuexcomac-Tepetitla Km 1.5, Tlaxcala C.P. 90700, México, infinitium_solem@hotmail.com

La creciente población ha provocado una alta demanda de alimentos, especialmente los de origen vegetal; en consecuencia, los agricultores han utilizado agroquímicos para mejorar los rendimientos de cultivos y satisfacer la demanda, provocando gran contaminación de suelos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el rendimiento de lechuga (*Lactuca sativa* L.) en respuesta a la aplicación de tres bacterias PGPB (A, B y C), aisladas a partir de tres sustratos (composta, digestato y suelo) de forma individual y todas las combinaciones posibles. Durante el verano se establecieron tratamientos con sustrato estéril y no estéril, se fertilizaron cada quince días con digestato al 80% (estéril y no estéril); y simultáneamente se establecieron cuatro testigos, plantas sin tratamiento como control negativo y plantas con un fertilizante químico (NPK 17-17-17) como control positivo. Se midieron altura, hojas vivas y senescentes durante cinco semanas, así como peso seco y longitud de la raíz al final del ciclo del cultivo. El experimento mostro que todos los tratamientos eran comparables a los rendimientos obtenidos del control positivo, por lo que se concluye que mediante la aplicación de bacterias y fertilizantes orgánicos en combinación, se pueden obtener rendimientos equivalentes a los obtenidos con fertilizantes químicos.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Análisis dietario de *Cryptotis mexicanus* (Merriam, 1892) y *Sorex sussurei* (Coues, 1877) (*Mammalia: Eulipotyphla*) mediante código de barras de DNA en un bosque templado del centro de Veracruz

Fernando Cuauhtémoc Molina Montes¹- Jorge Galindo-González¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

Se está realizando un análisis dietario mediante la colecta de excretas y contenidos estomacales para la extracción, amplificación y secuenciación de ADN de la región mitocondrial COI de las presas consumidas por dos especies de musarañas del centro de Veracruz. Con el objetivo de conocer el grado de solapamiento de la dieta de esas dos especies, de marzo a septiembre de 2019 se han capturado 25 individuos, de los cuales se han colectado 20 (19 *C.mex* y 1 *S.saussurei*). Se realizará una disección para extraer los contenidos estomacales y heces de cada individuo y se tomarán muestras para identificación morfológica y para extracción de ADN. Se espera capturar 30 individuos de cada especie (N=60) para obtener una muestra por individuo de las cuales amplificar y secuenciar la región del COI. Se agruparán las secuencias en unidades moleculares taxonómicamente operacionales (MOTU's) para así compararlas con la base de datos del NCBI e identificar la especie o el taxón. Los resultados aportarán información sobre la diferenciación de nicho en dos especies de sorícidos de México así como de las interacciones ecológicas que ocurren en el suelo de los bosques templados.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Sobre expresión de enzimas de *Pycnoporus sanguineus* para degradar lignocelulosa y producir bioetanol

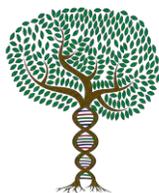
Catalina Guerrero-Villanueva¹, Enrique Alarcón-Gutiérrez¹, Alberto Camas-Reyes², Christian Arturo Hernández-Hernández¹, Lourdes G. Iglesias-Andreu¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (Cinvestav). Libramiento Norte Carretera Irapuato León Kilómetro 9.6, Carr Panamericana Irapuato León, 36821 Irapuato, Gto.

Pycnoporus sanguineus es un hongo basidiomiceto de la podredumbre blanca que cuenta con enzimas con diversas funciones, dentro de las cuales destacan las lignocelulíticas como son lacasas, lignino peroxidasa (LiP), manganeso peroxidasa (MnP), y celobiosa deshidrogenasa (CDH). Tanto la LiP como la MnP son enzimas del grupo de las peroxidases que se caracterizan por tener un grupo hemo y tienen la capacidad de degradar compuestos fenólicos y no fenólicos la lignina, mientras que la CDH afloja la celulosa cristalina favoreciendo, junto con otras enzimas celulolíticas, la obtención de azúcares fermentables para producir bioetanol. Sin embargo, estas enzimas suelen producirse en cantidades reducidas dentro del hongo, además de requerir largos tiempos de residencia cuando se usa el hongo sobre el material lignocelulósico. Por lo que una alternativa para producir mayor cantidad de enzimas es la clonación y sobre expresión de los genes que codifican para ellas, para posterior purificación y empleo de ellas. Bajo este contexto el objetivo de este proyecto es mejorar los procesos de degradación de material lignocelulósico para producción de bioetanol, por medio del empleo de tres enzimas recombinantes de *Pycnoporus sanguineus*.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Dieta de *Carollia perspicillata* (Linnaeus, 1758) en agroecosistemas de cítricos utilizando el código de barras

Fabiola Sierra-Vásquez¹, Alejandro A. Castro-Luna¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

Los murciélagos filostómidos (*Chiroptera:Phyllostomidae*) son endémicos de los neotrópicos, son la segunda familia más numerosa y abundante del orden Chiroptera, además de ser ecológica y morfológicamente diversos. *Carollia perspicillata* es un frugívoro clave para la regeneración de los bosques tropicales debido a que consumen y dispersan principalmente especies de plantas pioneras. El conocimiento de las dietas en murciélagos frugívoros se basa principalmente en el análisis de las semillas contenidas en las muestras fecales, pero este método no permite conocer la identidad de la planta cuando las muestras carecen de semillas. En este trabajo se utilizó el código de barras para determinar la dieta de *C. perspicillata* y analizar su efectividad respecto al método basado en la morfología. Se capturaron 94 individuos de los que se obtuvieron 53 muestras fecales, 29 de ellas conteniendo semillas. El análisis morfológico de las semillas determinó que este murciélago basa su dieta principalmente de especies de la familia Piperaceae identificándose dos especies y cuatro morfotipos, además de una especie de la familia Melastomataceae (*Conostegia xalapensis*). La extracción de DNA de las muestras se realizó con el kit Bioline (isolate fecal DNA Kit), se utilizará la región intergénica trnH-psbA para amplificación de las muestras por PCR.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



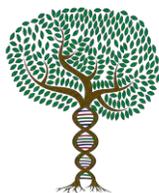
Selectividad en la dieta de murciélagos *Sturnira Gray, 1842* en agroecosistemas de cítricos en el centro de Veracruz.

Eduardo K. Espinosa-Francisco¹, Alejandro A. Castro-Luna¹, Fabiola Sierra-Vásquez¹.

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

Los agroecosistemas usualmente favorecen a la fauna silvestre que habitan las áreas de vegetación nativa circundantes, brindándoles alimento, sitios de percha y refugio o favoreciendo la conectividad entre parches de vegetación. Se ha reportado que los murciélagos frugívoros utilizan los recursos que los cultivos de árboles frutales les provee para complementar su dieta. En general, todos los frugívoros se valen de distintos factores para seleccionar el fruto que van a consumir, olor, color, forma, grado de madurez, tamaño o simplemente la abundancia y disponibilidad del recurso. En este estudio se evaluará cómo dos especies de murciélagos frugívoros abundantes usan los agroecosistemas de cítricos en la región centro de Veracruz. El objetivo de este estudio es identificar la presencia de *Citrus sinensis* y/o *C. tangerina* en la dieta de *Sturnira hondurensis* y *S. parvidens* en los cultivos perennes de esta región mediante el código de barras, y usando ensayos de cafetería, para comprobar si la elección y consumo de cítricos ocurre en presencia de los frutos que usualmente forman parte de su dieta. Con estos resultados podremos conocer si los murciélagos hacen un uso de los recursos alimentarios presentes temporalmente en los agroecosistemas de cítricos

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Coexistencia de los procesos nitrificante, anammox y desnitrificante en la eliminación simultánea de compuestos nitrogenados y carbonados de aguas residuales

Jaime J. Ronzón-Bravo¹, Sergio Martínez-Hernández¹, Antonio Andrade-Torres¹, Mario A. Arteaga-Vázquez¹, Flor de María Cuervo López².

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana – Unidad Iztapalapa, San Rafael Atlixco No. 186, Col. Vicentina, Delegación Iztapalapa, C. P. 09340, Ciudad de México, México.

El proceso simultáneo de nitrificación parcial, anammox y desnitrificación (SNAD) representa una alternativa atractiva para la eliminación de nitrógeno y carbono en un solo reactor, sin embargo, los límites operacionales para garantizar la estabilidad del proceso no han sido bien definidos. El objetivo de esta investigación es evaluar a través de variables de respuesta fisiológicas, y de la estructura de la comunidad microbiana, la coexistencia del proceso SNAD en el tratamiento de aguas residuales a diferentes concentraciones de oxígeno y de carbono orgánico. Primeramente, se llevó a cabo la estabilización de los tres consorcios microbianos requeridos el proceso SNAD. El consorcio anammox presentó eficiencias de consumo de amonio (NH_4^+) y nitrito (NO_2^-) cercanas al 100%, rendimientos de producción de nitrógeno molecular superiores a 0.7 y rendimientos de producción de nitrato (NO_3^-) cercanos a la estequiometría teórica. De acuerdo al análisis de la comunidad microbiana anammox, realizado mediante amplificación por PCR de secuencias del gen 16S rRNA, electroforesis en gel con gradiente de desnaturalización, secuenciación y comparación con bases de datos de NCBI, las poblaciones predominantes posiblemente pertenezcan al género *Jettenia*. Al momento, los consorcios se encuentran estabilizados y se procederá a llevar a cabo la interacción de los 3 procesos.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Molecular and ecophysiological characterization of salt stress response of *Marchantia polymorpha*

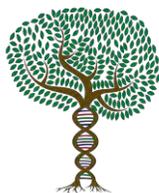
Dulce O. Flores Martínez¹, Maureen Hummel², Julia Bailey Serres², Omar Oltehua López¹, Mario A. Arteaga Vázquez¹, Ana E. Dorantes Acosta¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Botany and Plant Sciences, Genomics Building /4119A. University of California Riverside, CA 92521.

Soil salinity inhibits plant growth and affects agriculture worldwide. High concentrations of sodium chloride in soils affect plants causing osmotic stress, oxidative stress, growth inhibition and cell death when exposure is prolonged. Plants ability to respond to environmental stimuli depends upon changes in gene expression. Here, we present our advances on a comprehensive approach to study the translational response to salt stress and its coordination with transcriptional changes in *Marchantia polymorpha* (the earliest diverging land plant that colonized the landscape 470 millions of years ago) following exposure to low, moderate and severe salt stress. In the transcriptome analysis we were able to identify 2245 up regulated genes (2 and 24 hrs.) and 2519 down regulated genes (2 and 24 hrs.), interestingly genes regulating carbohydrates, amino acids and lipid synthesis were abundant at two time points (early 2 h and late 24 h) to 100 mM NaCl which mean that *Marchantia* is redirecting its energy to maintain cell integrity and basal functions due the osmotic stress. In order to characterize the ecophysiological behavior we quantified the biomass (weight and area) after stress exposure, higher NaCl concentrations impacts the resource assignment, causing a decrease in area and biomass

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



***Hypsipyla grandella* (Zeller, 1849) en México. ¿Una sola especie?**

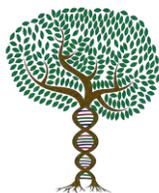
Guadalupe Estefanía Pérez-Ramírez¹, Francisco Díaz-Fleischer¹, Antonio Andrade-Torres¹ y Luis Alberto Lara-Pérez²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Tecnológico Nacional, Instituto Tecnológico de la Zona Maya. Chetumal, Quintana Roo. Email: ingluislara@gmail.com

Cedrela odorata (cedro rojo) es la segunda especie forestal tropical de mayor valor económico después de *S. macrophylla*. Un factor determinante para el crecimiento y desarrollo de las plantas de *C. odorata*, es la incidencia de plagas y enfermedades; *Hypsipyla grandella* (barrenador de las meliáceas) se considera la principal plaga del cedro rojo, ya que ocasiona severos daños o hasta la muerte de los árboles, además causa pérdidas en las poblaciones naturales de la especie y pérdidas económicas en plantaciones comerciales. Estudios recientes sugieren que *C. odorata* se ha estado diferenciando genéticamente por aislamiento geográfico a lo largo de su distribución en Centro América y México, sin embargo, no hay estudios respecto a *H. grandella*, especie plaga que lo acompaña en toda su distribución. Este proyecto estudia la variación morfológica y molecular de *H. grandella*, para determinar si existe diferenciación entre sus diferentes poblaciones localizadas a lo largo de la región de distribución del Cedro rojo en México.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Expresión de tres diferentes genes de respuesta a patogenicidad durante el proceso infectivo del BSV.

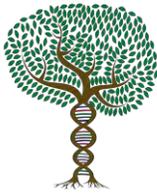
Ruben A. Casanova-Barón¹, Norma Flores-Estevez¹ Juan C. Noa-Carrazana¹ y Armando Martínez-Chacon²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Instituto de Neuroetología, Universidad Veracruzana, Av. De las Culturas Veracruzanas No. 101, Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte, Col. Emiliano Zapata, C.P, 91090, Xalapa, Veracruz, México.

La enfermedad del rayado del banano (*Banana Streak Disease/BSD*) es causada por el virus del rayado del banano (*Banana Streak Virus/BSV*), el cuál es es un pararetrovirus miembro de la familia de los Badnavirus. La sintomatología se presenta como rayado clorítico en las hojas de los plátanos (*Musa spp.*) y dependiendo de la severidad de la infección puede tornarse necrótico. En ocasiones, el genoma de este virus se encuentra integrado en el genoma B de los plátanos, y bajo condiciones de estrés ya sea por calor, hídrico o incluso durante la replicación por cultivo de tejidos, la secuencia se expresa y comienza la infección. Esto representa un grave problema para la multiplicación masiva de plátano y en la creación de nuevos híbridos resistentes al ataque de otros patógenos, si el virus no es identificado. En el presente trabajo se evaluará la expresión de tres diferentes genes de respuesta a patogenicidad, los genes homólogos de CAR1 y RCY1 de *Arabidopsis thaliana*, así como el gen codificante para la proteína HSP70, durante el proceso infectivo del BSV bajo condiciones de estrés por calor (22°C – 24°C) mediante análisis por qRT-PCR.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Efecto de la luz en la germinación de los helechos *Blechnum appendiculatum* y *B. schiedeanaum*

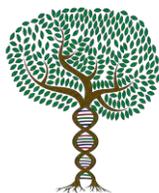
Juan Manuel López-Romero¹, Norma Flores-Estevez¹, Oscar Briones²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Instituto de Ecología, A.C., Carretera antigua a Coatepec 351, El Haya, Xalapa 91070, Veracruz, México.

La luz es uno de los recursos que limita la germinación y el crecimiento de las plantas en los bosques e influye de manera importante en la distribución de las especies. Por tal razón se evaluó si los helechos *Blechnum appendiculatum* y *B. schiedeanaum* difieren en sus requerimientos de luz para la germinación y si estos podrían explicar su distribución en un bosque mesófilo de montaña. Esporas de las especies mencionadas se expusieron a distintos tratamientos de calidad y cantidad de luz. También se registró la frecuencia de esporofitos de ambas especies y la proporción de luz recibida en el bosque. Ninguna espora germinó en oscuridad y pocas esporas lo hicieron con luz rojo-lejana, en comparación con luz roja y blanca. La germinación de ambas especies aumentó con la cantidad de luz recibida. Los esporofitos de *B. schiedeanaum* fueron abundantes en ambientes con dosel relativamente cerrado mientras que *B. appendiculatum* ocurrió con mayor frecuencia en ambientes abiertos. Los requerimientos para la germinación de la espora se relacionaron parcialmente con la preferencia del hábitat de las especies. *B. schiedeanaum* parece ser más tolerante a la sombra que *B. appendiculatum*.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Obtención de plantas promisorias de café (*Geisha*) resistentes a la roya

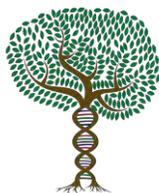
Cristina Ione Silva-Rincon¹, Enrique Alarcón-Gutiérrez¹, José Antonio García-Pérez²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México.

Hemileia vastatrix, la roya de café, es un hongo que ha causado grandes pérdidas en la producción de café. Uno de los problemas con las nuevas variedades resistentes a la roya es que la calidad del café está disminuida, ya que mayoría son híbridos entre *Coffea arábica* y *C. robusta*. La selección local de plantas promisorias de café puede ser una alternativa para la generación de nuevas líneas genéticas resistentes a la roya que auxilien a solucionar el problema que el hongo ha causado. Las especies promisorias son aquellas especies, animales o vegetales, con potencial de aprovechamiento agroindustrial., Esto agrupa a especies nativas que pueden tener una diversidad de usos, y de las cuales no existe desarrollo en su domesticación (Correa et al., 1990). Los objetivos de este trabajo son: i) obtener y caracterizar plantas promisorias, de la variedad Geisha, obtenidas de plantaciones de café en Veracruz, ii) evaluar su resistencia a roya en campo y iii) evaluar la calidad en taza del café que producen. Se espera crear un banco de germoplasma; obtener una línea de plantas resistentes o tolerantes a roya; seleccionar una línea de la variedad geisha con mayor calidad de taza, de acuerdo a estándares internacionales.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



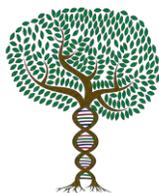
Determinación del grado de resistencia a *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae* en el germoplasma de *Vanilla* spp

José R. Bautista-Aguilar¹, Lourdes G. Iglesias-Andreu¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México

México es centro de origen y domesticación del género *Vanilla*, sin embargo, esta especie se encuentra catalogada en riesgo y sujeta a protección especial (NOM-059-SEMARNAT-2010) debido a la sobreexplotación. Esto ha ocasionado pérdida de su diversidad genética y serias afectaciones fitosanitarias como la causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*. Para contribuir al rescate y conservación de vainilla desde hace años se emprendió en el Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada un programa de colecta del germoplasma de *Vanilla* spp., en algunos Estados del país. Teniendo en cuenta lo anterior, se propuso desarrollar este trabajo con el fin de evaluar el grado de resistencia a *Fusarium oxysporum* de diferentes genotipos promisorios de *Vanilla* spp. (Híbridos de *Vanilla planifolia* x *Vanilla pompona*, *Vanilla planifolia* irradiada, genotipos silvestres y *Vanilla planifolia* morfotipo mansa) conservados *in vitro*, a fin de seleccionar aquellos con mayor grado de resistencia a este patógeno. Para ello primeramente se estableció la CL50 de filtrados fúngicos de dos cepas de *Fusarium* (M21C5 y BC1) que resultó del 35% y entorno a ella se establecieron los experimentos para determinar el grado de resistencia del germoplasma. Actualmente los experimentos se encuentran en proceso.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Efecto del glifosato sobre bacterias fijadoras de nitrógeno formadoras de nódulos en *inga vera*

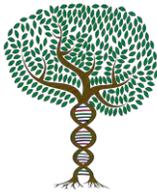
Jorge A. Velasco-Trejo¹, Enrique Alarcón-Gutiérrez¹, José Antonio García-Pérez²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090 Xalapa Enríquez, Ver.

El glifosato es el herbicida más utilizado en la agricultura desde 1974 para control de malezas en cafetales cuya sombra es proporcionada en 37% por la *I. vera* en Veracruz. A pesar de su toxicidad baja, los efectos del glifosato sobre plantas cultivadas, ambiente, y bioacumulación de metabolitos aún no se han dilucidado por completo. La simbiosis *I. vera*-bacterias específicas activan la morfogénesis de nódulos en raíces, fijando el N₂ atmosférico -reduciendo el N₂ a NH₃- si las condiciones son adecuadas. La adición de glifosato perturba las redes de asociación bacteriana. El propósito es determinar la nodulación de bacterias fijadoras de nitrógeno formadoras de nódulos en raíces de *I. vera*, plantadas en parcelas de café de sombra manejadas con y sin glifosato (CG y SG). Se ha observado que *I. vera* no crece como antes, muere en cafetales. Se muestrearon aleatoriamente (julio 2019) dos árboles/parcela y se encontraron 1,045 (CG) y 1,685 (SG) nódulos; de los cuales 326 (CG) y 433 (SG) fueron nódulos activos; el promedio de nódulos activos/árbol fue de 27.16 (± 35.97) y 43.3 (± 31.7), CG y SG, respectivamente.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Clonación de un gen codificante para una nueva isoenzima lacasa (basado gen FJ858751) de *Pycnoporus sanguineus* en *Escherichia coli*.

David Hernández-López¹, Enrique Alarcón-Gutiérrez², José Alberto Camas-Reyes³

¹Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090 Xalapa Enríquez, Ver

²Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

³Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (Cinvestav). Libramiento Norte Carretera Irapuato León Kilómetro 9.6, Carr Panamericana Irapuato León, 36821 Irapuato, Gto.

El hongo de pudrición blanca *Pycnoporus sanguineus* resulta de gran interés por su potencial en la biotecnología debido principalmente por sus lacasas, ya que tienen una gran capacidad para la degradación de compuestos recalcitrantes de interés en industrias como la bioremediación y los biocombustibles. Por ello para el desarrollo de productos biotecnológicos es necesario contar con disponibilidad y fácil acceso a los recursos biológicos, así tal que en el presente trabajo se manipula uno de los seis genes de lacasas de *P. sanguineus* reportados en las bases de datos. Se basó en la secuencia del gen FJ858751 para la extracción de ADN de la cepa *P. sanguineus* INBIOTECA-UV, el cuál ligó a un plásmido, para la transformación de clonación de *Escherichia coli* mediante la técnica Goins, la transformación exitosa se verificó mediante electroforesis. El gen se secuenció y comparó con el reporte de FJ858751 en GeneBank (cepa 902) resultando en un gen no reportado y la predicción de una nueva isoforma de lacasa con una identidad a FJ858751 de 85% y con la presencia de las regiones conservadas de Histidina y Cisteína propias de las lacasas de hongos de pudrición blanca.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



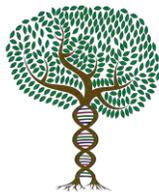
Functional genomics of rna methyltransferase *HEN1* in *marchantia polymorpha*

Grecia N. López-Ramírez¹, Adolfo Aguilar-Cruz¹, Mario A. Arteaga-Vázquez¹, Ana E. Dorantes-Acosta¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

Gene regulation is essential to perform all physiological and adaptive processes in plants. The non-coding small RNAs (sRNAs) are small molecules of RNA of 20 to 24 nt in length and plays an essential role in gene regulation in all eukaryotes. The protein *HEN1* is a RNA methyltransferase that protects the sRNAs from the degradation, is a master regulator in the biogenesis pathway of sRNAs. Mutations in *HEN1* in angiosperms causes several alterations in floral development and semi-sterility. We are interested in understanding the function of *HEN1* in the basal lineage plant, *Marchantia polymorpha*. In order to unveil the ancient function of *HEN1* during development we generated several mutant alleles using genomic edition with the CRISPR-Cas9 system. We are characterizing 2 alleles: *Mphen1-9*, which harbors a 27 nucleotide insertion in the first exon. The edited plants showed delayed growth, abnormal twisted thalli and the appearance of gemma cup is retarded. *Mphen1-22* allele have a three nucleotide deletion as well as an insertion of four new nucleotides. This mutant allele displayed slow growth and development, twisted thalli too, but does not produce gemma cups. All this indicate that *HEN1* function is essential for the development in *M. polymorpha*.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Characterization of *MpHsf-B4* under heat stress in *Marchantia polymorpha*.

José Luis Lorenzo-Manzanarez¹, Mario Alberto Arteaga-Vázquez¹, Francisco Díaz-Fleischer¹, Mariana Peimbert-Torres², Ana Elena Dorantes-Acosta¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Departamento de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, Av. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe Cuajimalpa, 05348, Mexico City, Mexico.

High temperature above optimal conditions (heat stress) is one of the major abiotic factors affecting plant growth and development under field conditions. The heat-shock transcription factors (Hsf) are master regulators of the response to heat stress and according to the domain composition are classified into three groups; HsfA, HsfB and HsfC. In order to understand the evolution of the heat stress response in land plants, we established a heat stress assays in *Marchantia polymorpha*, one of the most ancient basal land plants. We found only three members of Hsf family in *M. polymorpha* genome: *MpHsf-A1*, *MpHsf-A2* and *MpHsf-B1*. The *MpHsf* family harbor all characteristic domains described in other models. Here we present the analysis, identification, and functional characterization of *MpHsf-B4* in *Marchantia polymorpha*. In order to assess the expression of *MpHsf-B4* we designed and constructed a transcriptional fusion and transformed *Marchantia* plants with it. The expression pattern of the transformant lines shows that the *MpHsf-B4* expression is heat-dependent, it is induced 2 hours after the heat stress, during the recovery period and in heat acclimatization processes. *MpHsfB4* is important in *Marchantia polymorpha* for adapt to stressful environmental conditions.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Diversidad genética en poblaciones de encinos bajo manejo intensivo para dendroenergía en la Sierra de Zongolica, México

Miguel Ángel Vega-Ortega¹, Patricia Gerez-Fernández¹, Jesús Llanderal-Mendoza²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Escuela Nacional de Estudios Superiores, Universidad Nacional Autónoma de México, Antigua Carretera a Pátzcuaro 8701, S/N, Residencial San José de la Huerta, 58190 Morelia, Michoacán, México.

El manejo tradicional para dendroenergía se realiza mediante el aprovechamiento de rebrotes, denominado método coppice. Existe controversia sobre sus efectos en los bosques: mantiene la cobertura y a las especies utilizadas, pero reduce su densidad y reproducción sexual, es decir, genera degradación genética. Nos preguntamos ¿se puede identificar una pérdida en la diversidad genética de las poblaciones de encinos utilizadas tradicionalmente para dendroenergía? En tres diferentes altitudes, se estudiaron poblaciones de *Quercus laurina* Bonpl., *Quercus calophylla* Schlttdl. & Cham. y *Quercus rugosa* Née. Se realizó un análisis molecular mediante la prueba de ocho microsatélites nucleares codominantes para determinar su diversidad, estructura y flujo genético. Los resultados muestran que *Q. laurina* presentó: $N_a=8.458$, $I=1.766$, $H_o=0.679$, polimorfismo=100%, $F_{is}=0.079$. *Q. calophylla* presentó: $N_a=7.250$, $I=1.563$, $H_o=0.646$, polimorfismo=91.67%, $F_{is}=0.083$. *Q. rugosa*: $N_a=6.958$, $I=1.510$, $H_o=0.574$, polimorfismo=94.40%, $F_{is}=0.204$. Los valores obtenidos son altos y similares a los reportados en otras zonas de México y del mundo, lo que descarta pérdida de diversidad genética. El manejo de coppice para dendroenergía en la sierra de Zongolica ha mantenido altos niveles de diversidad genética. Sin embargo, el futuro de estas especies depende de la posibilidad de favorecer su regeneración natural y evitar efectos negativos en la capacidad de producir rebrotes.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



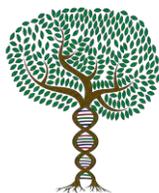
Trayectorias de forrajeo de arañas cleptoparásitas en redes de arañas hospederas

Rogelio, Rosales-García¹, Dinesh Rao¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

El movimiento es una característica fundamental de la vida y tiene consecuencias en la ecología y evolución de los organismos. Las arañas cleptoparásitas están limitadas en sus movimientos de forrajeo por la estructura física de la telaraña hospedera. El objetivo de este trabajo es caracterizar los patrones de movimiento y la distribución de la actividad de forrajeo de arañas cleptoparásitas. Las arañas hospederas y cleptoparásitas se colectaron en Xalapa y Coatepec. Para los experimentos se colocaron en cajas de madera y se filmó la trayectoria de forrajeo posterior a la captura de una presa. Se obtuvieron dos trayectorias digitales de los videos y se analizó la densidad de actividad de forrajeo en la telaraña y el perfil de velocidad. Se observó que la mayor ocupación de la telaraña durante el forrajeo del cleptoparásito es en el centro de la misma, donde se localiza el hospedero y la presa. Se espera que la actividad de forrajeo este altamente relacionada con la posición de la araña hospedera, debido a que en las interacciones de cleptoparasitismo, el hospedero y cleptoparásito influyen mutua y fuertemente en sus estrategias de forrajeo, aunque se requieren más datos para someter a prueba lo anterior.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Salud de pastizales del trópico húmedo bajo diferentes esquemas de manejo

Ángel Héctor Hernández-Romero¹, Yareni Perroni-Ventura¹, Francisco López-Mellado², Alan Mora-Picazzo³, Carlos Ávila-Bello², María del Carmen Cuevas-Díaz³

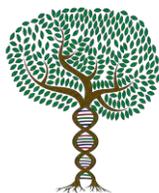
¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Ingeniería en Sistemas de Producción Agropecuaria. Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090 Xalapa Enríquez, Ver

³Facultad de Ciencias Químicas. Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090 Xalapa Enríquez, Ver.

El deterioro de los recursos naturales asociado a la ganadería ha dado lugar a formas de manejo alternativo cuya salud funcional ecosistémica debe ser validada. Entre 2016-2018 se estudió la condición de salud de pastizales, entendida como un estado que permite mantener la fertilidad del suelo y la productividad del sistema. Se compararon sitios bajo pastoreo rotacional (manejo alternativo; MA) en sistemas silvopastoriles del sur de Veracruz respecto a sistemas con pastoreo continuo (manejo convencional; MC). Se observaron mejoras en indicadores como materia orgánica (2.74 para MA vs 0.28% para MC), penetración de varilla como referente de compactación del suelo (3.49 vs 1.56 cm), tasa de infiltración de agua (4.02 vs 1.01 cm min⁻¹), producción de forraje verde (6.75 vs 1.97 ton ha⁻¹) y capacidad de carga (4.57 vs 1.10 Unidad Animal), entre otros. Si bien lo anterior refleja una mejora en atributos de salud del pastizal, atributos como la concentración de elementos esenciales como carbono, nitrógeno y fósforo, y sus flujos de transformación podrían ser evaluados para conocer el funcionamiento del pastizal a largo plazo en términos de balances estequiométricos. Este enfoque de funcionamiento del ecosistema para evaluar la salud de pastizales será la base de mi proyecto doctoral.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



El ácido salicílico como inductor de resistencia sistémica en *Vanilla planifolia* Jacks. ante *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae*

Luis C. Ortega-Macareno¹, Lourdes Iglesias-Andreu¹ Marco Ramírez-Mosqueda²,
Mauricio Luna-Rodríguez³

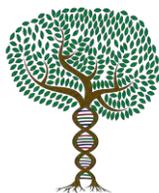
¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias Región Córdoba-Orizaba, Universidad Veracruzana.

³Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090 Xalapa

La alta susceptibilidad de *V. planifolia* a *Fusarium oxysporum* f. sp. *vanillae* (Fov) ha causado importantes pérdidas de producción en todo el mundo. El ácido salicílico (AS), desempeña un papel clave en la regulación del crecimiento y la inducción de la defensa de las plantas. Para inducir resistencia sistémica adquirida (SAR) en brotes y plántulas de vainilla, se evaluó el efecto de varias concentraciones de AS en la resistencia (botes y plántulas) a los filtrados de este patógeno en condiciones *in vitro* e *in vivo*. Los brotes de vainilla se cultivaron en medio MS adicionados con cuatro concentraciones (0, 2.5, 5 y 7.5 μ M) de AS y tres concentraciones (35, 40 y 45%) de filtrados fúngicos. Plántulas cultivadas en invernadero durante 60 días, se asperjaron con AS (0, 0.25, 0.5 y 1 mM) y posteriormente se inocularon con una suspensión de esporas fúngica (17.062esporas/ml-1), en ambos experimentos la evaluación duró 4 semanas. Los brotes y las plántulas evaluadas mostraron una tasa de supervivencia del 60 y 73%, respectivamente. Los brotes cultivados *in vitro* con 7.5 μ M AS mostraron una resistencia al 40% de filtrado fúngico, mientras que las plántulas con 1mM AS mostraron una alta resistencia a la inoculación de esporas.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



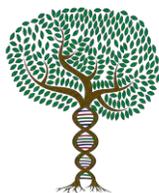
Establecimiento y multiplicación *In vitro* de variedades de plátano de traspatio libre de infección por virus rayado del banano (BSV)

Lourdes Márquez¹, Norma Flores-Estevez¹, Juan Carlos Noa-Carrazana¹ y Lourdes G. Iglesias-Andreu¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

El plátano es un producto de alta demanda a nivel mundial, sin embargo, es atacado por incontables enfermedades. Una de ellas es la enfermedad causada por el virus rayado del banano (BSV), se ha reportado en casi todas las regiones donde se cultiva el plátano, causando pérdidas de hasta el 90% de la producción. El DNA de este virus en ocasiones, se integra en el genoma del huésped y sus síntomas se presentan de manera esporádica. Algunos reportes indican que estos pueden ser expresados cuando el cultivo se encuentra en condiciones de estrés. Por lo que es necesario contar con individuos sanos de plátano para su cultivo. En nuestro instituto existe una colección de plantas de plátano de variedades de traspatio de consumo local, a las que les estamos realizando el diagnóstico de BSV mediante PCR para identificar aquellos que están infectados y con síntomas, los asintomáticos (secuencias virales insertas en el genoma) y los sanos. Esto último con la finalidad de establecer el método de multiplicación *In vitro* de estas variedades y tener especímenes libres de virus para producción masiva de manera rápida y con calidad fitosanitaria; una vez establecidos en condiciones controladas serán reevaluadas para verificar su sanidad.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Isolation of a Laccase Gene from *Pycnoporus sanguineus*

Ana Cerdan¹, Enrique Alarcón¹, Alberto Camas³, Isabel Gaime¹, David Hernández², Catalina Guerrero¹.

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090 Xalapa Enríquez, Ver

³Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (Cinvestav). Libramiento Norte Carretera Irapuato León Kilómetro 9.6, Carr Panamericana Irapuato León, 36821 Irapuato, Gto.

Laccases are multicopper oxidases used as biocatalyzers in many industries such as paper, food, textile and biofuels. These enzymes are also used with detoxification and decontamination purposes because of their ability to oxidize phenolic compounds. Although laccases have been found in many organisms (plants, insects and fungi), white rot fungi stand out because of the presence of multiple laccase genes within their genomes. *Pycnoporus sanguineus*, a white rot saprobic fungus, has six laccase genes reported in Gen Bank databases. In this work we report the partial sequence (1837 pb) of a laccase gene isolated from a Mexican strain of *P. sanguineus*. Besides we identified, via bioinformatic analysis, its partial mRNA and protein sequence. Further work is needed to obtain the complete sequence, express it, test the activity and characterize this enzyme.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Análisis de la diversidad genética de la nutria neotropical (*Lontra longicaudis*) en el noroeste de México

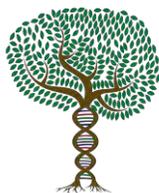
Samuel Macías-Sánchez¹, Alejandro Antonio Castro-Luna¹, Juan Pablo Gallo-Reynoso², Norma Flores-Estévez¹, Lourdes Georgina Iglesias-Andreu¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Laboratorio de Ecofisiología CIAD-Guaymas. Sánchez Taboada Carret. al Varadero Nacional km 6.6, Col. Las Playitas, Guaymas, Sector Varadero, Las Playitas, 85480 Heroica Guaymas, Son.

Las variaciones geográficas presentes en rasgos genéticos y morfológicos, resultan muy útiles para señalar patrones de diferenciación y divergencia entre especies y entre poblaciones de la misma especie. Las poblaciones de nutria en el estado de Sonora han quedado separadas por la construcción de presas, cortando la continuidad de los cauces naturales; por otro lado, se ubican en áreas áridas con escasa vegetación y cuerpos de agua intermedios entre cuencas, que parecen dificultar el desplazamiento de individuos entre cuencas. Dadas estas condiciones, esperamos encontrar una clara diferenciación entre las poblaciones de cada cuenca. Para el presente estudio, se realizaron muestreos en la cuenca de los ríos Bavispe, Mayo y Cuchijaqui. Los puntos de muestreo de cada río, quedaron separados por al menos cinco kilómetros, para minimizar la probabilidad de tomar muestras de los mismos individuos. Se colectaron 43 muestras totales de heces y geles de marcaje, que se preservaron en microtubos de 5 ml con RNALater como estabilizador y almacenadas en laboratorio a -40°C. De estas muestras se extrajo ADN usando el kit comercial de Quiagen, que mediante microsatélites permitirá el análisis de las poblaciones usando descriptores de diversidad genética como, frecuencia alélica, heterocigosidad observada y esperada.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Bioprospección modulada por la fenología, el sexo y el gradiente altitudinal: el caso de *Baccharis conferta* sobre *Myrothecium roridum* y *Alternaria solani*

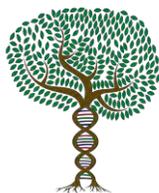
M.G. Ruiz-Gómez¹, F.A. Cen-Pacheco², M.R Pineda-López¹, E. Alarcón-Gutiérrez¹,
y L.R.Sánchez-Velásquez¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Bioanálisis-Veracruz Boca del Río, Universidad Veracruzana, Calle Iturbide esquina Carmen Serdán s/n, Col. Centro, Veracruz, Veracruz, México

Las preguntas que abordamos fueron: 1) ¿Son diferentes las fenofases vegetativas y reproductivas de *Baccharis conferta* entre organismos de diferente sexo? 2) ¿Son diferentes las fenofases vegetativas y reproductivas de *B. conferta* a lo largo de un gradiente altitudinal? y 3) ¿Tienen actividad biológica los extractos etanólicos de diferente sexo, fenofase y altitud de *B. conferta* contra el crecimiento *in vitro* de *Myrothecium roridum* y *Alternaria solani*? Se registró mensualmente la fenología de *B. conferta* durante un año en tres diferentes altitudes del Parque Nacional Cofre de Perote. Se obtuvieron extractos etanólicos de *B. conferta* en ambos sexos, dos fenofases y dos altitudes. Dichos extractos se aplicaron *in vitro* a los hongos fitopatógenos *M. roridum* y *A. solani*. Se distinguieron cinco fenofases y se observaron diferencias significativas en la duración de las fenofases dentro del gradiente altitudinal. El crecimiento *in vitro* de *M. roridum* fue inhibido por el extracto de organismos femeninos floreciendo a 2900 m snm. Asimismo, el crecimiento *in vitro* de *A. solani* fue inhibido por los extractos colectados en antesis.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Detección de bacterias universales y del grupo anammox en suelos contaminados por hidrocarburos del petróleo

Teresa Torres-Pérez¹, Joel Zavala-Cruz², Oswaldo Guzmán-López³, María del Carmen Cuevas-Díaz³; Ángel Isauro Ortíz-Ceballos¹, Sergio Martínez-Hernández¹

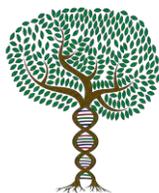
¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Colegio de postgraduados, campus Tabasco. Periférico Carlos A. Molina S/N Km. 3, Centro, 86500 Huimanguillo, Tabasco.

³Facultad de ciencias químicas, universidad veracruzana, campus Coatzacoalcos. Av. Universidad Km 7.5 Col. Santa Isabel C.P. 96538 Coatzacoalcos, Veracruz.

Los estudios sobre la detección de grupos bacterianos en sitios contaminados con petróleo resultan de gran interés ya que permiten dilucidar el tipo de microorganismos que podrían estar llevando a cabo procesos de biorremediación. Particular énfasis se ha puesto en bacterias del grupo anammox ya que sus estudios son escasos. Bajo este contexto, en el presente trabajo se realizó el estudio de la estructura microbiana general y del grupo anammox en suelos con y sin contaminación con hidrocarburos del petróleo. Se realizaron muestreos en dos tipos de suelo: gleysol y solonchack, localizados en Tabasco, México. El estudio de las poblaciones microbianas se realizó mediante técnicas de biología molecular, particularmente electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (DGGE). En los resultados se encontraron concentraciones de hidrocarburos totales del petróleo que oscilaron de hasta 50000 mg/kg de suelo seco. El gel obtenido por la técnica de DGGE mostró un perfil de bandas, indicando la diversidad microbiana de los ecosistemas estudiados. También se detectaron bandas mediante el uso de primers para bacterias anammox. Las principales bandas están siendo procesadas para su secuenciación y determinación de las especies microbianas presentes.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Factores involucrados en las estrategias reproductivas de dos especies de hemípteros, *ramosiana insignis* (blanchard) y *vulsirea violácea* (fabricius) (heteróptera: pentatomidae)

Jorge Alfredo Muñiz-Ramírez¹, Diana Folger Pérez-Staples¹, Norma Flores-Estévez¹, Maurilio López-Ortega¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

Las características biológicas y ecológicas de las especies de la familia Pentatomidae, especies mejor conocidas como chinches, han sido documentadas en el entorno agrícola en especies plagas de importancia económica, sin embargo, hacen falta datos específicos de pentatómidos en ambientes naturales. *Ramosiana insignis* y *Vulsirea violácea* son dos especies que comparten el mismo hospedero, *Schoepfia schreberi* (J. F. Gmel.), a pesar de que están clasificadas en géneros diferentes presentan un comportamiento reproductivo muy similar. Por lo que el objetivo del presente trabajo es determinar parámetros de la ecología reproductiva de ambas especies en su hospedero natural durante el periodo que comprende del mes de agosto a marzo. Con individuos de *V. violácea*, los datos obtenidos en campo han sido el periodo de apareamiento, que ocurre a partir de agosto, el tiempo de resguardo de pareja que es de 22.45 ± 1.28 (n = 71) días, el periodo de oviposición, enero a marzo de 2019, y el tiempo que tardan en ovipositar una vez que dejan el resguardo 27 ± 2.78 (n = 27) días. En esta temporada, se tiene una colonia de *R. insignis*, y una colonia de *V. violácea* para la continuación de los experimentos y obtención de datos.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



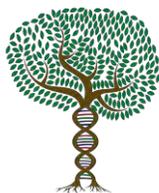
Síndromes de ritmo de vida en *Anastrepha ludens* (loew) a través de la modificación de caracteres de historia de vida

Eva I. Aceves-Aparicio¹. Francisco. Díaz-Fleischer¹.

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

La hipótesis de los síndromes de ritmo de vida “SRV”, propone que las diferencias en la optimización de los caracteres de historia de vida (i.e., caracteres que afectan la supervivencia y la reproducción), originan las variaciones interindividuales en el fenotipo conductual (i.e., conjunto de conductas consistentes en el tiempo, contextos y situaciones). Los SRV proponen que los individuos que optimizan la reproducción sobre la supervivencia, expresan fenotipos audaces y agresivos, dado que priorizan su éxito reproductivo, mientras que quienes optimizan la supervivencia son tímidos y no agresivos. Sin embargo, dicha hipótesis es reciente y faltan numerosos organismos por estudiarse, como es el caso de *Anastrepha ludens*. El objetivo general consistirá en probar la hipótesis de SRV entre machos de *A. ludens* con historias de vida contrastantes. La metodología consistirá en modificar caracteres de historia de vida (aceleración de la madurez sexual y éxito de apareamiento vs incremento de la supervivencia) de los individuos a través del uso de sustancias químicas previamente probadas. Se determinará el fenotipo conductual entre los individuos (audaz/tímido; agresivo/no agresivo) frente a un depredador en un contexto de apareamiento y de forrajeo a través de diferentes etapas del desarrollo de la mosca (adulto inmaduro, maduro y senil).

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Ecología alimentaria del perico monje (*Myiopsitta monachus*) en dos ciudades de Veracruz

A.Y. Gómez-Cime¹ y E. Ruelas-Inzunza¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

La disponibilidad de recursos y la calidad nutritiva de los alimentos que ofrecen las ciudades son factores importantes que pueden ayudar a entender cómo las aves exóticas introducidas se establecen en comunidades urbanas. El perico monje (*Myiopsitta monachus*) es un ejemplo de la versatilidad de las invasiones por especies exóticas, pues existen registros de su colonización y expansión en ciudades sustancialmente diferentes. Este estudio tiene como finalidad caracterizar la composición de las dietas del perico monje en las ciudades de Xalapa y Veracruz en las temporadas de lluvias y de secas. Además, busca determinar la calidad nutritiva de estas dietas mediante análisis químicos proximales de restos de alimentos consumidos y cuantificar el comportamiento de forrajeo de estas aves. El definir si sus dietas tienen una similitud nutricional estrecha (esto es, dos dietas cuyas proporciones de macronutrientes coinciden a pesar de las diferencias en los recursos que utiliza) en dos zonas urbanas diferentes puede ayudarnos a explicar los mecanismos que utiliza para establecerse en las ciudades.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Uso de compuestos orgánicos volátiles de *Celtis iguanaea* como indicadores de infestación por mosca de la fruta para las aves

José Manuel Hernández-Ortiz¹, Antonio Alejandro Castro-Luna¹, Francisco Díaz-Fleischer¹, Julio César Rojas-León², Juan Francisco Ornelas³, Maurilio López-Ortega¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²El Colegio de la Frontera Sur, Departamento de Entomología Tropical, Apdo. Postal 36, Tapachula, Chiapas, México.

³Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, AC, Xalapa, Veracruz, México.

El estudio de la selección y preferencia de frutos por las aves con respecto al color, ha sido ampliamente estudiada. Sin embargo, poco se ha investigado si las aves son capaces de ocupar la olfacción en la selección óptima, guiadas por compuestos orgánicos volátiles (COVs) emitidos por los frutos en respuesta a la herbivoría. Este estudio pretende evaluar si los estímulos olfativos emitidos por *Celtis iguanaea*, son usados por las aves como indicador de la infestación por la mosca de la fruta *Ragoletotripeta annulata*. El trabajo de campo se llevará a cabo en el municipio de Apazapan Veracruz, México. Se determinará cuales son las especies aviares que están consumiendo esta fruta mediante la observación y se analizarán los COVs emitidos en plantas infestadas y no infestadas. Se evaluará la respuesta de las aves hacia los estímulos olfativos, mediante el registro de la remoción de frutos por aves en plantas previamente infestadas por *R. annulata* y plantas no infestadas. Se realizarán ensayos de selección en condiciones semi-controladas con aves silvestres capturadas en campo, ofreciendo frutos naturales y artificiales con extracto de los COVs de plantas infestadas y frutos control sin extracto.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



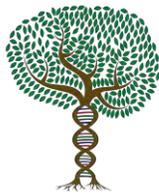
Comportamiento de búsqueda de hospedero y oviposición de *diachasmimorpha longicaudata* (ashmead): respuesta a diferentes concentraciones de extractos de dieta larval

Mildred Morales- Díaz¹, F Díaz-Fleischer¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

Existen especies de insectos que en sus etapas larvales se alimentan y desarrollan dentro de otro insecto, su “huésped”. Se les conoce como parasitoides y abundan en algunas familias de los órdenes Díptera e Himenóptera. *Dichasmimorpha longicaudata* es un himenóptero parasitoide de varias especies de moscas de la fruta de la familia *Tephritidae*. Este insecto es capaz de atacar los estadios tardíos de las larvas de las moscas en las que depositan sus huevos. Por lo que es producido masivamente en laboratorio para ser utilizado en el control biológico de las moscas plaga. Sin embargo, los años bajo condiciones de cría en laboratorio podrían haber afectado su capacidad y comportamiento de búsqueda de hospederos. Es por ello pretendemos determinar y fijar parámetros de calidad de los comportamientos de búsqueda de hospedero y de oviposición de este insecto. Usando como atrayente los extractos de la dieta larval de la mosca de la fruta *A. ludens* se harán bioensayos de laboratorio y jaula de campo. Se realizarán experimentos donde se probarán diferentes concentraciones de la dieta diluidas en diferentes solventes. Y así identificar las concentraciones a las que el insecto es capaz de responder.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Encinar especies de tropical y *phylloporus* (fungi, boletales) bosque mesófilo de montaña en el centro de veracruz, méxico

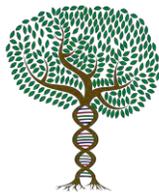
Erick Gutiérrez Domínguez¹, Leticia Montoya-Bello², Antonio Andrade-Torres¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Red Biodiversidad y Sistemática, Instituto de Ecología A.C., Xalapa, Veracruz, 91000, México.

El encinar tropical (ET) y el bosque mesófilo de montaña (BMM) son ecosistemas altamente amenazados, principalmente por actividades antrópicas como la ganadería y la agricultura. La diversidad micológica en estos ecosistemas es poco conocida. El género *Phylloporus*, de acuerdo a los registros a nivel mundial, tiene afinidad tropical. Es un grupo importante de documentar debido a que establece relaciones simbióticas ectomicorrízicas con varios grupos de plantas, incluyendo encinos en comunidades susceptibles o en peligro de desaparecer. Cabe resaltar, que estas asociaciones son elementales para el establecimiento, desarrollo, sobrevivencia y salud de los bosques. Las especies de *Phylloporus* han sido escasamente documentadas en el Neotrópico, no obstante, de su distribución en esta región. Es importante definir las especies a nivel taxonómico, con base en análisis macro y micro-morfológicos y moleculares para reconocer sus relaciones filogenéticas, delimitar especies crípticas y también es importante reconocer hospederos con los que se asocian en el BMM y en el ET. Los resultados preliminares indican la presencia de 4 especies en el BMM y 4 en el ET. Los dos ecosistemas no comparten especies en común, en el BMM los hospederos potenciales corresponden a *Quercus spp.* y en el ET a *Q. oleoides* y *Q. sapotifolia*.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Diversidad de hongos ectomicorrízicos asociados a *Pinus pseudostrabus*

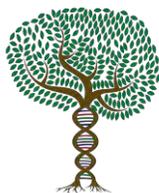
Eugenia María Rivera-Oliva¹, Edith Garay-Serrano², Ángel Isauro Ortiz-Ceballos¹, Antonio Andrade-Torres¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Instituto de Ecología A.C. (INECOL). Red de Diversidad Biológica del Occidente Mexicano. Pátzcuaro, Michoacán, México.

En México los estudios sobre la diversidad de hongos ectomicorrízicos han logrado documentar un porcentaje muy bajo de las especies nativas, especialmente atendiendo a las de bosque de coníferas y del mesófilo de montaña. Las pináceas son estrictamente dependientes de la interacción con micorrizas formando estructuras ectomicorrízicas que les permite sobrevivir en condiciones de campo, dichos hongos ectomicorrízicos están involucrados en la movilización de nutrientes, tanto minerales como orgánicos, del suelo a las plantas hospedantes asociadas, así como en su protección contra patógenos y en el incremento de la tolerancia a factores de estrés, entre ellos sequía, presencia de metales pesados, salinidad y alta temperatura. Se seleccionaron 3 sitios de colecta, dos en el estado de Veracruz y uno en Puebla. Se efectuaron colectas a través de 4 visitas a los sitios de estudio durante cuatro meses. Se presenta la descripción de las características macro y micromorfológicas de los especímenes en estudio y la determinación tentativa de 8 morfotipos a nivel especie. El presente estudio corresponde al primero que se realiza en México sobre la caracterización morfológica y anatómica de ectomicorrizas asociadas a *Pinus Pseudostrabus* cuya determinación se apoya con evidencia molecular.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Inducción de catalasas y polifenoloxidasas en *Vanilla pompona* infectada por *fusarium oxysporum*, patógeno y no patógeno

Diana P. Ruiz-Ramírez¹, Mauricio Luna-Rodríguez², Sacsí X. Cervantes-Herrera³

¹Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México.

²Laboratorio de Genética e Interacciones Planta Microorganismos, Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México.

³Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

Vanilla pompona es una especie endémica de México, vigorosa y xerofítica. Es polinizada naturalmente, el potencial productivo es el cultivo alternativo; produce frutos grandes, robustos y fragantes. Las enzimas forman parte del reconocimiento del patógeno y la respuesta defensiva en la planta. Evaluar la interacción de cepas patógena (M21C5) y no patógena (BC1) de *Fusarium oxysporum* con *V. pompona* pretende determinar el comportamiento enzimático de catalasas (CAT) y polifenoloxidasas (PPO) en el mecanismo de defensa en *Vainilla*. Se inoculó una suspensión de esporas de las cepas M21C5 y BC1 aislada de *V. planifolia*. Se evaluó la actividad enzimática en raíz, tallo y hoja, a las 36 horas, 5 y 10 días post-inoculación. Los controles fueron plantas sin inóculo fúngico. El método modificado de permanganato/peróxido se utilizó para determinar las CAT, para PPO se utilizó el método espectrofotométrico a 420 nm. Para el análisis estadístico se empleó un diseño completamente al azar. La actividad de PPO y CAT incrementó 5 y 10 días post-inoculación en tallo y hoja, de M21C5. BC1 activa mayormente PPO en hoja de *V. pompona*, respecto a M21C5 y el control. *V. pompona* responde de forma favorable ante el ataque de *Fusarium oxysporum* activando las PPO.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Germinación *ex-situ* de plantas endémicas y la restauración en isla socorro, archipiélago de revillagigedo

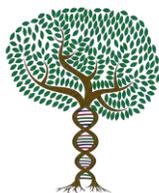
Daniel Aguirre-Fey¹, Ernesto Ruelas-Inzunza¹, Juan Esteban Martínez-Gómez²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Instituto de Ecología A. C., Xalapa, Veracruz, 91000, México.

Isla Socorro experimentó un impacto ecológico ocasionado por el borrego feral (*Ovis aries*) que degradó la vegetación de la isla desde su introducción en 1869. El borrego modificó sustancialmente el hábitat al consumir plantas endémicas como *Ilex socorroensis*, *Psidium socorrense* y *Guettarda insularis*, las cuales se distribuyen en el Bosque Mesófilo de Montaña (BMM) de la isla. Además de la pérdida de cobertura vegetal, se han detectado la compactación del suelo, bajo reclutamiento de plántulas y alteración de comunidades. De manera general, este proyecto busca contrarrestar estos efectos mediante la aplicación de técnicas de restauración pasiva y activa. En particular, esta presentación reporta nuestras actividades de germinación de semillas de tres especies arbóreas de la isla en los viveros de la USBI. Germinamos 91 semillas de *P. socorrense*, 530 de *G. insularis* y 600 de *I. socorroensis* con porcentajes de germinación del 30.7, 19.4 y 8.8% respectivamente, que ocurrieron después de periodos prolongados desde la siembra hasta su primera germinación. Los siguientes pasos de este proyecto son una comparación del estado del BMM de la isla antes, durante y después de la presencia de los borregos para determinar la severidad de su impacto en composición y la estructura del bosque.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Identificación taxonómica de hongos del manglar de La Mancha, Veracruz

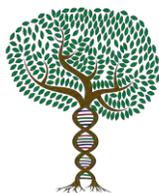
Inés Margarita Zavala-Izquierdo¹, Antonio Andrade-Torres¹, César Espinoza-Ramírez², Ángel Trigos-Landa²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Centro de Investigación en Micología Aplicada, Universidad Veracruzana. Xalapa, Veracruz, México.

Los hongos son organismos cosmopolitas, siendo más abundantes en las zonas terrestres y acuáticas de las regiones tropicales. Son de importancia debido a que contribuyen en la dinámica de los ambientes. Uno de los ecosistemas tropicales marinos considerados puntos de alta biodiversidad de hongos son los manglares. Dentro de estos existen hongos saprófitos, parásitos y simbióticos. Debido a las características de los manglares como son los cambios en el nivel de mar, variadas concentraciones salinas, pH y temperatura, existen distintos nichos ecológicos para la generación de diversos microorganismos fúngicos. Sin embargo, son pocos los estudios realizados sobre la biodiversidad de hongos dentro del manglar y se calcula que aún se desconoce el 95% de esta. En este estudio se realizó la identificación de hongos asociados a las raíces de tres especies de mangles, encontrados en el manglar de La Mancha, Veracruz. Se aislaron 219 cepas asociadas a *Rhizophora mangle*, *Laguncularia racemosa* y *Avicenia germinans*. Estos se clasificaron de acuerdo con sus características morfológicas en 104 morfotipos identificados en 19 géneros. La identificación taxonómica de organismos fúngicos asociados a este tipo de ecosistemas permitirá el conocimiento de especies marinas con potencial en la biotecnología.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Estabilización fisiológica de un consorcio microbiano al proceso anammox.

Getsemaní Ramos-Flores¹, Antonio Andrade-Torres¹, Ana E. Dorantes-Acosta¹, Flor de María Cuervo-López², Luis A. López-Escobar³ y Sergio Martínez-Hernández¹

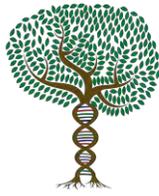
¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana – Unidad Iztapalapa, San Rafael Atlixco No. 186, Col. Vicentina, Delegación Iztapalapa, C. P. 09340, Ciudad de México, México.

³Universidad Politécnica de Huatusco. Calle 9 Sur entre Av. 7 y 9 s/n Col. Centro, C. P. 94100, Huatusco, Veracruz, México.

Una de las tecnologías de vanguardia para el tratamiento de aguas residuales ricas en nitrógeno, es el proceso de oxidación anaerobia del amonio (anammox), donde el amonio y nitrito, son transformados principalmente a nitrógeno molecular, sin una fuente externa de carbono orgánico. Esto, lo convierte en una opción más rentable en términos de costos de operación comparado con otros sistemas. Sin embargo, el arranque de estos sistemas de tratamiento es lento debido a la baja tasa de reproducción de las bacterias anammox. Por lo anterior, el objetivo del presente trabajo consistió en evaluar la estabilización fisiológica de un consorcio microbiano, usando diferentes fuentes de inóculo naturales, al proceso anammox a través de variables de respuesta fisiológicas como eficiencias de consumo, rendimientos de producto y análisis de la estructura de la comunidad microbiana por técnicas de biología molecular. Entre los resultados preliminares se puede reportar el montaje y monitoreo de 3 consorcios microbianos al proceso anammox en cultivo en lote obteniendo eficiencias promedio de consumo de NH_4^+ del $97.9\% \pm 4.71$, de NO_2^- del $95.9\% \pm 2.27$ y rendimientos de N_2 y de NO_3^- cercanos a la estequiometría. Con base en estos datos se puede considerar un consorcio microbiano estable.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Functional genomics of ascorbic acid biosynthesis in *Marchantia polymorpha*

Tanya Yuriria Gómez-Díaz¹, Adolfo Aguilar-Cruz¹, Ana Elena Dorantes-Acosta¹,
Lorence Argelia², Mario Alberto Arteaga-Vázquez¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Department of Chemistry and Physics, Arkansas State University, P.O. Box 419, State University, Jonesboro, AR 72467, USA.

Ascorbic acid (AsA) is fundamental for plant survival as it protects cells against damage of oxidative stress and also plays an essential role as an enzymatic cofactor. In plants, AsA biosynthesis proceeds by four alternatives pathways: D-manose/L-galactose (Man/Gal); D-galacturonate (GalU); L-gulose (L-Gul) and Myo-inositol (MIOX). The final reactions leading to AsA are catalyzed by L-gulono-1, 4-lactone oxidase (GulLO) and L-galactone-1, 4-lactone dehydrogenase (GLDH). Plants with deficiencies in AsA, are affected in growth and development. Previously, we had identified the set of genes involved in the biosynthesis of AsA in *Marchantia polymorpha* and we are now interested in studying the function of key genes in this biosynthetic pathway. We employed the gene editing system CRISPR/Cas9 for the generation of loss-of-function alleles in the GLDH gene (MpGLDH) of *M. polymorpha*. We isolated one mutant that renders a truncated GLDH protein and exhibits several developmental phenotypes including altered deposition of cuticle that results in the formation of protruding parenchyma and alterations in the shape and bifurcation pattern of thalli. We are currently characterizing additional mutant alleles.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Characterization of the expression pattern of the MpDICER-LIKE1b during the vegetative phase of *Marchantia polymorpha*

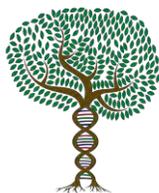
Yeredetzi Aline Solano-Portilla^{1, 2}, Adolfo Aguilar-Cruz¹, Mario Arteaga-Vázquez¹, Ana Dorantes-Acosta¹.

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Instituto Tecnológico Superior de Xalapa, Sección 5A Reserva Territorial S/N, Santa Bárbara 91096, Xalapa, México.

DICER-LIKE (DCL) genes encode globular multidomain proteins that are master regulators of small RNA biogenesis in eukaryotes. The genome of the basal land plant *Marchantia polymorpha* contains five members of the MpDCL family, one of these members, *M. polymorpha DICER-LIKE1b* (MpDCL1b), encodes a non-canonical DCL protein that possesses single RNase III domain and two double stranded RNA-binding domains. In order to start understanding the function of MpDCL1b, we cloned a promoter sequence corresponding to a fragment of 3 kilo bases (kb) located just upstream of the start codon (ATG) of MpDCL1b that includes its full 5'-Untranslated Region (5'UTR). We generated a transcriptional fusion between the 3 kb-promoter of MpDCL1b and the coding sequence of the bacterial GUS reporter gene that encodes the enzyme β -glucuronidase (termed: *proMpDCL1b:GUS*). Next, we characterized the expression pattern of this transcriptional fusion during the vegetative phase of *M. polymorpha*. We found that the expression pattern of *proMpDCL1b* is restricted to a set of specific cells located within the central region of gemmae and in the papillae located in the floor of the gemma cup. Our results suggest that MpDCL1b functions during gemmae development in *M. polymorpha*.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Evaluación de murciélagos (*Phyllostomidae*) bioindicadores ambientales del estado de Veracruz por medio de la Big Data y redes bayesianas.

Hernández Córdoba-Hansel¹, Castro Luna Alejandro-Antonio¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

Un bioindicador se define como una especie o un conjunto de especies que reflejan el estado biótico y abiótico del ambiente, representan además los cambios en el hábitat, comunidades o ecosistemas o indican la diversidad de otras especies. Las características de un bioindicador son, que se tenga amplio conocimiento de su taxonomía y su ecología, distribución geográfica amplia, especialización a un ambiente en particular, proporcione una alerta temprana de cambio, la inversión económica para su estudio sea reducida. Además, deben ser capaces de representar el efecto antropogénico y deben tener importancia económica, es por ello que los murciélagos se han propuesto como bioindicadores de interés, aunque los resultados no han sido concluyentes. En este trabajo utilicé bases de datos de capturas de murciélagos de la familia *Phyllostomidae* en el estado de Veracruz, depurando y añadiendo variables por el método aplicado en Big Data (procesamiento de data en Python y geoprocésamiento en ArcMap), con la finalidad de construir una red bayesiana y obtener las especies de murciélagos bioindicadoras añadiendo variables que caracterizan a un bioindicador. Se obtuvo un total de 510 datos de capturas de murciélagos de la familia *Phyllostomidae* del estado de Veracruz, y una red bayesiana construida y validada.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



In search of salt stress responsive marker genes in *Marchantia polymorpha*

Lizbeth Landa-Hernández^{1,2}, Dulce Flores-Martinez¹, Maureen Hummel³, Omar Oltehua-Lopez¹, Mario Arteaga-Vázquez¹, Julia Bailey-Serres³ and Ana Dorantes-Acosta¹.

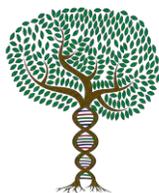
¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Xalapa 91090, México.

²Instituto Tecnológico Superior de Xalapa, sección 5ª Reserva territorial S/N, Santa Bárbara, 91096, Xalapa México.

³Botany and Plant Sciences, Genomics Building/4119^a. University of California Riverside, CA 92521

Soil salinity is an abiotic stress that impacts plant development worldwide and causes economics losses in agriculturally relevant crops. *Marchantia polymorpha* is a basal land plant that conquered the landscape around 470 million years ago, and it belongs to the group of plants ever exposed to extreme environmental conditions (including desiccation) during the transition from an aquatic to a terrestrial environment. We are interested in identifying marker genes encompassing early and late responses during the transcriptomic response to salt stress in *M. polymorpha*. Based on transcriptomic analysis, previously performed in our group, of plants exposed to salt stress (100 mM of NaCl) over a period of 2 hours (h) and 24 h, we aim to recognize the most contrastingly expressed genes under the experimental conditions describe above through RT-PCR assays. This knowledge will serve as the basis for the generation of reporter-transcriptional fusions responsive to salt stress and will greatly aid in our current efforts to understand the evolution of the response to salt stress in land plants.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



MIPUN herramienta de tecnología móvil - TIC, para la gestión de plagas y enfermedades en parcelas vitícolas del municipio de Ginebra (Valle de Cauca), bajo procesos de desarrollo rural integral, en clínicas agrobiológicas

Victoria Estefanía Ruiz Molina¹ y Manuel José Peláez Peláez¹

1 Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Palmira, Valle del Cauca, Colombia.

La Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, ha generado iniciativas de interacción social con prácticas de extensión solidaria mediante la estrategia de Clínicas Agrobiológicas-CA, las cuales propenden por la búsqueda permanente de soluciones enfocadas al fortalecimiento del sector agropecuario desde el ejercicio multidisciplinario con el trabajo conjunto de docentes y estudiantes de los programas de las Ciencias Agrarias y afines. En este sentido, la Universidad en ejecución del proyecto “Diseño de herramientas móviles TIC para la fitosanidad y la gestión óptima del suelo en parcelas vitícolas del municipio de Ginebra, Valle del Cauca, bajo modelos de desarrollo rural integral en clínicas agrobiológicas”, diseñó la aplicación móvil MipUN constituida por cinco secciones las cuales, permiten el reconocimiento de los problemas fitosanitarios más recurrentes en el agroecosistema de la uva Isabela (*Vitis labrusca* L.), así como también la estimación de curvas epidemiológicas bajo modelos matemáticos como: Monomolécula, Exponencial, Logístico, Gompertz y Weibull; complementada con una sección de base de datos libres para consulta de información técnica de relevancia y además, una para el registro de imágenes asociadas a patógenos en campo.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



Variación en la diversidad genética en dos especies de aves en relación con el grado de urbanización

Miguel Ángel Gómez Martínez¹, Ernesto Ruelas Inzunza¹ and Angelina Ruiz Sánchez²

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

²Facultad de Biología, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán S/N, Zona Universitaria, Xalapa 91090, México.

La urbanización es una de las perturbaciones antropogénicas más intensas e irreversibles a escala global. Afecta a la biodiversidad al "filtrar" la fauna, evitando que ciertas especies puedan moverse libremente entre fragmentos de vegetación en estos ecosistemas transformados. La pérdida de diversidad genética producto del aislamiento en áreas urbanas pueden poner en riesgo la estabilidad a largo plazo de las poblaciones al disminuirse el flujo génico. Nos planteamos el objetivo de evaluar la diversidad genética en poblaciones de dos especies de aves con distinta capacidad de desplazamiento en tres áreas verdes ubicadas en matrices con distinto grado de urbanización, clasificándolas como intra, peri y no-urbana (*Arremon brunneinucha*) presentará menor diversidad genética en el parque intra-urbano, en relación con la especie con mayor movilidad (*Basileuterus culicivorus*) y en general en relación con las poblaciones de las dos áreas verdes con mayor conectividad. Consideramos que este estudio servirá para entender el efecto de la ciudad como un filtro que opera de manera diferencial en el flujo génico de las poblaciones y como un modelo para mejorar la planificación de áreas verdes considerando la importancia de la conectividad con áreas peri-urbanas.

Universidad Veracruzana



Posgrado INBIOTECA

13 Simposio Interno
de Investigación y Docencia



El género *Leptogium* en México

Aline Graciela Ruiz-Cazares¹ and Antonio Andrade-Torres¹

¹Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzananas 101, Xalapa 91090, México.

Los líquenes del género *Leptogium* (Collemataceae, Peltigerales) son considerados cosmopolitas aunque se distribuyen principalmente en regiones templadas con alta humedad. Se caracterizan por estar en simbiosis con cianobacterias verdes-azuladas del género *Nostoc*; lo que les confiere una alta capacidad para disponer directamente del nitrógeno atmosférico y fijarlo en el ecosistema. Este grupo de organismos es especialmente sensible a la perturbación del hábitat, por lo que, son usados como indicadores de contaminación. Son organismos poco estudiados, se han registrado 70 taxa en todo el mundo, pero se discute la existencia de más de 180, de hecho, en años recientes se han descrito nuevas especies. Las técnicas moleculares actuales en conjunto con el conocimiento morfológico, permiten profundizar el estudio del género en contexto geográfico y filogenético. Este trabajo presenta los avances del primer estudio formal del género *Leptogium* en México. Considerando que este género tiene alta afinidad por sitios templados y húmedos, este proyecto realiza la primera aproximación de la distribución geográfica y un estudio filogenético del género comenzando con el bosque mesófilo de montaña en diferentes localidades del país, iniciando con sitios prioritarios para conservación.

Universidad Veracruzana