



Sociedad
Mexicana de
Biología del
Desarrollo

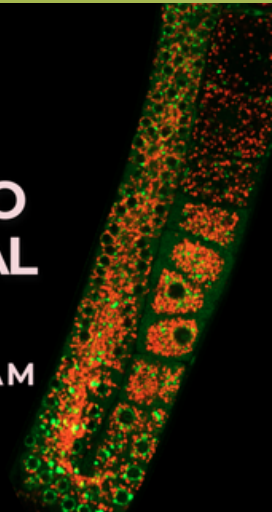


XIV
III

CONGRESO
NACIONAL
CONGRESO
INTERNACIONAL

JURIQUILLA, QUERÉTARO
INSTITUTO DE NEUROBIOLOGÍA, UNAM

Del 2 al 5 de septiembre de 2026



Conferencias **Magistrales**

Ponencias **Nacionales e Internacionales**

Sesiones **Pósters**

Pew



frontiers



QUÍMICA
VALANER



LepsiPrisma
MICROSCOPIA

Agradecimiento a PEW-Biohub

El II Congreso Internacional y XIV Nacional de la Sociedad Mexicana de Biología del Desarrollo agradece profundamente el respaldo de PEW-Biohub, cuya generosa contribución ha sido fundamental para hacer posible este encuentro. Gracias a su apoyo, casi 150 investigadores, entre estudiantes de licenciatura, posgrado, posdoctorales e investigadores principales, se reunieron en Juriquilla, Querétaro, del 2 al 5 de septiembre de 2026, el 90% de ellos provenientes de México y otros países de Latinoamérica. El financiamiento de PEW hizo posible otorgar becas a estudiantes y posdoctorados de la región, así como el hospedaje de investigadores invitados internacionales, ampliando así el acceso a este espacio científico para quienes de otro modo no habrían podido participar. Más allá del apoyo logístico, esta contribución ha sido clave para revitalizar a la SMBD como punto de encuentro para la comunidad de biología del desarrollo en México, fortaleciendo redes de colaboración, impulsando el desarrollo profesional de investigadores en etapas tempranas de carrera, y reafirmando el compromiso de la sociedad con la ciencia regional. Reconocemos con gratitud a PEW-Biohub como un socio esencial en este esfuerzo por consolidar y reavivar la comunidad científica mexicana y latinoamericana.

Acknowledgment to PEW-Biohub

The II International and XIV National Meeting of the Mexican Society of Developmental Biology gratefully acknowledges the support of PEW-Biohub, whose generous contribution was instrumental in making this meeting possible. Thanks to their support, nearly 150 researchers including undergraduate and graduate students, postdoctoral fellows, and principal investigator, gathered in Juriquilla, Querétaro, from September 2–5, 2026, with 90% of attendees coming from Mexico and other Latin American countries. PEW's funding made it possible to provide travel grants to students and postdocs across the region, as well as lodging for international invited speakers, broadening access to this scientific gathering for those who might not otherwise have been able to attend. Beyond logistical support, this contribution has been central to revitalizing the SMBD as a gathering point for the developmental biology community in Mexico, strengthening collaborative networks, supporting the professional growth of early-career researchers, and reaffirming the society's commitment to regional science. We are deeply grateful to PEW-Biohub as an essential partner in this effort to rebuild and reinvigorate the Mexican and Latin American scientific community.



Comité Organizador



Dra. Rosa E. Navarro González
Instituto de Fisiología Celular
UNAM



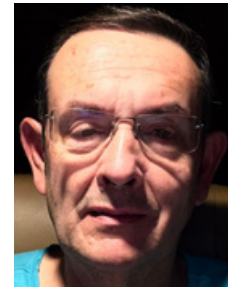
Dr. Luis Alfredo Cruz Ramírez
Unidad de Genómica Avanzada
CINVESTAV



Dra. Marycruz Flores Flores
School of Medicine
University of Colorado



Dr. Marcos Nahmad
CINVESTAV
Zacatenco



Dr. Juan Riesgo Escovar
Instituto de Neurobiología
UNAM



Dr. Mario A. Arteaga Vázquez
INBIOTECA
Universidad Veracruzana



Dr. Daniel Ortuño Sahagún
Universidad de Guadalajara



Dr. Félix Recillas Targa
Instituto de Fisiología Celular
UNAM

*Libro de resúmenes editado por:
Arteaga-Dorantes Liliana; Arteaga-Vázquez Mario A.*



Índice

Miércoles 02 Septiembre — Pláticas	6
Sesión 1 Magistral: Migrar para construir: el viaje colectivo de las crestas neurales (Roberto Mayor)	6
Sesión 1: CEK8/EphA4 organiza espacialmente el blastema tendinoso mediante la interacción de WNT y TGF- β en el desarrollo de la extremidad (Jessica Cristina Marín-Llera)	6
Sesión 1: Un estado mecánico supracelular polarizado dirige la migración celular colectiva (Jaime Adolfo Espina Hidalgo)	7
Sesión 1 Internacional: The ontogenetic basis of craniofacial evolution in pupfishes (Maria Fernanda Palominos)	7
Sesión 1 Nacional: Studying regeneration in a new experimental model: the garden slug <i>Deroceras laeve</i> (Alfredo Varela-Echavarría)	8
Sesión 1: Una proteína argonauta regula el crecimiento vegetativo y el desarrollo reproductivo en <i>Marchantia polymorpha</i> (Cristian Yaharo González Rangel)	8
Jueves 03 Septiembre — Pláticas	9
Sesión 2 Magistral: Epigenetic mechanisms in early mammalian development (Maria Elena Torres Padilla)	9
Sesión 2 Internacional: Glucose Metabolism as a Driver of Gonadal Sex Differentiation and Fertility (Martin Estermann)	9
Sesión 2: MpDCL1a controla la biogénesis de microRNAs y el establecimiento de patrones del desarrollo en <i>Marchantia polymorpha</i> (Adolfo Aguilar Cruz)	10
Sesión 2: Expresión y función de los genes de segmentación en <i>Vanessa cardui</i> , un modelo emergente de lepidópteros (Ximena Gutierrez Ramos)	11
Sesión 3 Internacional: Spatio-temporally regulated maternal RNA decay factor essential for zebrafish development (Ariel A. Bazzini)	11
Sesión 2 Nacional: Virtual isolation of rare cell types during early meristem establishment in barley (Edgar Demesa Arévalo)	11
Sesión 3: Estudio del papel ancestral de MpAINTGUMENTA en la integración de redes hormonales durante el desarrollo de <i>Marchantia polymorpha</i> (José Luis Lorenzo Manzanarez)	12
Sesión 3: Una isoforma de kayak es requerida durante el desarrollo del ojo de <i>Drosophila melanogaster</i> (Manuel Alejandro Zúñiga García)	13
Sesión 3 Internacional: RNA and stem cells come together: on splicing and translational repression (Acaimo González-Reyes)	13
Sesión 4 Internacional: EMBO Young Investigator Lecture: The Forces That Shape Us (Elías Barriga)	14
Sesión 4: Interdependencia entre el desarrollo del sistema respiratorio y la epidermis de <i>Drosophila</i> (Luis Eduardo Sánchez Cisneros)	14
Sesión 4 Nacional: Análisis de la ontogenia y el desarrollo de hojas compuestas disectadas en angiospermas: el caso de palma jipi, una pseudopalma del Neotrópico (Fulgencio Alatorre Cobos)	14
Sesión 4: El complejo DRM/DREAM regula antagónicamente la fertilidad, la apoptosis y la formación de gránulos de estrés en la línea germinal de <i>C. elegans</i> (Arianne M. Cristino-Miranda)	15
Viernes 04 Septiembre — Pláticas	16
Sesión 5 Internacional: Functional redundancy of tbx4 and tbx5 genes in zebrafish cardiopharyngeal and lateral plate mesoderm development (Marycruz Flores Flores)	16
Sesión 5 Nacional: Biología comparativa del género <i>Hydra</i> para investigar los mecanismos de la longevidad (Sergio Esteban Campos Rodríguez)	16
Sesión 5 Nacional: Dissecting the regulatory landscape of the dachshous gene during <i>Drosophila</i> development (Katarzyna Oktaba Sosin)	17
Sesión 5: La reducción de la señalización de la pleiotrofina y sus receptores en la corteza cerebelosa no neoplásica evidencia la recapitulación de programas del desarrollo fetal en el meduloblastoma humano (Margarita Belem Santana Bejarano)	17
Sesión 5: División, simetría y reconstrucción morfogenética en Placozoa (Rodrigo Cuervo González)	18
Sesión 5 Nacional: El papel del metabolismo de treonina en el desarrollo temprano del pez cebra (Hilda Lomelí)	18
Sesión 6 Magistral EMBO Keynote Lecture: When Cells Feel the Matrix: Shaping Tissues and Maintaining Homeostasis (María Dolores Martín Bermudo)	19
Sesión 6 Internacional: Induction, maintenance, and execution of zebrafish spinal cord specification and patterning programs (Isaac Skromne)	19
Sesión 6: La autofagia y la MMP2 en la morfogénesis del tubo neural (Pilar Sarah Acevo Rodríguez)	20
Sesión 7 Internacional: A matter of time: how cell cycle dynamics shape root development (Bénédicte Desvoves)	20
Sesión 7 Internacional: Hematopoiesis primitiva en el cerebro adulto del killifish (Juan Tena)	21
Sesión 7: Regeneración del sistema nervioso central del gasterópodo <i>Deroceras laeve</i> (Sergio Francisco Cornelio Martínez)	21

Sábado 05 Septiembre — Pláticas	22
Sesión 8: Segmentando durante el desarrollo desde los tiempos de las medusas ancestrales (Ernesto Maldonado)	22
Sesión 8: Segmentando durante el desarrollo desde los tiempos de las medusas ancestrales La permanencia nuclear de la proteína Yorkie durante el reclutamiento celular regula el tamaño del disco imagal alar en <i>Drosophila melanogaster</i> (Erik Alejandro Ruiz Pérez)	22
Sesión 8: Coexistencia de defectos graves del tubo neural y agenesia esternal: serie morfológica de tres fetos humanos(Patricia Aguilar Fuentes)	23
Sesión 8: Los genes VARIANT IN METHYLATION (VIM) promueven la formación de patrones embrionarios y regulan el tamaño de la semilla en <i>Arabidopsis</i> (Karina Orozco-Natividad)	24
Sesión 8: Alteraciones en la diferenciación y funcionalidad de células precursoras neuronales olfatorias derivadas de pacientes con trastorno depresivo mayor (Zuly Armando Sánchez Florentino)	25
Sesión 8: Diferentes funciones de las proteínas del grupo Polycomb en el desarrollo del ala de <i>Drosophila melanogaster</i> (Murillo-Maldonado J.M.)	26
Sesión 8 Nacional: Relevancia de la Regulación de Lípidos Bioactivos en el Desarrollo de la Cresta Neural	26
Sesión 8 Internacional Closing Lecture: Germline maintenance and genomic integrity: insights from <i>C. elegans</i> (Mónica Colaiacovo)	27
Jueves 03 Septiembre — Sesión de Pósters I (números nones)	29
Vienres 04 Septiembre — Sesión de Pósters II (núneros pares)	29



Miércoles 02 Septiembre — Pláticas

Día 1, 16:00 – 19:50 CST

Sesión 1: Roberto Mayor

Migrar para construir: el viaje colectivo de las crestas neurales

Mayor R. 1

¹University College London

Las crestas neurales son una población celular multipotente cuya migración es esencial para la formación de numerosos tejidos y órganos durante el desarrollo embrionario. En este trabajo exploramos los mecanismos celulares, moleculares y físicos que coordinan su migración colectiva, permitiendo que grupos de células se desplacen de manera eficiente y dirigida. Analizamos cómo las interacciones célula-célula y las señales del microambiente regulan este proceso dinámico. Nuestros resultados aportan nuevas perspectivas sobre los principios que gobiernan los movimientos colectivos celulares y su importancia en la morfogénesis embrionaria.

Conferencia Magistral

16:15 - 17:15

Sesión 1: Jessica Cristina Marín-Llera

CEK8/EphA4 organiza espacialmente el blastema tendinoso mediante la interacción de WNT y TGF- β en el desarrollo de la extremidad

Marín-Llera JC 1, Galván-Hernández CI 1, Jiménez-Cárdenas CA 2, Chimal-Monroy J 1

¹Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM ² Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM

La formación de los tendones en las extremidades requiere delimitar los territorios de los progenitores tenogénicos entre el esqueleto en desarrollo y el ectodermo mediante la coordinación temporal de señales morfogenéticas. SCX identifica el compromiso temprano de estos progenitores, mientras que WNT/ β -catenina, de origen ectodérmico, mantiene a las células indiferenciadas, y su inhibición permite la inducción de Scx. Por su parte, TGF- β , producido en los elementos esqueléticos, promueve y mantiene la identidad tendinosa. En este trabajo, analizamos la función de CEK8/EphA4, un receptor de efrinas, durante la diferenciación tendinosa temprana en la extremidad del embrión de pollo, así como su interacción con WNT/ β -catenina y TGF- β . Mediante hibridación in situ, inmunofluorescencia, RT-qPCR, cultivos en micromasa, implantación de perlas y microscopía electrónica, encontramos que CEK8 presenta un patrón de expresión similar al de Scx, pero se localiza en la periferia del blastema tendinoso, delimitando el territorio de células SCX-positivas. La inhibición de CEK8 indujo tempranamente la expresión de Scx y otros marcadores tendinosos, expandió los dominios de β -catenina, SMAD2/3 y SCX, y favoreció una morfología celular alargada; sin embargo, estos efectos no se mantuvieron posteriormente. La regulación de Cek8 por WNT fue dependiente del tiempo, pues WNT3A indujo inicialmente su expresión y posteriormente la inhibió, mientras que DKK la redujo en todos los tiempos. TGF- β indujo rápidamente Cek8 y Scx, pero su combinación con la inhibición de CEK8 restringió espacialmente el dominio de Scx. Asimismo, la inhibición simultánea de WNT y CEK8 redujo la expresión de Scx, lo que indica que CEK8 es necesario para mantener el programa tenogénico. Estos resultados identifican a CEK8 como un regulador bifásico y espacial de la diferenciación tendinosa, que inicialmente limita la expansión del programa tenogénico y posteriormente contribuye a su mantenimiento. Proponemos que la interacción entre CEK8–WNT–TGF- β establece la arquitectura y los límites del campo tendinoso en la extremidad embrionaria.

Trabajo Libre

17:15 - 17:35



Sesión 1: Jaime Adolfo Espina Hidalgo

Un estado mecánico supracelular polarizado dirige la migración celular colectiva

Espina JA 1, Hennighausen HI 2, Schmitt, C 3, Thorn-Seshold, O 3, Alert R 2, Barriga, EH 1
¹Cluster of Excellence Physics of Life, TU-Dresden, Dresden, Germany ²Max Planck Institute for the Physics of Complex Systems, Dresden, Germany ³Faculty of Chemistry and Food Chemistry, Dresden University of Technology, Dresden, Germany

La migración celular colectiva es un proceso fundamental para la embriogénesis, la reparación tisular y la metástasis del cáncer. Aunque múltiples señales físicas y químicas orientan este proceso, se desconoce cómo son integradas para generar una migración robusta. Previamente demostramos que las células de la cresta neural (CCN) de *Xenopus* inician su migración cuando la proporción entre la rigidez celular y la del sustrato alcanza un umbral crítico, proceso dependiente de la desacetilación de los microtúbulos (MT). Sin embargo, se desconoce si este mecanismo también controla la migración direccional. Aquí demostramos que grupos de CCN que migran sobre gradientes de rigidez desarrollan una organización mecánica polarizada, con mayores niveles de acetilación MT, o sea mayor estabilidad, y mayor rigidez celular en la región posterior respecto del frente migratorio. Luego, utilizando herramientas genéticas, microscopía de fuerza atómica y modelamiento matemático, demostramos que esta polarización de MT y propiedades mecánicas es indispensable para la migración direccional. Además, el mismo patrón emerge en respuesta a gradientes químicos y campos eléctricos, indicando que señales de distinta naturaleza convergen en un estado celular y mecánico común. Finalmente, utilizando herramientas optogenéticas, impusimos artificialmente esta polarización mecánica en ausencia de señales externas. Esta manipulación fue suficiente para inducir una migración colectiva direccional, con las células menos rígidas y menor acetilación de MT liderando el frente migratorio. En conjunto, nuestros resultados identifican un principio general de la migración celular colectiva: distintas señales de guía convergen en una organización mecánica supracelular común que dirige el movimiento del colectivo. Proponemos que este mecanismo integra las diversas señales externas para conferir robustez a la migración en los entornos complejos que las células enfrentan *in vivo*.

Trabajo Libre
18:10 - 18:30

Sesión 1: Maria Fernanda Palominos

The ontogenetic basis of craniofacial evolution in pupfishes

Palominos M.F. 1

¹ UC Berkeley

How does evolution produce dramatic craniofacial innovation on ecological timescales? I address this question using an adaptive radiation of Cyprinodon pupfishes, a vertebrate system that exhibits one of the fastest known rates of craniofacial evolution. On San Salvador Island, Bahamas, pupfishes have evolved strikingly divergent jaw morphologies associated with specialized diets, including molluscivory and scale-eating, within the last 10,000 years. Thus, this radiation offers a unique opportunity to connect naturally evolved genomic variation with the developmental mechanisms that generate rapid morphological change. I combine comparative genomics, tissue-specific transcriptomics, and high-resolution imaging across embryonic, larval, and post-larval development to identify how genomic variation reshapes craniofacial morphogenesis. Transcriptomic comparisons of craniofacial and caudal tissues across six species at hatching, the earliest stage of detectable morphological divergence, reveal large sets of genes differentially expressed specifically in the craniofacial region of trophic specialists. Intersecting these craniofacial-specific expression profiles with genomic regions under selection highlights candidate genes, including *pycr3*, *atp8a1*, and *wdr31*, that have not previously been implicated in craniofacial divergence and show both differential expression and regulatory-region variation. Furthermore, I have identified craniofacial-specific alternative splicing events in the scale-eating pupfish that are present in jaw tissue but absent from tail tissue, revealing a previously unrecognized post-transcriptional layer of regulatory divergence shaping jaw morphology. I have also established CRISPR-based genome editing in this system, opening the door to direct functional tests of candidate variants in a naturally evolved vertebrate model. Together, this work links genomic, regulatory, and post-transcriptional variation to the developmental origins of extreme craniofacial diversity and provides a broader framework for understanding how evolution modifies developmental programs to produce morphological novelty.

Ponente Internacional
18:30 - 19:00



Sesión 1: Alfredo Varela-Echavarría

Studying regeneration in a new experimental model: the garden slug *Deroceras laeve*

Varela-Echavarría A. 1

¹ Instituto de Neurobiología, UNAM

The mantle, foot, body wall, cerebral ganglia, and tentacles are among the many structures that regenerate in terrestrial gastropods. However, the underlying cellular and molecular mechanisms have not been thoroughly studied. Because of its small size, highly complex organs and systems, ease of laboratory culture, and widespread distribution, we developed the garden slug *Deroceras laeve* as an experimental model for this purpose. We sequenced its genome, assembled it into chromosomes, and annotated repetitive sequences, protein-coding genes and non-coding RNAs. We also built SlugAtlas (slugatlas.lavis.unam.mx), an online anatomical and histological resource for *D. laeve* and another slug, *Ambigolimax valentianus*. This allowed a comprehensive comparative analysis of the organs and tissues of these two species and the description of unique and novel features of their anatomy. For *D. laeve*, we also examined its degrowth and regrowth, which occurs in animals with high potential for regeneration, and analyzed the regeneration of its tail and nerve ganglia. Our initial findings reveal morphological features, cellular mechanisms, and gene pathways that have been previously linked to comparable processes in diverse animal groups, as well as others that have not been connected to tissue restoration. These achievements lay the groundwork for using the slug *D. laeve* to understand the complex mechanisms behind gastropod regeneration.

Ponente Nacional

19:00 - 19:30

Sesión 1: Cristian Yaharo González Rangel

Una proteína argonauta regula el crecimiento vegetativo y el desarrollo reproductivo en *Marchantia polymorpha*

González-Rangel CY 1, Aguilar-Cruz A1,2, Lorenzo-Manzanarez JL 2, Espinal-Centeno A 2, Cruz-Ramírez LA 2, Ishizaki K 3, Dorantes-Acosta AE1, Haseloff J 4, Mosher RA 5, Bowman JL 6, Arteaga-Vázquez MA 1

¹Universidad Veracruzana, Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA) Xalapa, Veracruz, México ² CINESTAV, Unidad de Genómica Avanzada (LANGE BIO) Irapuato, Guanajuato, México ³ Graduate School of Science, Kobe University, Hyogo, Japan ⁴ Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, United Kingdom ⁵ Department of Biology, University of Oxford, Oxford, United Kingdom ⁶ School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne Victoria, Australia

La migración celular colectiva es un proceso fundamental para la embriogénesis, la reparación tisular y la metástasis del cáncer. Aunque múltiples señales físicas y químicas orientan este proceso, se desconoce cómo son integradas para generar una migración robusta. Previamente demostramos que las células de la cresta neural (CCN) de *Xenopus* inician su migración cuando la proporción entre la rigidez celular y la del sustrato alcanza un umbral crítico, proceso dependiente de la desacetilación de los microtúbulos (MT). Sin embargo, se desconoce si este mecanismo también controla la migración direccional. Aquí demostramos que grupos de CCN que migran sobre gradientes de rigidez desarrollan una organización mecánica polarizada, con mayores niveles de acetilación MT, o sea mayor estabilidad, y mayor rigidez celular en la región posterior respecto del frente migratorio. Luego, utilizando herramientas genéticas, microscopía de fuerza atómica y modelamiento matemático, demostramos que esta polarización de MT y propiedades mecánicas es indispensable para la migración direccional. Además, el mismo patrón emerge en respuesta a gradientes químicos y campos eléctricos, indicando que señales de distinta naturaleza convergen en un estado celular y mecánico común. Finalmente, utilizando herramientas optogenéticas, impusimos artificialmente esta polarización mecánica en ausencia de señales externas. Esta manipulación fue suficiente para inducir una migración colectiva direccional, con las células menos rígidas y menor acetilación de MT liderando el frente migratorio. En conjunto, nuestros resultados identifican un principio general de la migración celular colectiva: distintas señales de guía convergen en una organización mecánica supracelular común que dirige el movimiento del colectivo. Proponemos que este mecanismo integra las diversas señales externas para conferir robustez a la migración en los entornos complejos que las células enfrentan *in vivo*.

Trabajo Libre

19:30 - 19:50



Jueves 03 Septiembre — Pláticas

Día 2, 10:00 – 13:50 CST

Sesión 2: Maria Elena Torres Padilla

Epigenetic mechanisms in early mammalian development

Torres Padilla ME. 1

¹*Institute of Epigenetics & Stem Cells, Helmholtz Munich*

Pendiente

Conferencia Magistral

9:00 - 10:00

Sesión 2: Martin Estermann

Glucose Metabolism as a Driver of Gonadal Sex Differentiation and Fertility

Estermann M.A. 1

¹*Institute of Molecular Genetics of the Czech Academy of Sciences*

Infertility affects approximately 15% of couples worldwide, with male infertility responsible for nearly half of cases. While dietary and metabolic factors influence reproduction, the molecular mechanisms linking metabolism to fertility remain unclear. Our research explores how cellular metabolism regulates embryonic testis differentiation and its long-term impact on adult fertility using mice. We focus on Sertoli cells, the somatic lineage that supports the germline and orchestrates testis development. Previous studies suggest embryonic Sertoli cells rely on glucose for identity maintenance. Here, we investigated how glucose metabolism regulates Sertoli cell differentiation and function. Using ex-vivo drug screening in embryonic mouse testes, we found that glucose metabolism in Sertoli cells primarily feeds into the hexosamine biosynthetic pathway (HBP) rather than glycolysis. The HBP, through the O-GlcNAc transferase OGT, facilitates protein O-GlcNAcylation, a key post-translational modification that regulates cellular processes, including gene expression and protein stability. To examine its role in testis development, we performed transcriptomic analysis on embryonic testes treated with the OGT inhibitor OSML-1, revealing defects in Sertoli cell differentiation, testis cord organization, and germ cell survival. To explore this process in-vivo, we generated Sertoli cell-specific *Ogt* conditional knockout (cKO) mice. Loss of *Ogt* during the process of sex differentiation destabilized testicular fate and caused ovotestis formation, with reduced SOX9⁺ Sertoli cells and ectopic FOXL2⁺ pre-granulosa cells. *Ogt* cKO in later stages resulted in infertile mice, with smaller testes, and lacking germ cells in seminiferous tubules, highlighting O-GlcNAcylation's essential role in Sertoli cell function. Our findings suggest that Sertoli cells prioritize glucose metabolism through the HBP to sustain O-GlcNAcylation, ensuring their differentiation, survival, and germline support. Disrupting this process leads to Sertoli cell dysfunction, germline loss, and ultimately, male infertility.

Ponente Internacional

10:00 - 10:30



Sesión 2: Adolfo Aguilar Cruz

MpDCL1a controla la biogénesis de microRNAs y el establecimiento de patrones del desarrollo en *Marchantia polymorpha*

Trabajo Libre
10:30 - 10:50

Aguilar-Cruz A 1, Flores-Sandoval E 2,3, Xu Y 4, Yu Y 5,6, Gutiérrez-Ramos X 7, González-Rangel CY1, Oltehua-Lopez O 1, Dorantes-Acosta AE1, Trujillo JT8, Kato H9, Ishizaki K 10, Mosher RA11, Dolan L 12, Chen X 5, Grimanelli D 13, Haseloff J 14, Bowman JL 2,3, Arteaga-Vazquez MA 1

¹Universidad Veracruzana. Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA) Xalapa, Veracruz, México ² School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne Victoria Australia ³ ARC Centre of Excellence for Plant Success in Nature and Agriculture, Monash University, Melbourne Victoria, Australia ⁴ Department of Botany and Plant Science, University of California, Riverside, CA, USA ⁵ State Key Laboratory of Gene Function and Modulation Research, School of Life Sciences, Peking-Tsinghua Center for Life Sciences, Peking University, Beijing China ⁶Beijing Advanced Center of RNA Biology (BEACON), School of Life Sciences, Peking University, Beijing, China ⁷ Department of Entomology, University of Maryland, College Park, USA ⁸ The School of Plant Sciences, The University of Arizona, Tucson, USA ⁹ Graduate School of Science and Engineering, Ehime University, Matsuyama, Japan ¹⁰ Graduate School of Science, Kobe University, Japan ¹¹ Department of Biology, University of Oxford, Oxford, United Kingdom ¹² Gregor Mendel Institute, Dr. Bohr-Gasse, 3, Austria ¹³ Institut de Recherche pour le Développement, Montpellier, France ¹⁴ Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, United Kingdom

El desarrollo de un organismo multicelular requiere que las células establezcan y mantengan características estructurales y funcionales específicas. Una de las preguntas centrales de la biología del desarrollo es cómo los cambios en la regulación de la expresión génica dirigen la especificación celular y el establecimiento de patrones. Los microRNAs (miRNAs) son pequeños RNAs no codificantes (21–24 nt) que regulan la expresión génica promoviendo la degradación de RNAs mensajeros o inhibiendo su traducción. En las plantas, los miRNAs controlan procesos fundamentales del desarrollo, como el mantenimiento del meristemo, la transición de la fase vegetativa a la reproductiva, la morfogénesis y la formación de órganos. La biogénesis de los miRNAs depende de DICER-LIKE 1 (DCL1), una endonucleasa de la familia RNasa III que procesa precursores de RNA de doble cadena para generar miRNAs maduros. Utilizando la briófito modelo *Marchantia polymorpha*, demostramos que MpDCL1a es indispensable para la biogénesis de miRNAs. Además, demostramos que el módulo regulador MpmiR166a/Homeodomain Leucine Zipper clase III (MpC3HDZ) desempeña un papel clave en la regulación del metabolismo de auxinas, la especificación de la identidad celular, el establecimiento de patrones del desarrollo, el mantenimiento de la función meristemática y la expansión del talo. En conjunto, estos hallazgos establecen a MpDCL1a como un componente esencial de la maquinaria de biogénesis de miRNAs y revelan un mecanismo regulador conservado que coordina procesos fundamentales del desarrollo en las plantas terrestres.



Sesión 2: Ximena Gutierrez Ramos

Expresión y función de los genes de segmentación en *Vanessa cardui*, un modelo emergente de lepidópteros

Gutiérrez Ramos X 1, Pick L 1

¹*Department of Entomology, University of Maryland, College Park, MD, 20742, USA*

A pesar de que todos los insectos son segmentados, los genes que controlan este proceso varían a lo largo de las especies de insectos. Muchos de los genes pair-rule (PR) que dirigen la formación de segmentos alternos en *Drosophila* son utilizados de forma similar en otros insectos holometábolos; sin embargo, algunas especies de insectos evolutivamente más distantes a *Drosophila* utilizan diferentes genes PR para la formación de los segmentos alternos. En un estudio previo mostramos que la orden Lepidoptera no tiene el gen PR altamente conservado (paired). En este estudio utilizamos a la mariposa de los cardos, *Vanessa cardui*, como un modelo de lepidópteros para explorar la expresión y función de los genes PR en el gran clado de las polillas y mariposas. Cuatro ortólogos de genes PR de *Drosophila* son expresados en un patrón de bandas PR, *Vanessa* even-skipped (*eve*), *runt*, *odd-skipped* y *hairy*, en donde *Vanessa-eve* muestra una función PR. Tres genes, *Vanessa sloppy paired 1*, *sloppy paired 2* y *odd-paired* muestran un patrón de expresión en bandas en cada segmento. Ninguno de los dos genes que muestran una función PR en hemípteros, pero no en *Drosophila*, muestran una función PR en *Vanessa*. Sin embargo, el gen PR de los hemípteros, *Blimp1*, muestra una función novedosa en la segmentación abdominal de *Vanessa*. Así, aunque las mariposas parecen compartir los mecanismos de segmentación PR con otros insectos, solo utilizan un subconjunto de los genes ortólogos PR de *Drosophila*, y ninguno de los genes ortólogos PR de los hemípteros. Estos descubrimientos sugieren que existe un extenso reordenamiento del conjunto de genes de segmentación en los lepidópteros.

Trabajo Libre
10:50 - 11:10

Sesión 3: Ariel A. Bazzini

Spatio-temporally regulated maternal RNA decay factor essential for zebrafish development

Bazzini A 1

¹*Stowers Institute for Medical Research*

Maternal mRNA decay is essential for the Maternal-to-Zygotic Transition (MZT), yet its impact on spatial regulation has remained largely unexplored. We identify Cth1 as the first maternally encoded RNA-decay factor regulated in a spatiotemporal manner outside the germline in zebrafish, driven by conserved 3UTR cis-elements. RfxCas13d-mediated depletion of maternal *cth1* revealed early developmental defects that could not be assessed with SpyCas9 mutants due to infertility from impaired gametogenesis. Mechanistically, Cth1 acts independently of zygotic genome activation, recognizing AU-rich motifs in maternal 3UTRs to promote deadenylation and decay; deletion of these motifs or depletion of Cth1 stabilizes both reporter and endogenous transcripts. These findings establish Cth1 as a key component of the maternal program and provide the first direct evidence that spatially regulated mRNA decay, outside the germline, contributes to early vertebrate development.

Ponente Internacional
11:40 - 12:10

Sesión 2: Edgar Demesa Arévalo

Virtual isolation of rare cell types during early meristem establishment in barley

Demesa Arévalo E 1

¹*Departamento de Ingeniería Genética, CINVESTAV Unidad Irapuato*

In cereals, the specification of sequential meristematic cell identities and the subsequent establishment of a floral meristem precede flower formation. This complex developmental program requires transcriptional coordination to correctly specify cell lineages. We therefore sought to develop an atlas of the barley meristem featuring single-cell expression data with spatial resolution, with the hope that this atlas will help us to define developmental transitions or cell states with improved resolution.

Ponente Nacional
12:10 - 12:40



Sesión 3: José Luis Lorenzo Manzanarez

Estudio del papel ancestral de MpAINTegumenta en la integración de redes hormonales durante el desarrollo de *Marchantia polymorpha*

Trabajo Libre
12:40 - 13:00

Lorenzo-Manzanarez JL 1, Dípp-Alvarez M 1, Méndez-Álvarez D 1, Espinal-Centeno A 1, Flores-Sandoval E 2, Bowman JL 2, Arteaga-Vázquez MA 3, Cruz-Ramírez A 1

¹Advanced Genomics Unit (LANGE BIO) of CINVESTAV. Km 9.6 Carretera Irapuato-León. CP 36824. Irapuato, Guanajuato, México. ²School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne VIC 3800, Australia. ³Universidad Veracruzana. Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA). Av. de las Culturas Veracruzanas 101. Colonia E. Zapata. C.P. 91090. Xalapa, Veracruz. Mexico. USA

Los genes AINTegumenta-LIKE/PLETHORA/BABYBOOM (APB) constituyen un grupo ancestral de factores de transcripción esenciales para el desarrollo de las plantas terrestres. En *Arabidopsis thaliana*, estos genes son inducidos por auxina y regulan procesos relacionados con la proliferación celular y la organogénesis. En *Marchantia polymorpha*, una de las primeras plantas terrestres, presenta sólo un gen ortólogo de la familia APB, MpAINTegumenta (MpANT). Nosotros caracterizamos la función de MpANT mediante el análisis de líneas de pérdida (Mpant) y ganancia de función (MpANTOE). El análisis de una línea reportera mostró que MpANT se expresa predominantemente en la región meristemática. Asimismo, se identificaron múltiples elementos de respuesta a auxina (AREs) en su región promotora y se demostró que su expresión se modifica significativamente tras la aplicación exógena de auxina y la inhibición de su transporte, indicando que MpANT actúa río abajo de los Factores de Respuesta a Auxina (ARFs). Los análisis funcionales revelaron que MpANT es indispensable para el mantenimiento del meristemo y la proliferación celular, y que regula la distribución de auxina al actuar río arriba del transportador MpPIN1. Mediante inmunolocalización de ácido abscísico (ABA) y de la citoquinina (CK) trans-zeatina ribósido (tZR), se detectaron alteraciones en los patrones de distribución y acumulación de ambas fitohormonas en el fondo mutante Mpant y en la línea sobre-expresante MpANTOE. Estos resultados indican que la actividad de MpANT no solo participa en la regulación de la homeostasis y distribución de auxina, sino que también influye en la organización espacial de ABA y CKs. En conjunto, nuestros hallazgos revelan que MpANT constituye un regulador central del desarrollo de *Marchantia polymorpha*, integrando la señalización de auxina con otras vías hormonales mediante un circuito regulador que coordina la actividad de MpPIN1, ABA y CKs durante el mantenimiento del meristemo y el desarrollo.



Sesión 3: Manuel Alejandro Zúñiga García

Una isoforma de kayak es requerida durante el desarrollo del ojo de *Drosophila melanogaster*

**Trabajo Libre
13:00 - 13:20**

Zúñiga-García M 1,2, Riesgo-Escovar JR 2

¹Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México, Campus Juriquilla, Querétaro, México²BioCódigo SAS, Querétaro / Culiacán, México.

Los elementos virales endógenos (EVEs) son secuencias derivadas de virus ancestrales integradas de forma estable en los genomas. Más allá de representar vestigios de infecciones pasadas, pueden contribuir a la innovación genética y a la evolución de redes regulatorias en metazoos, aunque su identificación sigue siendo un reto por su elevada divergencia, que limita los enfoques basados en similitud de secuencia. Presentamos el análisis del genoma de la babosa terrestre *Deroceras laeve*, recolectada en Querétaro, México, en colaboración con la UNAM, mediante ViromaLab, una plataforma desarrollada por BioCódigo que integra modelos de aprendizaje profundo con ensamblaje, anotación funcional y clasificación taxonómica automatizada para detectar elementos virales altamente divergentes. ViromaLab identificó 29 EVEs distribuidos en 19 cromosomas, todos clasificados de manera consistente dentro de la familia Adintoviridae. Las 29 copias conservaron simultáneamente los marcadores diagnósticos endopeptidasa de adenovirus (PF00770) y ATPasa A32 (PF04665), presentes en el 100 % de los elementos, con concordancia taxonómica hacia Adintoviridae (confianza promedio 0.79). Estos resultados revelan una expansión previamente no descrita de elementos relacionados con Adintoviridae en *D. laeve*, aportando evidencia sobre la interacción histórica entre virus de ADN y moluscos terrestres, un linaje poco explorado en el estudio de EVEs. El hallazgo amplía el conocimiento sobre la diversidad de EVEs en metazoos y sienta una base para investigar, en trabajos futuros, si estos elementos han sido cooptados en funciones genómicas del hospedero. La integración de aprendizaje automático con genómica comparativa ofrece una vía prometedora para explorar la contribución de los virus a la evolución del genoma.

Sesión 3: Acaimo González-Reyes

RNA and stem cells come together: on splicing and translational repression

**Ponente Internacional
13:20 - 13:50**

González-Reyes A 1

¹ Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD)

Stem cell exhaustion is a hallmark of ageing, yet how age-associated changes in stem cell niches impair their ability to sustain tissue regeneration is not fully understood. The *Drosophila* ovarian niche provides a powerful model to investigate how ageing reshapes the molecular landscape of a stem cell niche. We have shown that niche ageing is accompanied by extensive, cell type-specific changes in gene expression and alternative splicing, highlighting post-transcriptional regulation as a key component of niche decline. Different populations of niche support cells undergo distinct molecular ageing trajectories, suggesting that niche dysfunction arises through cell type-specific mechanisms. In addition, we identified the splicing regulator Smu1 as essential for niche function and germline stem cell maintenance, acting through alternative splicing and localization of the cell-adhesion molecule Fasciclin 2 (Fas2). I will also present the unexpected role of the translational repressor Bruno 1 (Bru1) as a key regulator of the mitosis-to-meiosis transition in female gametogenesis. Loss of Bru1 causes accelerated mitoses, DNA damage, cellular stress and apoptosis. Together, our findings establish post-transcriptional regulation as an important driver of tissue ageing and germline homeostasis, linking age-associated changes in RNA processing and translation to altered cell function, niche integrity and stem cell maintenance.



Día 2, 17:30 – 19:10 CST

Sesión 4: Elías Barriga

EMBO Young Investigator Lecture: The Forces That Shape Us

Barriga EH 1

¹ *Physics of Life, TU Dresden*

In this talk, I will discuss how interactions between tissues generate physical scenarios that are sensed, internalized, and translated by molecular machineries to coordinate collective cell behavior. Using collective cell migration in vivo as a framework, I will show how tissue-scale mechanics and bioelectric fields emerge during development, and how cells convert these cues into polarity, migration, and self-organization. Based on the data presented, I hope to stimulate discussion on the idea that robust morphogenesis emerges from feedback between physical tissue states and the molecular programs that fuel, interpret, and translate them into collective cell behaviors.

**Ponente Internacional
17:30 - 18:00**

Sesión 4: Luis Eduardo Sánchez Cisneros

Interdependencia entre el desarrollo del sistema respiratorio y la epidermis de *Drosophila*

Sánchez-Cisneros LE 1, Merchant-Larios H 1, Ríos-Barrera LD 1

¹ *Departamento de Biología Celular y Fisiología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM.*

En el desarrollo, interacciones entre tejidos permiten formar estructuras funcionales. Durante la embriogénesis de *Drosophila*, dos costados de epidermis se estiran hacia la región dorsal para recubrir todo el embrión. En paralelo, los tubos principales del sistema respiratorio (troncos dorsales) se desplazan en el mismo sentido. Recientemente, identificamos un subgrupo de células de los troncos (denominadas células protruyentes) que extienden filopodios hacia la matriz extracelular de la epidermis, mediando la formación coordinada de ambos tejidos. Utilizando herramientas genéticas combinadas con microscopía confocal, en este trabajo caracterizamos molecularmente a las células protruyentes y describimos cómo su interacción con la epidermis previene malformaciones en los troncos. Encontramos que las células protruyentes poseen altos niveles de reguladores de actina, e identificamos que expresan al factor de transcripción *Dysfusion*, ausente en células vecinas. Utilizando la secuencia regulatoria de este gen, inhibimos la función de los reguladores de actina en células protruyentes, y encontramos que esto lleva a la formación de ondulaciones atípicas en los troncos traqueales. Debido a que estas ondulaciones apuntan hacia las ramas dorsales que emergen de los troncos, analizamos cómo afecta al desarrollo de los troncos el inhibir la formación de dichas ramas. Para esto, sobreexpresamos a *Dad*, una SMAD-I que afecta la diferenciación de las ramas dorsales. Esta inhibición rescató el fenotipo ondulado en aquellos embriones donde también debilitamos las interacciones entre las células protruyentes y la matriz extracelular, sugiriendo que las células protruyentes previenen el deformamiento de los troncos resultado del crecimiento de las ramas dorsales. En conjunto, nuestros resultados describen un nuevo mecanismo de morfogénesis, con células especializadas que median la interacción entre distintos tejidos para transmitir fuerzas y coordinar su desarrollo.

**Trabajo Libre
18:00 - 18:20**

Sesión 4: Fulgencio Alatorre Cobos

Análisis de la ontogenia y el desarrollo de hojas compuestas disectadas en angiospermas: el caso de palma jipi, una pseudopalma del Neotrópico

Alatorre Cobos F 1

¹ *Secihiti-Unidad de Biología Integrativa, Centro de Investigación Científica de Yucatán*

En plantas, el estudio del desarrollo de hojas se ha centrado principalmente en especies con hojas sencillas o lineales, habiendo aún muchas interrogantes sobre cómo se forman aquellas con morfología compleja. En esta charla, compartiremos nuestros avances empleando histología, super-resolución de imágenes y transcriptómica espacial para entender el origen y desarrollo de la hoja en palma jipi (*Carludovica* spp.), una monocotiledónea tropical, con grandes hojas palmeadas disectadas, usadas para elaborar los famosos sombreros de Panamá.

**Ponente Nacional
18:20 - 18:50**



Sesión 4: Arianne M. Cristino-Miranda

El complejo DRM/DREAM regula antagónicamente la fertilidad, la apoptosis y la formación de gránulos de estrés en la línea germinal de *C. elegans*

**Trabajo Libre
18:50 - 19:10**

Cristino-Miranda AM 1, Navarro RE 1

¹Departamento de Biología Celular y Desarrollo, Instituto de Fisiología Celular de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). México.

Las células germinales heredan la información genética y el citoplasma a la siguiente generación. Durante la ovogénesis en *Caenorhabditis elegans*, cerca del 50 % de las células germinales son eliminadas por apoptosis, un proceso cuya regulación aún no se comprende por completo. En nuestro laboratorio demostramos que la apoptosis aumenta en respuesta al estrés. El complejo DRM (DREAM en mamíferos), un regulador transcripcional implicado en el ciclo celular y la diferenciación, podría participar en este proceso por lo que el objetivo de este trabajo es determinar su función en la fertilidad tanto en condiciones control como de choque térmico. Para ello, silenciábamos individualmente los genes que codifican los componentes de DRM y evaluamos, mediante microscopía, la apoptosis y la formación de gránulos de estrés (condensados de RNA y proteínas que se forman en respuesta a condiciones adversas para proteger a las células). En condiciones control, el silenciamiento de algunos componentes de DRM redujo la fertilidad y aumentó letalidad embrionaria. Además, *dpl-1*(RNAi) disminuyó la apoptosis mientras que *lin-54*(RNAi) la incrementó, lo que sugiere funciones específicas y antagónicas entre subunidades del complejo. El choque térmico (31°C, 3 h) redujo la fertilidad, efecto que se acentuó con *lin-9*(RNAi). Aunque el choque térmico incrementa marcadamente la apoptosis en los controles, esta respuesta disminuyó tras el silenciamiento de DRM, especialmente *lin-9*, lo que sugiere un papel clave de LIN-9 en la respuesta de las células germinales al estrés. Así mismo, DRM reguló de manera diferencial la formación de gránulos de estrés. El silenciamiento de las subunidades EFL-2, LIN-9, LIN-37, LIN-52 y LIN-54 disminuyeron la formación de gránulos de estrés mientras que el de DPL-1 la mejoró. En conjunto, estos resultados sugieren a DRM como un regulador central de la fertilidad y la respuesta al choque térmico, cuyas subunidades desempeñan funciones específicas dependientes del contexto celular.



Viernes 04 Septiembre — Pláticas

Día 3, 9:00 – 14:00 CST

Sesión 5: Marycruz Flores Flores

Functional redundancy of tbx4 and tbx5 genes in zebrafish cardiopharyngeal and lateral plate mesoderm development

Flores Flores M¹ Lalonde, R. Petree, Cassidy. Varshney, Gaurav K. Burger, Alexa and Mosimann, Christian.

¹ *School of Medicine, University of Colorado*

TBX4 and TBX5 are paralogous genes arising from the duplication of an ancestral TBX4/5 gene and are conserved across vertebrates. Classically, TBX5 is described as expressed in the anterior lateral plate mesoderm (LPM), while TBX4 is expressed in the pelvic fin/hind limb region. Changes in TBX4 lead to human congenital anomalies, particularly affecting the cardiopulmonary system and extremities, which feature several cell types of LPM origin. While zebrafish do not develop a lung, tbx4-mutant zebrafish fail to develop pelvic fins as orthologs to tetrapod hindlimbs, highlighting the deep evolutionary conservation of TBX4 function. With their shared ancestry, Tbx4 and Tbx5 are hypothesized to potentially compensate for each other during development, potentially obscuring the developmental contribution of Tbx4 to cardiac, pharyngeal, and endothelial cell types. We generated novel zebrafish alleles in tbx4, tbx5a, and tbx5b for the first compound mutant analysis of these T-box transcription factor genes. We apply transgenic zebrafish readouts with live imaging, functional cardiac analyses, and transcriptomics to decode the cumulative effect of tbx4/5 dosage on LPM lineages and beyond. While tbx5a loss causes well-described cardiac elongation defects and double tbx5a;tbx5b mutants exhibit augmented phenotypes, triple-mutant tbx4;tbx5a;tbx5b zebrafish show severe heart chamber anomalies with pronounced atrial defects. Although general chamber identity markers remain unaltered, our transcriptomics analyses reveal several key cardiac regulators are impacted in compound mutant conditions. Beyond mechanistic studies, we are applying safe harbor-based transgenes to functionally test disease-associated variants of human TBX4 in zebrafish for rescue assays with our phenotypes. Our mutant series reveals that zebrafish tbx4 and tbx5 compensate for each other's function during early cardiac and cardiopharyngeal development. Our work mechanistically expands our concepts of Tbx4 and Tbx5 function in conserved LPM lineages offers a platform for testing human TBX4 gene variants in vivo.

Ponente Internacional
9:00 - 9:30

Sesión 5: Sergio Esteban Campos Rodríguez

Biología comparativa del género Hydra para investigar los mecanismos de la longevidad

Campos Rodríguez SE 1

¹ *Centro de Investigación sobre el Envejecimiento, Sede Sur, CINVESTAV*

El aumento de la fragilidad asociado al envejecimiento se atribuye en parte a la disminución de la capacidad regenerativa de los tejidos y órganos. En este sentido, los animales con alta capacidad regenerativa tienden a mostrar un envejecimiento mínimo. El cnidario Hydra vulgaris es capaz de regenerar todo el cuerpo y parece no presentar signos de envejecimiento. Curiosamente, una especie estrechamente relacionada, Hydra oligactis, presenta un fenotipo asociado al envejecimiento en respuesta a la diferenciación sexual. En nuestro laboratorio estamos usando a estas dos especies de Hydra como sistema para abordar el estudio de la longevidad desde una aproximación de biología comparativa. Para ello, estamos caracterizando los signos característicos del envejecimiento en H. oligactis a nivel molecular. Por otro lado, estamos usando estrategias de genómica comparativa para esclarecer la evolución de los genes con un rol en estos signos característicos del envejecimiento a lo largo del árbol de Metazoarios desde una perspectiva del género Hydra, con el fin de entender cómo la longevidad ha sido moldeada a través de la evolución. Más aún, estamos tratando de describir la asociación que existe entre regeneración y envejecimiento usando estas mismas especies de Hydra.

Ponente Nacional
9:30 - 10:00



Sesión 5: Katarzyna Oktaba Sosin

Dissecting the regulatory landscape of the dachsous gene during *Drosophila* development

Oktaba K 1

¹ CINVESTAV Unidad Irapuato

The atypical cadherin Dachsous (Ds) regulates planar cell polarity (PCP) and organ growth, but its transcriptional control is poorly understood. We identified seven enhancers near the ds promoter that drive expression in ectoderm-derived tissues. While in vivo assays show these enhancers act redundantly during early embryogenesis, CRISPR/Cas9 deletion of a single enhancer produces distinct wing phenotypes in adult flies. These findings offer new insights into the transcriptional regulation underlying *Drosophila* development.

Ponente Nacional

10:00 - 10:30

Sesión 5: Margarita Belem Santana Bejarano

La reducción de la señalización de la pleiotrofina y sus receptores en la corteza cerebelosa no neoplásica evidencia la recapitulación de programas del desarrollo fetal en el meduloblastoma humano

Santana-Bejarano MB 1, Puebla-Mora AG 1, Ortuño-Sahagún D 2, Godínez-Rubí M 1

¹Laboratorio de Patología Diagnóstica e Inmunohistoquímica, Centro de Investigación y Diagnóstico en Patología, Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud (CUCS), Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, México.

²Laboratorio de Neuroinmunobiología Molecular, Instituto de Neurociencias Traslacionales, Centro Universitario de Ciencias de la Salud (CUCS), Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340, Jalisco, México.

El meduloblastoma (MB) es la neoplasia embrionaria maligna más frecuente del sistema nervioso central en la infancia y se origina principalmente en el cerebelo. En el subgrupo MB-WNT, ALK se asocia con mayor supervivencia (1,2). ALK se activa tras la inhibición de RPTPZ1 por PTN (3). PTN, altamente expresada durante el desarrollo, también interactúa con NRP-1, receptor relacionado con angiogénesis (4). Aunque estas proteínas han sido descritas en el desarrollo y en neoplasias, se desconoce si sus patrones de expresión se conservan entre los distintos contextos biológicos del cerebelo humano. Objetivo: Comparar la expresión de PTN, RPTPZ1, NRP-1 y ALK en el MB humano, corteza cerebelosa fetal humana y no neoplásica. Materiales y métodos: Estudio transversal y analítico. Se analizaron muestras del Centro Médico Nacional de Occidente mediante inmunohistoquímica y cuantificación digital con QuPath®. Se aplicaron las pruebas de Shapiro-Wilk, Kruskal-Wallis y post hoc de Dunn (RStudio v4.1.2). Resultados: Se incluyeron cuatro casos de MB, cuatro muestras de corteza cerebelosa no neoplásica adyacente al tumor, cinco cerebelos fetales y un caso neonatal. PTN mostró mayor expresión en corteza fetal y MB humano que en corteza no neoplásica ($p=0.007$; Dunn, $p=0.01$). RPTPZ1 fue más abundante en corteza fetal ($p=0.0009$; Dunn, $p=0.02$), con expresión similar en MB y corteza no neoplásica. NRP-1 presentó alta expresión en corteza fetal y no neoplásica, y menor en MB, sin diferencias significativas. ALK mostró mayor expresión en MB y ausencia en corteza no neoplásica, sin significancia estadística. Conclusiones: PTN y ALK parecen participar en programas del desarrollo cerebeloso que normalmente se silencian tras la maduración y cuya persistencia podría contribuir al MB en humano. La menor expresión de NRP-1 en MB sugiere un papel en la homeostasis cerebelosa, mientras que la expresión similar de RPTPZ1 entre MB y corteza no neoplásica requiere mayor investigación.

Trabajo Libre

10:30 - 10:50



Sesión 5: Rodrigo Cuervo González

División, simetría y reconstrucción morfogenética en Placozoa

Cuervo González R 1

¹Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Veracruzana, Carretera Tuxpan-Tampico, km 7.5, Tuxpan, Veracruz, 92850, México.

Los placozoos presentan una organización corporal aparentemente simple y una extraordinaria plasticidad morfogenética, cuya relación con su reproducción asexual y su capacidad de reconstrucción ha sido poco explorada. En *Trichoplax*, la forma corporal cambia continuamente y carece de referencias anatómicas evidentes, por lo que tradicionalmente se ha considerado un organismo asimétrico. Sin embargo, el seguimiento de la división binaria mediante marcaje epitelial reveló que cada división establece un eje longitudinal transitorio y que la división siguiente ocurre perpendicularmente a éste, mientras que el epitelio central se segrega de manera conservativa para generar dos nuevos centros. Estos resultados indican una organización corporal más ordenada y compatible con una simetría cilíndrica. Esta organización también permite comprender la respuesta de los placozoos a la fragmentación. Fragmentos radiales y tangenciales que conservan epitelio periférico cierran rápidamente sus heridas y reorganizan sus tejidos hasta reconstruir un nuevo organismo. La cicatrización depende de movimientos epiteliales coordinados y de la plasticidad tisular, pero no de un incremento localizado de la proliferación celular ni de un proceso regenerativo clásico. La eliminación del epitelio periférico compromete la reconstrucción, mientras que el tejido central aislado no logra reorganizarse y degenera. Proponemos que la división binaria y la reconstrucción tras la fragmentación representan expresiones relacionadas de una misma propiedad fundamental: la capacidad de un organismo con simetría radial o cilíndrica para reorganizar dinámicamente sus tejidos y restablecer su Bauplan. La reconstrucción no debe considerarse verdadera regeneración, sino una forma de “curación morfogenética” basada en la plasticidad epitelial.

Trabajo Libre
10:50 - 11:10

Sesión 5: Hilda Lomelí

El papel del metabolismo de treonina en el desarrollo temprano del pez cebra

Lomelí H 1

¹ Instituto de Biotecnología, UNAM

Las células pluripotentes presentan un perfil metabólico distinto al de las células diferenciadas. Hace algunos años se demostró que el catabolismo de la treonina mediado por la treonina deshidrogenasa (Tdh) es indispensable para mantener el estado pluripotente de las células madre embrionarias de ratón y para el desarrollo de los embriones preimplantación. El catabolismo de treonina por la Tdh genera glicina, que alimenta los ciclos del folato y de la metionina. Estos dos ciclos, en conjunto se conocen como metabolismo-de-un-carbono (Met-1C). Por otra parte, en humanos no existe una TDH activa, por lo que las células pluripotentes dependen de otras enzimas del Met-1C. Para explorar la prevalencia del catabolismo de la treonina en otras especies animales, analizamos su relevancia durante el desarrollo temprano del pez cebra. Para ello, utilizamos un inhibidor de la Tdh1 y generamos una mutante de pérdida de función. Encontramos que la inhibición de Tdh1 produce fenotipos severos, tanto antes de la activación de la transcripción cigótica como durante la epibolia, lo que provoca la detención del desarrollo y la aparición de graves defectos morfológicos a las 24 horas. Estos fenotipos se acompañan de cambios en la expresión de genes característicos de la activación cigótica y de alteraciones en la metilación de histonas. Los defectos observados fueron completamente rescatados mediante la suplementación con treonina y con otros metabolitos del Met-1C. Los peces homocigotos mutantes para *tdh1* no presentan un fenotipo visible durante las etapas tempranas del desarrollo; sin embargo, no alcanzan la etapa adulta, lo que impide obtener embriones mutantes con pérdida de la contribución materna de Tdh1. Además, los embriones mutantes presentan un aumento en la expresión de otras enzimas del Met-1C. Estos resultados sugieren que la actividad materna de Tdh1, junto con mecanismos compensatorios que involucran otras enzimas del Met-1C, permiten mantener el desarrollo temprano en ausencia de la función cigótica de *tdh1*. Actualmente, estamos explorando el fenotipo de dobles mutantes de Tdh1 y Shmt2; otra enzima del Met-1C.

Ponente Nacional
11:10 - 11:40



Sesión 6: María Dolores Martín Bermudo

EMBO Keynote Lecture: When Cells Feel the Matrix: Shaping Tissues and Maintaining Homeostasis

Martin Bermudo MD 1

¹*Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD)*

Epithelial tissues undergo continuous remodeling while preserving their architecture, function, and integrity. Understanding how epithelia achieve this balance requires elucidating how cells interact with their extracellular matrix (ECM), including both the basement membrane (BM) and the interstitial matrix (IM). In this talk, I will discuss our efforts to understand the roles and mechanisms by which cell–ECM interactions regulate epithelial morphogenesis and homeostasis, using *Drosophila* as a model system. Our previous work established that cell–ECM interactions regulate multiple processes essential for epithelial development and maintenance, including cell proliferation, migration, differentiation, and survival. Building on these findings, I will present two ongoing projects that use distinct *Drosophila* monolayered epithelia to investigate how cell–ECM interactions preserve epithelial organization and influence tissue transformation. Using the *Drosophila* follicular epithelium, we find that cell–BM interactions and BM mechanics contribute to the maintenance of epithelial architecture by regulating the orientation of cell division, the time required for cells to reintegrate into the epithelium following abnormal division, and cortical tension. Furthermore, we find that detachment from the BM does not result in an immediate collapse of epithelial organization, but rather triggers a series of discrete intermediate stages of tissue disorganization. These findings reveal a stepwise process of epithelial breakdown that may provide insights into how loss of cell–ECM interactions contributes to epithelial disorganization in pathological contexts, including cancer. In a second project, using the *Drosophila* wing primordium epithelium, we investigate how cell–ECM interactions influence epithelial transformation. We find that the ECM regulates the oncogenic potential of Ras-mediated tumorigenesis by modulating tumor cell growth and interactions with signaling cues from the surrounding microenvironment. Together, these studies highlight the ECM as an active regulator of epithelial behavior, and reveal how mechanical and signaling interactions between cells and their surrounding matrix contribute to epithelial morphogenesis, homeostasis and transformation.

Conferencia Magistral
12:10 - 13:10

Sesión 6: Isaac Skromne

Induction, maintenance, and execution of zebrafish spinal cord specification and patterning programs

Ponente Internacional
13:10 - 13:40

Pendiente



Sesión 6: Pilar Sarah Acevo Rodríguez

La autofagia y la MMP2 en la morfogénesis del tubo neural

Acevo-Rodríguez PS 1, Escalante-Alcalde D 1, Cabrera-Benítez S 2, Castro-Obregón S 1

¹Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México ² Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México.

En vertebrados, el desarrollo del sistema nervioso central comienza con la neurulación, un proceso en el que el neuroepitelio se engrosa, flexiona y fusiona, formando el tubo neural, el primordio del sistema nervioso central. Se ha reportado que la insuficiencia de la autofagia en embriones de ratón provoca defectos en el cierre del tubo neural (Fimia et al., 2007; Xu et al., 2013), sin embargo, se desconocen los mecanismos con los que la autofagia contribuye a la neurulación, y esto se convirtió en nuestro punto de partida. Durante la neurulación, en embriones de ratón hallamos vesículas asociadas a la vía autofágica en el neuroepitelio, que no se distribuyen de manera uniforme. Por otro lado, la administración de un inhibidor de metaloproteinasas de matriz (MMPs) de amplio espectro a ratones durante la gestación provoca exencefalia y problemas de neurodesarrollo en las etapas postnatales (Bade et al., 2021). Con esta evidencia, nos preguntamos si la autofagia podría contribuir al desarrollo del tubo neural regulando la activación y/o secreción de MMPs. Primero localizamos a la MMP2 en el neuroepitelio, y observamos que la presencia de esta proteína no se restringe a la porción basal. Además, la señal observada se correspondió con un patrón similar de actividad gelatinasa, sugiriendo que la MMP2 está activa durante la morfogénesis del tubo neural. Para establecer si la autofagia influye en la actividad de MMP2, empleamos un modelo deficiente en autofagia: ratones carentes de la proteasa ATG4B (Mariño et al., 2010), proteína clave en los pasos iniciales de la vía autofágica. En los embriones nulos para Atg4b, encontramos una acumulación de actividad gelatinasa en el neuroepitelio, lo que sugiere que la autofagia podría estar regulando a la MMP2 en la morfogénesis del tubo neural. Se discutirán posibles mecanismos.

Trabajo Libre
13:40 - 14:00

Día 3, 17:30 – 18:50 CST

Sesión 7: Bénédicte Desvoves

A matter of time: how cell cycle dynamics shape root development

Desvoves B 1

¹ Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM)

Organogenesis requires a tight coordination between cell proliferation and cell differentiation. Although the genetic networks controlling root development and tissue specification are well described, how they are integrated with cell cycle progression remains unclear. In this talk, I will discuss how cell cycle dynamics are spatially organized in the root meristem, revealing a positional gradient of cell cycle duration. I will also address how developmental regulators contribute to shaping this gradient, linking stem cell maintenance with cell cycle progression. These findings provide a new framework for understanding how growth and patterning are coordinated during root development.

Ponente Internacional
17:30 - 18:00



Sesión 7: Juan Tena

Hematopoyesis primitiva en el cerebro adulto del killifish

Tena J 1

¹ Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD)

Aunque el envejecimiento es un proceso sistémico que afecta a todo el organismo, el cerebro constituye uno de los órganos más vulnerables y está sujeto a numerosas enfermedades neurodegenerativas. En este estudio, analizamos los tipos celulares y los genes particularmente susceptibles al proceso de envejecimiento. Para ello, realizamos una serie de experimentos de RNA-seq de célula única a lo largo del tiempo en el cerebro del killifish, un modelo vertebrado con una esperanza de vida muy corta, lo que lo posiciona como un modelo idóneo para el estudio del envejecimiento. Nuestro análisis revela que las células progenitoras no gliales se encuentran entre las poblaciones que experimentan cambios más significativos entre los individuos jóvenes y los de edad avanzada. Además, identificamos clústeres estromales especializados que parecen sustentar un programa hematopoyético primitivo en el cerebro, el cual, en otras especies vertebradas, se encuentra activo únicamente durante las etapas embrionarias. Los resultados obtenidos sugieren que el mantenimiento de programas genéticos embrionarios es una característica general del cerebro adulto del killifish. Es probable que dichos programas contribuyan a sostener las elevadas tasas de proliferación y metabolismo propias de esta especie, así como a contrarrestar el daño celular acumulado durante las etapas avanzadas de la vida.

Ponente Internacional
18:00 - 18:30

Sesión 7: Sergio Francisco Cornelio Martínez

Regeneración del sistema nervioso central del gasterópodo *Deroceras laeve*

Cornelio-Martínez S 1, Trujillo-Barrientos J 1, Lozano-Flores C 1, Martínez-Cabrera G 1, Pimentel-Domínguez R 2, Ávila R 2, Varela-Echavarría A 1

¹ Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). ² Centro de Física Aplicada y Tecnología Avanzada, UNAM.

Los moluscos tienen una alta capacidad de regenerar diversos órganos y tejidos, incluyendo el Sistema Nervioso Central. Este proceso ha sido estudiado a nivel morfológico pero los mecanismos celulares y moleculares involucrados no han sido descritos. En el presente trabajo se analizó la regeneración del ganglio cerebral derecho de la babosa *Deroceras laeve* después de inducir una lesión. Los ganglios cerebrales están conformados por una corteza rica en neuronas rodeada por la membrana perineural y, hacia el interior, el neuropilo, compuesto principalmente por haces axonales. En estos ganglios observamos células reactivas a anticuerpos para TH, NeuN y Sox2. La lesión del ganglio cerebral derecho ocasiona la pérdida completa del movimiento del tentáculo ocular derecho, el cual, se recupera en 15 días aproximadamente. A nivel histológico se observó que el daño celular persiste incluso siete días después de la lesión. Adicionalmente, a los 21 días post-lesión, el ganglio revela una morfología parcialmente restaurada. El análisis de los mecanismos celulares reveló la infiltración de los hemocitos al ganglio lesionado desde las 12h, los cuales se persisten hasta el día 21. A los 7 días después del daño, se observó la proliferación de los hemocitos infiltrados, los cuales se marcan con los anticuerpos neuronales TH, NeuN, ENK y Sox2, lo que sugiere su diferenciación a neuronas. A nivel molecular ocurre la activación de la vía Wnt/ β -Cat y Notch a los 7 días después de la lesión. En conjunto, nuestros hallazgos indican que *D. laeve* regenera el ganglio pedal izquierdo después de un daño, proceso en el que participan hemocitos infiltrados.

Trabajo Libre
18:30 - 18:50



Sábado 05 Septiembre — Pláticas

Día 4, 9:00 – 12:40 CST

Sesión 8: Ernesto Maldonado

Segmentando durante el desarrollo desde los tiempos de las medusas ancestrales

Maldonado E 1, Rodríguez Salazar E, Hernandez Cervantes PL, Llera Hernández R

¹ *Unidad Académica de Sistemas Arrecifales y Unidad Académica Mazatlán, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México. UNAM.*

La segmentación, entendida como la repetición seriada de tejidos y órganos a lo largo del eje anteroposterior, distingue a anélidos, artrópodos y cordados, y su origen sigue siendo uno de los problemas abiertos de la biología evolutiva del desarrollo. Proponemos que ese origen puede rastrearse hasta las medusas. Proponemos la teoría “Estrobilación a Segmentación” (EaS) que sostiene que la estrobilación polidisco de los escifozoos fue cooptada para dar lugar a la segmentación de los bilaterios. Durante la estrobilación, un pólipo bentónico que hasta entonces tenía un cuerpo único se divide mediante constricciones transversales sucesivas en dirección aboral, y cada porción resultante se transforma en una éfira que se desprende y nada libre. En el mar es el descenso de la temperatura lo que dispara este proceso, de modo que la producción seriada de cuerpos nace acoplada a una señal ambiental y no a un reloj interno. La semejanza con lo que ocurre en un embrión segmentado no es solo de forma. El proceso aparece en el registro fósil desde el Cámbrico temprano, de modo que la maquinaria estaba disponible pronto, y varios de los genes que operan durante la estrobilación reaparecen en las redes que controlan la segmentación (como Kruppel y engrailed). Para examinar esa conexión generamos un atlas transcriptómico de la estrobilación inducida con el indol 5MeO2MI en la medusa Aurelia sp de la cepa Xcaret obteniendo RNA de pólipo en cuatro momentos de la estrobilación y la éfira. El ensamblaje de novo rindió más de 800,000 transcritos con una completitud BUSCO de 98.6 %, y el análisis de expresión diferencial arrojó cientos de genes que aumentan o disminuyen su expresión, su análisis ha arrojado evidencia que apoya a EaS. Para comprobar esta hipótesis se proponen múltiples estrategias experimentales.

Trabajo Libre

9:00 - 9:20

Sesión 8: Erik Alejandro Ruiz Pérez

La permanencia nuclear de la proteína Yorkie durante el reclutamiento celular regula el tamaño del disco imagal alar en Drosophila melanogaster

Ruiz Pérez EA 1, Nahmad Bensusan M 1

¹ *Departamento de Fisiología, Biofísica y Neurociencias, Cinvestav Zacatenco.*

Para que exista un óptimo desarrollo de los órganos, se requieren de diversos procesos entre los que destacan la proliferación celular, para el aumento en el número de células; y la diferenciación celular, para que cada una de estas células adquiera funciones específicas. El correcto balance entre estos procesos ayuda a la formación de un organismo lo suficientemente robusto para sobrevivir a su entorno. Cuando este balance se pierde y se favorece el proceso de proliferación, el órgano crece en exceso y sus células pueden no lograr diferenciarse, mientras que, si se favorece el proceso de diferenciación, el órgano no alcanza su tamaño óptimo para su adecuada función. Estos desbalances ocurren en diversas patologías, siendo la que más destaca el cáncer, donde hay una proliferación tan excesiva que las células no logran diferenciarse. En la bolsa del disco imagal alar de D. melanogaster, la diferenciación a célula tipo ala es mediada por el gen vestigial (vg) a través de un proceso denominado reclutamiento celular. Este proceso empieza con una célula diferenciada que manda una señal a las células contiguas para diferenciarlas. Resulta sumamente intrigante que el reclutamiento celular, como un proceso de diferenciación con un impacto no proliferativo, tenga como intermediario a la proteína Yorkie, (Yki), que es la proteína efectora de la vía Hippo, implicada en proliferación celular. Con esto, surge la pregunta: ¿Cuál es el propósito de la proteína Yki como intermediario en el proceso de reclutamiento celular del disco imagal alar?

Trabajo Libre

9:20 - 9:40



Sesión 8: Patricia Aguilar Fuentes

Coexistencia de defectos graves del tubo neural y agenesia esternal: serie morfológica de tres fetos humanos

Trabajo Libre
9:40 - 10:00

Aguilar Fuentes P 1, Ramos Mier E, Gutiérrez Vela EF, Ortega Bañuelos MJ

¹ Laboratorio de Embriología, Área de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Zacatecas, Zacatecas, México.

Los defectos del tubo neural (DTN) son malformaciones congénitas originadas por alteraciones en los procesos de neurulación primaria o secundaria, con expresiones clínicas como anencefalia, espina bífida, mielomeningocele y encefalocele. Su prevalencia global se ha estimado en aproximadamente dos casos por cada 1000 nacimientos (1). Por otra parte, la agenesia esternal es una anomalía infrecuente atribuida a la falta de aproximación y fusión de las barras ester-nales mesodérmicas en la línea media ventral. Aunque la literatura disponible no establece una asociación directa entre agenesia esternal y DTN, la coexistencia de ambas anomalías podría interpretarse como una alteración convergente de procesos morfogenéticos tempranos. Estos procesos comparten una ventana crítica durante la tercera y cuarta semanas del desarrollo que dependen de la integridad del mesodermo axial y paraxial, e implican mecanismos de migración, cierre y fusión en la línea media dorsal y ventral. Asimismo, vías de señalización como SHH, BMP, FGF y Wnt participan en la organización de estructuras dorsales y ventrales, por lo que su disregulación podría contribuir a fenotipos combinados de la línea media. **Objetivo:** Describir tres casos fetales con coexistencia de defectos severos del tubo neural y agenesia esternal, y analizar su posible relación con una alteración temprana del campo morfogenético axial dorsal-ventral durante la tercera y cuarta semanas del desarrollo embrionario. **Material y métodos:** Se realizó un análisis morfológico, descriptivo de tres fetos humanos con defectos del tubo neu-ral asociados a agenesia esternal. La evaluación se centró en la identificación macroscópica de anomalías de la línea media dorsal y ventral, así como en la correlación embriológica de los hallazgos con los periodos críticos de neurulación y formación de estructuras ventrales. **Resul-tados:** En los tres fetos se observó coexistencia de defectos severos del tubo neural y agenesia esternal. La asociación de anomalías dorsales y ventrales en la línea media sugiere compromiso de procesos embrionarios tempranos relacionados con cierre neural, migración mesodérmica y fusión medial. **Conclusiones:** La coexistencia de DTN severos y agenesia esternal en estos tres casos constituye una observación morfológica poco documentada que amplía el espectro de mal-formaciones combinadas de la línea media. Estos hallazgos permiten plantear la hipótesis de un campo morfogenético dorsal-ventral compartido, en el cual la coincidencia temporal entre la neurulación y la formación de la pared ventral durante la tercera y cuarta semanas del desarrollo podría representar una ventana común de vulnerabilidad embrionaria.



Sesión 8: Karina Orozco-Natividad

Los genes VARIANT IN METHYLATION (VIM) promueven la formación de patrones embrionarios y regulan el tamaño de la semilla en Arabidopsis

**Trabajo Libre
10:00 - 10:20**

Orozco-Natividad K 1, Michaud C 2, Velázquez-Fierro D 1, Lukowitz W 3, Ingouff M 2, Gillmor S 1

¹ CINVESTAV-Unidad de Genómica Avanzada, Mexico. ² Institut de Recherche pour le Développement, Francia. ³ University of Georgia, USA.

La metilación de citosinas (mCG) es una marca epigenética conservada en plantas y animales que juega un papel importante en la regulación génica. En animales, mCG es mantenida por la metiltransferasa DNMT1, mientras que en plantas por la metiltransferasa MET1. El mantenimiento de mCG requiere adicionalmente de las proteínas UHRF1 en animales y VARIANT IN METHYLATION (VIM) en plantas. UHRF1 y VIM se unen a secuencias CG hemimetiladas y reclutan a las proteínas DNMT1 y MET1, respectivamente, hacia residuos CG no metilados después de la replicación del ADN. En *Arabidopsis thaliana*, los genes VIM1, VIM2 y VIM3 tienen papeles redundantes en el mantenimiento de mCG en centrómeros y genes, pero su función en embriogénesis y desarrollo de semillas es desconocida. En este trabajo, caracterizamos el efecto de las mutantes sencillas *vim1*, *vim2* y *vim3* y de la triple mutante *vim1/2/3* en la formación del patrón embrionario y el desarrollo de la semilla. Las mutantes sencillas *vim* presentaron efectos transitorios en las divisiones celulares del embrión, mientras que las mutantes *vim1/2/3* presentaron filas adicionales en la frontera embrión-suspensor y divisiones desorganizadas en el nivel inferior del embrión con alta penetrancia; además, marcadores de destino celular indicaron que los dominios apicales están extendidos basalmente en embriones *vim1/2/3*. Consistente con estos fenotipos, líneas reporteras transcripcionales de VIM1, VIM2 y VIM3 se expresan en el suspensor y nivel inferior del proembrión. En cruces entre mutantes *vim1/2/3* y *wt*, encontramos que *vim1/2/3* paterno generó semillas más pequeñas, mientras que *vim1/2/3* materno produjo semillas más grandes. Cruces adicionales demostraron que los efectos en el tamaño de la semilla eran gametofíticos y no esporofíticos. Estos efectos parentales son consistentes con un papel clave de los genes VIM en el mantenimiento del balance adecuado de las contribuciones de los genomas materno y paterno durante el desarrollo de la semilla.



Sesión 8: Zuly Armando Sánchez Florentino

Alteraciones en la diferenciación y funcionalidad de células precursoras neuronales olfatorias derivadas de pacientes con trastorno depresivo mayor

Trabajo Libre
10:20 - 10:40

Sánchez Florentino ZA 1,2, Moreno Jiménez CJ 2, Benítez King GA 2

¹ Departamento de Atención a la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco. ² Laboratorio de Neurofarmacología, Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente Muñiz. ³ Departamento del Hombre y su Ambiente, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco.

La neurogénesis y la diferenciación neuronal son procesos esenciales para la plasticidad cerebral y están implicados en la fisiopatología del trastorno depresivo mayor (TDM). Sin embargo, se desconoce si las células precursoras neuronales derivadas de pacientes presentan alteraciones intrínsecas que limiten su maduración. El objetivo de este estudio fue evaluar la capacidad de diferenciación y maduración funcional de células precursoras neuronales olfatorias humanas (hONPCs) derivadas de pacientes con TDM y determinar si estas alteraciones se asocian con cambios en la homeostasis del Ca^{2+} y el estrés del retículo endoplásmico (RE). Las hONPCs obtenidas de sujetos sanos y pacientes con TDM se diferenciaron durante 14 días con dibutilil AMP cíclico. La diferenciación neuronal se evaluó mediante inmunofluorescencia para tubulina III, MAP2, NeuN y la proteína marcadora olfatoria (OMP). La funcionalidad neuronal se determinó mediante imágenes de calcio en respuesta al eugenol y la homeostasis del Ca^{2+} se evaluó mediante estimulación con m-3M3FBS y tapsigargina. El estrés del RE se analizó mediante la cuantificación de proteínas residentes del RE con una secuencia C-terminal Lys-Asp-Glu-Leu (KDEL) por microscopía confocal. Tras 14 días de diferenciación, las hONPCs de sujetos sanos adquirieron un fenotipo neuronal maduro, evidenciado por el incremento en la cantidad de III-tubulina, MAP2, NeuN y OMP. En contraste, las células derivadas de pacientes con TDM mostraron una menor cantidad de estos marcadores, indicando una capacidad reducida de diferenciación neuronal. Previo a la diferenciación, ninguna de las hONPCs respondió al eugenol; sin embargo, tras la diferenciación únicamente las células de sujetos sanos adquirieron respuesta al estímulo, mientras que las derivadas de pacientes permanecieron sin respuesta, evidenciando una alteración en la adquisición de propiedades funcionales asociadas con la maduración neuronal. Adicionalmente, las hONPCs de pacientes mostraron una menor respuesta intracelular de Ca^{2+} inducida por m-3M3FBS, lo que indica una disfunción de la vía PLC/IP3/ Ca^{2+} y un incremento en la acumulación de proteínas KDEL, lo que indica la presencia de estrés del RE. Estos hallazgos demuestran que las hONPCs derivadas de pacientes con TDM presentan un defecto intrínseco en su diferenciación y maduración funcional, asociado con alteraciones en la homeostasis del Ca^{2+} y el estrés del retículo endoplásmico. Este modelo es una herramienta valiosa para investigar los mecanismos celulares que regulan la diferenciación y la maduración neuronal, así como su contribución en la fisiopatología del TDM.



Sesión 8: Murillo-Maldonado J.M.

Diferentes funciones de las proteínas del grupo Polycomb en el desarrollo del ala de *Drosophila melanogaster*

Murillo-Maldonado JM 1, Vázquez M 2, Zurita M 2, Riesgo-Escovar JR 1

¹ Laboratorio de Transducción de señales D-04, Instituto de Neurobiología, UNAM. ² Instituto de Biotecnología, UNAM.

El grupo Polycomb (PcG) es un conjunto de proteínas modificadoras de la cromatina que mantiene un estado de represión de la expresión génica sobre sus genes blanco, proceso fundamental para el correcto desarrollo de los organismos. En *Drosophila*, los dos principales complejos PcG son: PRC1 y PRC2 (Polycomb repressive complex 1 y 2). Se sabe que PRC1 media la compactación de la cromatina mientras que PRC2 cataliza la metilación del residuo de lisina 27 de la histona 3 favoreciendo la asociación de ambos complejos a la cromatina. Sin embargo, se desconoce si estos complejos y sus proteínas funcionan principalmente en conjunto o de manera más independiente en procesos específicos del desarrollo. El objetivo de este proyecto es evaluar la función específica de algunas de las proteínas componentes de los dos complejos PcG en la regulación de la expresión de genes importantes para el desarrollo del ala de *Drosophila*. Se emplearon técnicas de manipulación genética para inducir la expresión de RNAs de interferencia (RNAis) en regiones específicas del disco imagal de ala (tejido precursor del ala de la mosca adulta) así como para generar clonas con mutaciones nulas de los genes PcG. La caracterización del fenotipo se realizó principalmente mediante la inmunotinción y observación en microscopía confocal de discos imagales de ala usando anticuerpos contra proteínas claves para el desarrollo. Hemos encontrado que la desregulación de genes PcG genera una desrepresión de la expresión del gen *ultrabithorax* así como alteraciones en la expresión de genes esenciales para el desarrollo normal del ala, como *cubitus interruptus* y *engrailed*. Estos fenotipos difieren dependiendo de qué componente de los PcG es manipulado, así como de la región dentro del tejido. Con los resultados obtenidos, podemos concluir que las proteínas PcG analizadas llevan a cabo funciones diferenciales y específicas en la regulación de la expresión génica y el desarrollo normal del ala de *Drosophila melanogaster*.

Trabajo Libre
11:10 - 11:30

Sesión 8: Diana Escalante-Alcalde

Relevancia de la Regulación de Lípidos Bioactivos en el Desarrollo de la Cresta Neural

Escalante-Alcalde D 1

¹ Instituto de Fisiología Celular, UNAM

Las células de la cresta neural (CCN) son una población multipotente que genera una gran variedad de tipos celulares y estructuras en vertebrados. Por lo anterior, alteraciones en este linaje pueden originar un amplio grupo de enfermedades en el humano conocidas como neurocristopatías. La señalización de factores proteicos durante el desarrollo de las CCN se ha estudiado ampliamente, sin embargo, se ha dado poca atención a la señalización mediada por lípidos bioactivos. La fosfatasa de fosfolípidos-3 (PLPP3) es una proteína con la capacidad de regular la concentración de al menos 4 fosfolípidos bioactivos y por lo tanto sus actividades biológicas. La inactivación condicional de Plpp3 en las CCN del ratón produce letalidad neonatal acompañada de dismorfología craneofacial y alteraciones en la función cardíaca. Los neonatos mutantes presentan alteraciones en el ritmo cardíaco y defectos en la cobertura de los nervios simpáticos que inervan al corazón. Además, experimentos de scRNA-seq mostraron alteraciones en la transcripción de genes asociados a la persistencia del ducto arterioso (PDA), fenotipo que fue posteriormente confirmado. Aun desconocemos si la letalidad se debe sólo a la PDA o al efecto aditivo de la falta de innervación simpática. Las alteraciones craneofaciales están representadas por desplazamiento anterior de la posición de la sutura coronal del cráneo e hipoplasia de la región frontonasal acompañada de hipotelorismo. Estos defectos están asociados a un incremento en la muerte de las CCN que participan en la formación de dichas estructuras o a alteraciones en las interacciones con las células del mesodermo con el que colindan. Nuestros resultados resaltan la importancia que tiene la función de esta enzima en la biología de las CCN y abre un nuevo campo para estudiar defectos en el desarrollo de la cresta neural en el humano.

Ponente Nacional
11:30 - 12:00



Sesión 8: Mónica Colaiacovo

Closing Lecture: Germline maintenance and genomic integrity: insights from *C. elegans*

Ponente Internacional

12:00 - 12:40

Colaiacovo MP 1 Lascarez-Lagunas L.I. 1

¹ *Department of Genetics, Harvard Medical School, Boston, MA 02115.*

Meiosis is a specialized cell division that generates haploid gametes from diploid germ cells. Central to meiosis is the formation and repair of a subset of programmed DNA double-strand breaks (DSBs) into crossovers (COs) through homologous recombination. Crossovers result in physical attachments between homologs that ensure their accurate segregation at meiosis I, regulating the incidence of germline aneuploidy. DSB repair is essential for maintaining genomic integrity and must be tightly regulated. In *C. elegans*, as in various other species, meiotic crossovers are not randomly distributed along chromosomes. Instead, crossovers are enriched at the terminal thirds (off-center regions) of the holocentric chromosomes in this organism. Here, using an inducible Mos1-based DSB system coupled with ChIP-qPCR analysis, as well as genetic mutants for different chromatin regulators, we investigated how specific DSB sites are selected for repair resulting in crossover events. We observed transient alterations in H3K9me2 and H3K9me3 levels specifically around DSB sites following induction of a single DSB either at the center or at an off-center position on chromosomes. Abrogation of H3K9me2/3 in *met-2;set-25* mutants leads to a significant increase in both DSBs and crossover recombination events at the center third region of the chromosomes resulting in impaired late prophase I chromosome remodeling. Competition experiments, using lines carrying two Mos1-induced DSBs at different positions along the same chromosome, indicate that off-centered DSBs are preferentially selected for crossover repair. We propose that localized changes in H3K9me2/3 are part of a “measuring” mechanism assessing the position of DSBs relative to chromosome ends to ensure the selection of off-centered DSBs for repair as crossover events, thereby promoting normal chromosome remodeling and accurate meiotic chromosome segregation in *C. elegans*.

Pósters

A continuación se presentan los
resúmenes de los trabajos en modalidad
póster en orden alfabético



Jueves 03 Septiembre — Sesión de Pósters I

Día 2, 15:30 – 17:30 CST

Favor de consultar su participación en la siguiente liga: <https://smbd.mx/wp-content/uploads/2026/08/programa-posters-smbd.pdf>

Viernes 04 Septiembre — Sesión de Pósters II

Día 3, 15:30 – 17:30 CST

Favor de consultar su participación en la siguiente liga: <https://smbd.mx/wp-content/uploads/2026/08/programa-posters-smbd.pdf>



BABYBOOM as a direct target of RKD transcription factors

Aguirre Falcón FJ

The plant life cycle alternates between haploid gametophytic and diploid sporophytic generations. In flowering plants such as *Arabidopsis*, the maternal gametophyte produces the egg and central cell, and is surrounded by maternal sporophytic (ovule) tissue. Fertilization of the egg cell produces the zygote, and fertilization of the central cell produces the endosperm. The embryo and endosperm develop inside the seed coat, which is derived from the ovule. The seed germinates to produce the seedling, juvenile and adult plant, making the diploid sporophyte the dominant phase of the flowering plant life cycle. By contrast, the gametophyte is the dominant phase in lower plants such as the bryophyte liverwort *Marchantia polymorpha*. Male and female gametophytes can reproduce asexually, and can also differentiate to form archegonia and antheridia, which produce eggs and sperm, respectively. Fertilization in *Marchantia* results in a short-lived sporophyte which undergoes only a few rounds of cell division before undergoing meiosis and producing male and female haploid spores. Female gametophyte differentiation and embryo development are highly controlled and specific processes, which remain to be fully understood in *Arabidopsis*. One of the most important pathways in zygote elongation is the MAP kinase kinase kinase YODA signaling cascade and the WOX transcription factors, which are associated with establishing apical and basal cell identity. The transcription factor GROUNDED/RKD4, a member of the RWP-RK domain family, has been identified as participating in the YDA signaling cascade but is not directly regulated by phosphorylation. Through an unknown mechanism, WOX proteins act in conjunction with GRD to establish embryo polarity (Jeong et al., 2011). When ectopically expressed, RKD1 and RKD2 can activate egg cell-specific differentiation and developmental programs (Köszegi et al., 2011). RKD5, another member of the RWP-RK family, negatively regulates BBM expression in the egg, inhibiting parthenogenesis (Liu et al., 2024). Like RKD5, MINUS DOMINANCE (MID) in *Chlamydomonas reinhardtii* has been shown to have a role in gametogenesis. MID, a RWP-RK protein phylogenetically close to GRD, is required for minus gamete formation and is capable of forming a heterodimer with KNOX/BELL-type transcription factors to initiate gene expression during embryonic development. In *Marchantia polymorpha*, the single MpRKD gene is required for egg cell differentiation and the control of the gametophyte-to-sporophyte transition (Koi et al., 2016). Taken together, the previously described roles of RWP-RK domain proteins and the expression of various *Arabidopsis* RKD genes in the egg cell, zygote and early embryo, suggest roles in gametes and early embryos, but their functions are not yet fully described.



ViromaLab: descubrimiento de elementos virales endógenos de *Adintoviridae* en el genoma de *Deroceras laeve* y su relevancia para la evolución genómica

Alcantar Aguirre FC¹, Varela-Echavarría A¹, Aviña-Padilla K²

¹Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México, Campus Juriquilla, Querétaro, México. ²BioCódigo SAS, Querétaro / Culiacán, México.

Los elementos virales endógenos (EVEs) son secuencias derivadas de virus ancestrales integradas de forma estable en los genomas. Más allá de representar vestigios de infecciones pasadas, pueden contribuir a la innovación genética y a la evolución de redes regulatorias en metazoos, aunque su identificación sigue siendo un reto por su elevada divergencia, que limita los enfoques basados en similitud de secuencia. Presentamos el análisis del genoma de la babosa terrestre *Deroceras laeve*, recolectada en Querétaro, México, en colaboración con la UNAM, mediante ViromaLab, una plataforma desarrollada por BioCódigo que integra modelos de aprendizaje profundo con ensamblaje, anotación funcional y clasificación taxonómica automatizada para detectar elementos virales altamente divergentes. ViromaLab identificó 29 EVEs distribuidos en 19 cromosomas, todos clasificados de manera consistente dentro de la familia *Adintoviridae*. Las 29 copias conservaron simultáneamente los marcadores diagnósticos endopeptidasa de adenovirus (PF00770) y ATPasa A32 (PF04665), presentes en el 100 % de los elementos, con concordancia taxonómica hacia *Adintoviridae* (confianza promedio » 0.79). Estos resultados revelan una expansión previamente no descrita de elementos relacionados con *Adintoviridae* en *D. laeve*, aportando evidencia sobre la interacción histórica entre virus de ADN y moluscos terrestres, un linaje poco explorado en el estudio de EVEs. El hallazgo amplía el conocimiento sobre la diversidad de EVEs en metazoos y sienta una base para investigar, en trabajos futuros, si estos elementos han sido cooptados en funciones genómicas del hospedero. La integración de aprendizaje automático con genómica comparativa ofrece una vía prometedora para explorar la contribución de los virus a la evolución del genoma.



El papel de la vía de respuesta al estrés del retículo endoplasmático en el desarrollo de *Drosophila melanogaster*

Almaraz García E, Ríos Barrera LD

Departamento de Biología Celular y Fisiología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

La Respuesta a Proteínas Desplegadas (UPR, en inglés) es una vía de respuesta a la acumulación de proteínas mal plegadas en el retículo endoplasmático (RE). A pesar de que su activación se asocia a situaciones de estrés, se han descrito procesos fisiológicos que requieren de su participación. Estudios previos del laboratorio sugieren que la UPR se activa durante el desarrollo del sistema traqueal (ST) en embriones de *Drosophila melanogaster*, y que mutaciones en Ire1, componente central de la UPR, resultan en letalidad embrionaria y defectos en la epidermis. Estos datos nos plantean como objetivo profundizar en el papel de la UPR durante el desarrollo embrionario. Para caracterizar el perfil de activación de la vía y su contribución al desarrollo embrionario se utilizaron líneas transgénicas que nos permitieron: 1) Observar mediante microscopía confocal la activación de la UPR en los tejidos de interés mediante un sensor basado en GFP y 2) Estudiar mediante inmunofluorescencia y microscopía confocal los defectos en el RE de embriones mutantes para Ire1. Los resultados obtenidos indican la activación de la UPR a lo largo del ST durante el desarrollo embrionario y larvario. En embriones mutantes observamos un incremento de señal proveniente de Calnexina, una proteína chaperona del RE, en el tronco dorsal de embriones mutantes en comparación con los silvestres. Aunado a esto, los embriones mutantes mostraron malformaciones en la epidermis y el ST. En conjunto, nuestros resultados muestran que la UPR acelera el tráfico vesicular no sólo en condiciones patológicas, sino también en la formación fisiológica de tejidos.



Estudio de la función del co-regulador transcripcional Zmiz1 en el desarrollo de las células β del páncreas en pez cebra

Angeles Salazar JD, Lomeli Buyoli MH, Bastidas Ponce A, Socorro Angeles L

Instituto de Biotecnología.

La diabetes es una enfermedad que se caracteriza por la incapacidad del cuerpo de regular la concentración de glucosa en sangre en donde el principal órgano afectado es el páncreas. En humano se ha encontrado que la sobreexpresión del co-regulador ZMIZ1 está asociada a la diabetes tipo 2, mientras que en ratón la ausencia de este co-regulador tiene un efecto en el funcionamiento de las células β que son las células pancreáticas que se encargan de la liberación de insulina. Además de que se ha reportado que ZMIZ1 tiene un rol en la maduración de las mismas en ratones adultos. ZMIZ1 es un co-regulador que se caracteriza por participar varios procesos entre los cuales están: su participación en el desarrollo de las células T por medio de su interacción con proteínas NOTCH1, la interacción con el receptor de andrógeno (RA), SMAD3/4 y P53, además de tener una actividad de SUMO E3 ligasa. Sin embargo, aún se desconoce si ZMIZ1 participa durante el desarrollo de las células β . Dada la complejidad que implica el estudiar el desarrollo embrionario de las células β en mamífero, recientemente se ha considerado utilizar el modelo de pez cebra, debido a sus cualidades para estudiar el desarrollo embrionario *in vivo* de manera no invasiva, su capacidad regenerativa del páncreas y su fácil manipulación, así como los mecanismos conservados presentes en dicho modelo. Por lo que en el presente trabajo se propone estudiar el efecto que tiene la pérdida y ganancia de función de Zmiz1 durante el desarrollo de las células β tanto en condiciones naturales como durante un proceso regenerativo. Para la pérdida contamos con un pez mutante de *zmiz1* y para la ganancia, se llevan a cabo inyecciones del transcrito en huevos recién fertilizados. Utilizando estos modelos, se contempla observar el desarrollo de los islotes y analizar la funcionalidad de las células β midiendo los niveles de glucosa en larvas y variaciones de la expresión genética.



Obtención de un marcador molecular para la identidad meristemática en inflorescencias de *Zea mays* y *Hordeum vulgare*

Angeles-Torres KY¹, Demesa-Arévalo E¹, Abraham-Juarez MJ^{2,3}

¹Laboratorio del desarrollo y genética comparativa de cereales, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV), Irapuato, Guanajuato., México. ²Laboratorio de Biología del Desarrollo, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV), Irapuato, Guanajuato., México. ³Sainsbury Laboratory, University of Cambridge, Cambridge, England

La arquitectura de la inflorescencia en los cereales constituyó un determinante en el rendimiento de los cultivos globales. Dentro del programa del desarrollo en plantas, para mantener la identidad celular meristemática se requiere de la actividad de factores de transcripción homeobox (KNOX) de clase I: como KNOTTED1-(KN1) en maíz. Sin embargo, conocer la dinámica funcional y la información posicional precisa de KN1 en las diversas especies de gramíneas se ha visto limitado por la falta de herramientas moleculares. Para poder superar este problema, se plantea el desarrollo de un sistema de marcadores moleculares para la identidad meristemática en las inflorescencias de maíz y cebada. Se pretende generar un anticuerpo monoclonal contra KN1 que funja como marcador de la identidad meristemática en especies de gramíneas; al estar altamente conservado KN1 entre especies de gramíneas, se postula la idea de que este marcador pueda ser funcional para la detección de KN1 en cereales como maíz (*Zea mays*), cebada (*Hordeum vulgare*) y otros. Al tratarse de un anticuerpo monoclonal podría ser altamente específico. Un *screening* de las clonas de los hibridomas generados en colaboración con el INDRE, permitirá la identificación de los anticuerpos funcionales para la detección de KN1 en tejido de meristemas mediante *Western Blot* y su selección para evaluar la detección de KN1 mediante inmunolocalización directa en meristemas completos de maíz y cebada. Además, el diseño y/o generación de una línea marcadora HvKN1-YFP en cebada, podría corroborar la inmunolocalización de KN1 mediante el anticuerpo monoclonal generado. De esta manera, el desarrollo de estas herramientas moleculares, podrían contribuir significativamente al entendimiento de las dinámicas espaciales que determinan la arquitectura de las inflorescencias en las gramíneas.



Estrategias para el análisis de la accesibilidad a la cromatina durante el desarrollo del chile (*Capsicum* spp.)

Arellano-Villagómez FC, Estrada-Luna AA, Alcacio-Prieto E, Martínez-Mosqueda A, Martínez-de la Vega O, Ochoa-Alejo N

Cinvestav-Unidad Irapuato, Km 9.6 del Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, C.P. 36824, en Irapuato, Guanajuato, México.

La regulación transcripcional durante el desarrollo y maduración de los frutos carnosos está fuertemente influenciada por la organización de la cromatina. En este sentido, el análisis de la accesibilidad a la cromatina se ha convertido en una herramienta clave para identificar regiones reguladoras activas; sin embargo, su implementación en especies no modelo como *Capsicum* spp. representa desafíos técnicos significativos. Este trabajo presenta estrategias metodológicas para el estudio de la accesibilidad de la cromatina en los frutos del chile a lo largo de las diferentes etapas de crecimiento, desarrollo y maduración. Se abordan las limitaciones asociadas con el tipo de tejido, incluyendo su alto contenido de agua, presencia de metabolitos secundarios y dificultades para aislar los núcleos intactos. También se discuten las adaptaciones en los protocolos experimentales y las consideraciones críticas para obtener cromatina de alta calidad. Se describen los criterios de control de calidad y evaluación de datos para garantizar la reproducibilidad y fiabilidad de los análisis. De manera complementaria, se presentan observaciones generales sobre la dinámica global de la accesibilidad a la cromatina durante el desarrollo del fruto. En conjunto, este trabajo proporciona un marco metodológico para la implementación de estudios epigenómicos en *Capsicum* spp., contribuyendo a la comprensión de la regulación genética en los frutos carnosos y sentando las bases para futuros análisis integrativos.



Obtención de neuronas a partir de fibroblastos de *Heterocephalus glaber* mediante reprogramación mediada por moléculas pequeñas

Arreola-Montesinos M¹, Castro-Obregón S², Cano-Mateo L², Franco-Juárez B², Arámburo de la Hoz C¹, Guillermo-Martínez C¹, Castro AE¹, Ramírez-Meza X³, Fabián Díaz N³, Portillo W¹, Ávila-González D³

¹Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México, Querétaro, México. ²Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México. ³Instituto Nacional de Perinatología “Isidro Espinosa de los Reyes”, Ciudad de México, México.

El ratopín (*H. glaber*) es un roedor africano extremadamente longevo –puede vivir hasta 40 años– y es resistente a patologías oncológicas y neurodegenerativas. Con el fin de estudiar los mecanismos celulares y moleculares de sus neuronas sin recurrir al sacrificio del animal, se propone la alternativa de reprogramación celular directa o transdiferenciación, proceso en el cual una célula somática (tipo A) se convierte en otra célula somática (tipo B). La técnica clásica para la reprogramación directa es mediante la expresión forzada de factores de transcripción introducidos con vectores virales. Sin embargo, la conversión también puede lograrse mediante moléculas pequeñas, que activan o inhiben vías de señalización sin necesidad de insertar transgenes en el genoma. En este trabajo, se aislaron y expandieron fibroblastos de ratopín, los cuales se expusieron a dos cócteles químicos previamente validados en fibroblastos de ratón (FICB: Forskolina, I-BET151, ISX9, CHIR99021) y de humano (VCRFSGY: Valproato de sodio, CHIR99021, RepSox, Forskolina, JNK VIII, GO6983, Y-27632). Los cultivos se mantuvieron en condiciones de hipoxia (3% O₂) y 32 °C, replicando las condiciones fisiológicas del animal. El medio se cambió dependiendo de las etapas: una primer etapa de inducción neural y posteriormente una segunda etapa de maduración neural. Las células se fijaron en los días 5, 10, 20 y 30. Los resultados preliminares mostraron que los fibroblastos, inicialmente con morfología fusiforme y núcleos grandes, cambiaron progresivamente su fenotipo, los somas se hicieron más pequeños y redondeados, y desarrollaron prolongaciones similares a neuritas. Mediante la técnica de inmunofluorescencia, se detectó la presencia de los marcadores neuronales específicos MAP2, NeuN y TUJ1 en células tratadas a los 5 y 10 días post-inducción, mientras que los fibroblastos control no mostraron dicho marcaje. Estos hallazgos sugieren que la reprogramación química es capaz de inducir la conversión directa de fibroblastos de ratopín hacia un fenotipo neuronal.



Regulación transcripcional de los genes relacionados con la vía de auxinas y remodelación de la pared celular por el factor de transcripción BOL

Ascencio Bribiesca AC^{1,3}, Guerrero Largo H¹, De Folter S², Marsch Martínez N¹

¹Departamento de Biotecnología y Bioquímica, Centro de Investigación y Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav), km 9,6 del Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, Irapuato, Guanajuato, México. ²Unidad de Genómica Avanzada (UGA-Langebio), Centro de Investigación y Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav), km 9,6 Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, Irapuato, Guanajuato, México.

Las plantas tienen la capacidad de formar nuevos órganos durante todo su ciclo de vida gracias a los meristemas, nichos de células pluripotentes que originan nuevos tejidos y órganos. Este proceso requiere la coordinación de la división, diferenciación y expansión celular, así como de la remodelación de la pared celular, promovida por la fitohormona auxina. La auxina activa una cascada de señalización que regula proteínas y enzimas responsables de modificar las propiedades mecánicas de la pared celular, facilitando el crecimiento y la formación de órganos. Además, la organogénesis depende de una regulación precisa de la expresión génica mediada por factores de transcripción. BOLITA (BOL) es un factor de transcripción de la familia AP2/ERF que se expresa en las células fundadoras de nuevos órganos y durante la regeneración de brotes. La pérdida de función de BOL provoca alteraciones en el desarrollo de órganos vegetativos y florales y reduce la capacidad regenerativa, mientras que su sobreexpresión ocasiona defectos en los órganos aéreos, vitrificación y formación de un callo verde en la raíz, indicando reprogramación celular. Análisis transcriptómicos realizados sugieren que BOL regula genes relacionados con la señalización por auxina, como *PIN1*, y con la remodelación de la pared celular, como *XTH12*. Este trabajo busca confirmar esta regulación y determinar su relevancia funcional durante la organogénesis en *Arabidopsis thaliana*.



Efecto de fármacos con potencial pro-regenerativo sobre la remielinización en *L. variegatus*

Barrera Castillo SM, Arellano Carbajal F

Licenciatura en Biología. Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Autónoma de Querétaro. Querétaro, Qro. México.

La mielina es una estructura lipídica fundamental para el funcionamiento adecuado de una neurona, actuando como aislante de los axones y permitiendo que los estímulos nerviosos se transmitan rápida y eficientemente. Su pérdida afecta la conducción de impulsos eléctricos y puede derivar a un daño neurológico permanente. *Lumbriculus variegatus* es un oligoqueto de agua dulce notable por su capacidad para regenerar segmentos corporales completos y restaurar estructuras nerviosas. Dado que la recuperación de la mielina es crucial para restaurar la función axonal, este organismo se propone como modelo para el estudio de la regeneración de mielina. La Ivermectina, un fármaco antiparasitario ampliamente usado en la medicina moderna, ha sido objeto de estudio debido a un potencial terapéutico más allá de su indicación principal: estudios recientes sugieren que podría tener efectos prometedores en la regeneración de mielina. Por ello, se seleccionó para evaluar el efecto remielinizante en *Lumbriculus variegatus*; planteando la hipótesis de que al aplicar el fármaco a este organismo, se observará una mayor recuperación de mielina en comparación con organismos control no tratados. Para monitorear el proceso, se realizó un seguimiento a nivel morfológico de la regeneración de mielina en axones lesionados mediante cortes histológicos y microscopía de fluorescencia, empleando una tinción específica para la detección de mielina que permita observar y contrastar el proceso de regeneración entre organismos tratados y controles.



MpDCL1b codifica una proteína DICER-LIKE no-canónica que regula el crecimiento y el desarrollo de *Marchantia polymorpha*

Barrientos Hernández JD¹, Aguilar-Cruz A¹, Dorantes-Acosta AE¹, Ishizaki K², Haseloff J³, Mosher RA⁴, Bowman JL⁵, Arteaga-Vázquez MA¹

¹Universidad Veracruzana, Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzan 101, Colonia Emiliano Zapata 91090, Xalapa, Veracruz, México. ²Graduate School of Science, Kobe University, Hyogo 657-8501, Japan. ³Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, CB2 3EA, United Kingdom. ⁴Department of Biology, University of Oxford, Oxford, OX1 3EL, United Kingdom. ⁵School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne Victoria 3800, Australia.

Las proteínas DICER-LIKE (DCL) son endoribonucleasas tipo III capaces de procesar RNA de doble cadena (dsRNA) durante la generación de pequeños RNAs (sRNAs) involucrados en la regulación de la expresión génica a nivel transcripcional y postranscripcional. En las plantas vasculares, la familia DCL está definida por la presencia de dominios característicos que incluyen un dominio helicasa, un dominio PAZ, dos dominios de RNasa tipo III y al menos un dominio de unión a dsRNA. El genoma de la planta basal *Marchantia polymorpha* posee cinco genes *DCL*, de los cuáles MpDCL1b codifica una proteína que solamente tiene un dominio de RNasa tipo III y dos dominios de unión a dsRNA, pero no posee los dominios helicasa y PAZ. Para analizar la función de MpDCL1b, generamos líneas mutantes mediante el sistema CRISPR-Cas9 y fusiones transcripcionales con el gen reportero *GUS* para determinar su territorio de expresión. Los análisis histoquímicos con las plantas portadoras de la fusión transcripcional revelaron un patrón de expresión dinámico de MpDCL1b tanto en etapas vegetativas como reproductivas, lo que sugiere que su actividad podría influenciar procesos de desarrollo a lo largo del ciclo de vida de la planta. Los análisis fenotípicos mostraron que las plantas Mpdc1bge presentan alteraciones vegetativas evidenciadas por la malformación de gemas y de talos, mientras que en la fase reproductiva desarrollan anteridióforos con malformaciones donde los lóbulos tienen una pseudofeminización. En conjunto, nuestros resultados muestran que MpDCL1b es un gen importante para la morfogénesis y la regulación del desarrollo en *M. polymorpha*, aportando nueva evidencia sobre la evolución de los genes *DCL* en el linaje de las embriofitas.



Efecto de *Trichoderma* sp. sobre el desarrollo de *Marchantia polymorpha*: respuestas cepa-dependientes a través de distintos canales de interacción

Bernardino Rivera LE¹, Aguilar-Cruz A¹, González-Rangel CY¹, González-Sánchez LE¹, Dorantes-Acosta AE¹, Bowman JL², Casas-Flores S³, Herrera-Estrella AH⁴, Arteaga-Vázquez MA¹

¹Universidad Veracruzana, Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Colonia Emiliano Zapata 91090, Xalapa, Veracruz, México. ²School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne Victoria 3800, Australia. ³IPICYT, División de Biología Molecular, Camino a la presa San José No. 2055, Colonia Lomas 4a sección, San Luis Potosí, C.P. 78216 Mexico. ⁴CINVESTAV, Unidad de Genómica Avanzada (LANGEBIO). Km 9.6 Carretera Irapuato-León, 36824. Irapuato, Guanajuato, México.

Marchantia polymorpha ha resurgido como modelo y se ha consolidado para el estudio de la evolución del desarrollo en plantas terrestres, gracias a su genoma reducido, su morfología simple y su posición filogenética basal. El género *Trichoderma* incluye hongos del suelo con capacidades ecológicas diversas, que van desde el mutualismo hasta la patogenicidad en plantas vasculares. Sin embargo, se desconoce cómo las plantas basales responden a éste género de hongos a través de los diversos canales de interacción. En este trabajo expusimos a *M. polymorpha* (línea Tak-1) a siete cepas de *Trichoderma* con capacidades ecológicas contrastantes, evaluando tres canales de interacción: contacto directo, exudados solubles y compuestos orgánicos volátiles (COV). El desarrollo fue evaluado cualitativamente mediante seguimiento fotográfico durante 15 días, y cuantitativamente mediante peso fresco y seco, con análisis estadístico (ANOVA y Tukey, $p < 0.05$). Encontramos que el fenotipo resultante, ya sea crecimiento, muerte o remodelación morfológica, depende de la cepa y del canal de interacción. El contacto directo con *T. virens* causa necrosis y muerte del talo, mientras que sus COV promueven un incremento significativo de la biomasa (peso seco y fresco) respecto al control, evidenciando que una misma cepa es deletérea por contacto, pero bioestimulante a través de los COV. Por otro lado, los exudados de *T. citrinoviride* alteran la arquitectura del talo, generando formas alargadas y talos ectópicos con cloroplastos en los rizoides, lo que indica alteraciones en la diferenciación celular; en contraste, sus COV inhiben la rizogénesis, mientras que otras cepas la promueven. Esto indica que el desarrollo de rizoides está regulado de manera diferencial por señales químicas específicas de cada cepa. En conjunto, nuestros resultados revelan que *M. polymorpha* responde diferencialmente a señales fúngicas de distinta naturaleza (contacto, exudados y COV) y que una misma cepa puede inducir efectos opuestos según el canal de interacción. Este contraste fenotípico sugiere que la respuesta no está determinada únicamente por la cepa fúngica, sino también por el tipo de señal química que la planta percibe a través de cada canal. Paralelamente, estamos realizando análisis transcriptómicos para explorar la base molecular de estos fenotipos y entender cómo se integran estas señales en los programas de desarrollo.



Análisis de la plasticidad de células del estómago en el gasterópodo *Deroceras laeve*

Brito Dominguez DA, Lozano Flores C, Varela Echevarría A.

Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México.

La plasticidad celular es la capacidad de una célula diferenciada de modificar su identidad sustentada en dos mecanismos conocidos: la actividad de células troncales residentes y la transdiferenciación directa, un proceso de desdiferenciación parcial seguido de activación de programas de desarrollo alternativos. En el gasterópodo terrestre *Deroceras laeve*, nuestro grupo estableció un modelo novedoso de regeneración, caracterizado por una notable capacidad regenerativa y un fenómeno de decrecimiento por ayuno con recrecimiento al restaurar la alimentación (Lozano-Flores et al., 2024, Miranda-Rodriguez et al., 2025). En experimentos realizados de alotrasplante, las células de la pared estomacal de *D. laeve* se integraron en tejidos receptores adultos, proliferaron y se diferenciaron hacia linajes musculares, neurales y con rasgos de células troncales. Sin embargo, esta evidencia no permite distinguir si la plasticidad observada depende de transdiferenciación directa o de la activación de subpoblaciones de células troncales residentes en el tejido donador. Para resolverlo, se propone aislar subpoblaciones de la pared estomacal, marcarlas con trazadores fluorescentes y trasplantarlas en receptores irradiados de *D. laeve* (alotrasplante) y *D. reticulatum* (xenotrasplante), lo que permitirá seguir su integración, proliferación y cambio de identidad. La estrategia combina transcriptómica de célula/núcleo único antes y después de la integración, se empleará con discriminación bioinformática de perfiles donador-receptor, el trazado espacial mediante *hibridación in situ* e inmunohistoquímica fluorescente en series temporales, y evaluación funcional por supervivencia (Kaplan-Meier), proliferación (F-ara-EdU, H3P, PCNA) y daño necrótico. Esta integración de datos histológicos, espaciales y transcriptómicos está diseñada para determinar si las células trasplantadas experimentan transdiferenciación o activación de programas de célula troncal.



Contribución de la vía JAK/STAT al control de la proliferación celular en el disco imagal alar de *Drosophila melanogaster*

Cárdenas-Luna SK, Nahmad M

Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV), Ciudad de México, México.

El control del tamaño final de un órgano es un proceso complejo que involucra a múltiples factores, incluyendo señales de crecimiento y diferenciación. El disco imagal de ala de *Drosophila melanogaster* es el tejido precursor del ala en la mosca de la fruta y es un excelente modelo para el estudio de mecanismos de control. En 2022, Díaz Torres y colaboradores propusieron que la dinámica entre los procesos de proliferación y reclutamiento celular (mecanismo de inducción de fenotipo en células del ala) en el disco alar podría jugar un papel importante en el control de tamaño, sin embargo, las bases mecánísticas, es decir, las vías de señalización involucradas en este mecanismo se desconocen. Durante mi tesis de maestría, encontré que la sobreexpresión de Vestigial en células reclutables resulta en el arresto de la proliferación en la bolsa del disco alar, además de que el silenciamiento del receptor Dome de la vía JAK/STAT en la bolsa del disco alar disminuye la proliferación. En este proyecto utilizamos el disco alar de *Drosophila* como modelo para estudiar si la vía JAK/STAT tiene un rol causal en la proliferación celular en este sistema, en qué células actúa y cómo podría participar en el control de tamaño.



Estudio de las dinámicas de proliferación celular en el nicho de células troncales de *Marchantia polymorpha*: un enfoque matemático

Carracedo-González J, Cruz-Ramírez LA

Laboratorio de Complejidad Molecular y del Desarrollo, Unidad de Genómica Avanzada, Cinvestav Irapuato, México.

Uno de los procesos celulares más importantes en cualquier organismo con desarrollo embrionario y post embrionarios la división celular asimétrica (ACD por sus siglas en inglés) de las células troncales. En plantas, este proceso es de particular interés ya que los genes que modulan las ACDs en nichos de células troncales se encuentran altamente conservados entre las plantas terrestres, esta evidencia sugiere que comparten un origen común, para entender las bases de este proceso es importante encontrar un modelo de estudio con poca redundancia genética y baja divergencia evolutiva. Un organismo ideal para este propósito es la briofita *Marchantia polymorpha*, que posee una estructura relativamente simple y un nivel de conservación alto en los genes involucrados en las ACD de las células troncales. Este proceso de desarrollo es complejo, por lo que las herramientas matemáticas e informáticas son esenciales para estudiarlo en el contexto de un organismo como *M. polymorpha*. El uso de modelos de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE por sus siglas en inglés), es particularmente útil para estudiar procesos de desarrollo, ya que facilitan la exploración cuantitativa y la simulación *in silico* de diversas variables espacio-temporales. El principal objetivo de este trabajo es establecer un modelo ODE que replique con precisión las condiciones del nicho de células troncales de *M. polymorpha* y permita perturbar dichas condiciones, para determinar las características y propiedades emergentes que regulan la morfodinámica de esta planta, con un modelo basado en uno de los circuitos que regulan algunos tipos de ACD en el nicho de células troncales de *Arabidopsis*, y cuyos elementos reguladores esenciales tienen como ortólogos putativos en *Marchantia* a MpSHR, MpSCR, MpRBR y MpCYCD;1.



Evaluación de las interacciones cresta neural/mesodermo en un modelo de CCN deficientes de PLPP3

Chávez Ramos AS, Flores Oliva AE, Cruz Cruz SS, Martínez Silva AV, Escalante Alcalde D

Instituto de Fisiología Celular, División de Neurociencias, Universidad Nacional Autónoma de México.

La fosfatasa de fosfolípidos 3 (PLPP3) es una enzima que desfosforila lípidos bioactivos como el ácido lisofosfatídico (LPA) y la esfingosina-1-fosfato (S1P), los cuales participan en procesos celulares como migración, proliferación, y diferenciación. Se ha demostrado que la ausencia total de PLPP3 en el ratón provoca letalidad embrionaria alrededor de E9.5, lo que indica que PLPP3 es una enzima indispensable durante el desarrollo embrionario. Antecedentes del laboratorio han demostrado la relevancia de PLPP3 en algunos dominios de expresión de *Wnt1*, como en las células de la cresta neural (CCN) premigratoria. Las CCN interactúan de forma coordinada con el mesodermo (Mes) cefálico durante el desarrollo craneofacial, y en su interfaz se forma la sutura coronal, que divide al hueso frontal (derivado de CCN) y al parietal (derivado de Mes). Se utilizaron ratones con delección condicional de *Plpp3* en derivados de CCN mediante el sistema *Cre/loxP* y el driver *Wnt1::Cre2*. Los mutantes presentan afectaciones craneofaciales, como el desplazamiento anterior de la sutura coronal y disminución del tamaño del hueso frontal, a la vez que el hueso parietal aumenta de tamaño, a pesar de no ser derivado de CCN. Además, en los embriones mutantes de estadio E11.5 se observan cambios morfológicos en el borde posterior de los arcos branquiales (AB), donde las CCN de los AB interactúan con el Mes cefálico. Con el objetivo de determinar si estas alteraciones se originan por cambios en las interacciones entre CCN y Mes cefálico, se estandarizó un cultivo organotípico de embriones en estadios E9.5 y E10.5 para registrar estas interacciones mediante microscopía confocal en tiempo real y realizar mediciones preliminares del comportamiento celular. Los resultados obtenidos sugieren una tendencia hacia un aumento en la invasión de CCN al Mes adyacente en los embriones mutantes con respecto a los controles, lo que podría contribuir al establecimiento del fenotipo observado.



Expresión de genes de la matriz extracelular “HSPGs” en la regeneración del gasterópodo *Deroceras laeve*

Cortés Encarnación R¹, Hernández Montiel HL², Varela Echavarría A³, Lozano Flores C³,
Miranda Rodríguez JR³

¹Maestría en Ciencias en Biomedicina, CIBA Universidad Autónoma de Querétaro. ²Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro. ³Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México, campus Juriquilla.

Durante la regeneración de diversos modelos animales, se activan mecanismos de regulación de morfógenos y factores de crecimiento. Dentro de estos mecanismos reguladores se encuentran los proteoglicanos de heparán sulfato (HSPG, por sus siglas en inglés), los cuales son componentes de la matriz extracelular que se encuentran de manera ubicua en todos los tejidos. En análisis transcriptómicos realizados por nuestro grupo de trabajo en el organismo modelo *Deroceras laeve*, un gasterópodo que presenta una alta capacidad de regeneración, se identificaron genes diferencialmente expresados relacionados con la vía de los HSPGs, en un contexto de regeneración. Entre estos están el gen *hspg2*, de la familia de los perlecanos y el gen *hep* de la familia de las heparanasas. Debido a que se tiene poca información de esta vía en organismos con alta capacidad de regeneración, en este estudio, se decidió evaluar la expresión de los genes de la vía de los HSPG mediante hibridación *in situ* en tejido caudal en regeneración en este organismo. Los resultados preliminares demuestran que genes que codifican para proteínas HSPG (*hspg2*) y para enzimas relacionadas con la biosíntesis y degradación (*hep*), se expresan durante la regeneración de la cola en *D. laeve* en tiempos de 48 horas post-amputación (hpa) y con patrones de expresión en zonas específicas relacionadas a la formación de nuevas estructuras, sugiriendo la importancia del papel de estas moléculas en los procesos regenerativos.



Alteraciones cefálicas producidas por la inactivación condicional de *Plpp3* en células de la cresta neural

Cruz-Cruz S¹, Flores-Oliva E¹, Martínez-Silva V¹, Llaguno-Munive M², Escalante-Alcalde D¹

¹Departamento de Neurodesarrollo y Fisiología, Instituto de Fisiología Celular, UNAM, CDMX. ²Instituto Nacional de Cancerología, CDMX.

La formación del cráneo depende de la interacción entre la cresta neural craneal (CNC), el mesodermo, las meninges, el condrocáneo y la matriz extracelular. Aunque numerosos mecanismos participan en este proceso, la contribución de los lípidos bioactivos al desarrollo craneofacial aún no está bien definida. *Plpp3* codifica para una fosfatasa de fosfolípidos que modula la disponibilidad de S1P y LPA, moléculas relacionadas con migración, adhesión, diferenciación y organización tisular. La inactivación condicional de *Plpp3* en la CNC produce anteriorización de la sutura coronal con reducción del tamaño del hueso frontal y aumento del parietal, expansión anterior del mesodermo en la región supraorbitaria y del condrocáneo de origen mesodérmico. No se detectaron diferencias en proliferación o apoptosis en E14.5, lo que sugiere que el fenotipo se origina antes de esta etapa. Ensayos de actividad de fosfatasa alcalina *in situ* y microtomografía computarizada mostraron una reducción en la osificación de ambos huesos. La expresión de *Sox9*, *Runx2*, *Msx2* y *Osx*, fue compatible con una alteración de la diferenciación osteogénica y la permanencia de estados osteocondrogénicos inmaduros. Por su origen mesodérmico, las alteraciones en el hueso parietal apuntan a mecanismos no autónomos mediados por el entorno craneal. Además, observamos cambios en la expresión de genes relacionados con identidad regional, señalización de Hedgehog, señalización lipídica y componentes de la matriz extracelular. Además los individuos mutantes presentaron cambios en la curvatura del paladar y en el patrón de las rugas palatinas. En conjunto, estos hallazgos indican que la expresión de *Plpp3* en la CNC regula el desarrollo craneofacial participando en las interacciones CNCmesodermo, la osificación y la arquitectura craneofacial mediante la integración de señalización lipídica, organización tisular y diferenciación osteogénica.



Mecanismos de regulación transcripcional del gen *Notch* en *Drosophila melanogaster* durante el desarrollo embrionario

Cruz Montoya KY¹, Martínez Coronel XL¹, Ríos Barrera LD², Recillas Targa F¹, Garza-Manero S¹

¹Departamento de Genética Molecular, Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México., Ciudad de México, México. ²Departamento de Biología Celular y Fisiología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

El desarrollo de un organismo pluricelular después de la fusión de los gametos y de la aparición de las tres capas germinales del embrión, está controlado por la vía de Notch. Esta vía regula procesos de proliferación, diferenciación y apoptosis celular, y es altamente conservada en animales, por lo que resulta importante conocer la regulación transcripcional del locus de *Notch*, lo que ha sido poco estudiado. De manera importante, este locus se encuentra en el cromosoma X, por lo que se asume que está sujeto a los mecanismos de compensación de dosis génica en machos; sin embargo, esto no ha sido abordado experimentalmente. En este estudio evaluamos si existen diferencias en los niveles de expresión entre machos y hembras durante el desarrollo embrionario, encontrando que los niveles transcripcionales se encuentran compensados en embriones de 8-16 h de desarrollo. El análisis de las modificaciones postraduccionales de histonas en embriones segregados por sexo de 10-12 h de desarrollo, evidenciaron un elemento regulatorio en el intrón 5 y en el exón 6, enriquecido con la modificación de histona H3K4me1 en machos, asociada a elementos cis-reguladores. Mediante PCR-RACE, identificamos formas cortas de *Notch* que pudieran derivarse de la actividad del elemento regulatorio anteriormente mencionado. Estas formas cortas, se encuentran presentes en tejidos adultos de forma diferencial entre machos y hembras. Nuestro estudio describe la existencia de diferentes mecanismos de regulación transcripcional del locus de *Notch* que, en machos, operan en un contexto de compensación de dosis génica.



Efecto de la diabetes materna sobre la regulación y actividad de FoxP2 durante la corticogénesis temprana en rata

De la Merced-García DS^{1,2}, Caballero-Moncada IE¹, Wong-Ortiz A¹, Valle-Bautista R¹, Ávila-González D¹, Díaz-Martínez NF¹ y Molina-Hernández A¹

¹Instituto Nacional de Perinatología “Isidro Espinoza de los Reyes”. ²Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM.

La diabetes materna se asocia con alteraciones motoras y del lenguaje en la descendencia, lo que sugiere afectaciones del neurodesarrollo. La corticogénesis requiere un equilibrio entre la proliferación y diferenciación de las células troncales neurales (CTN). En modelos murinos, la diabetes materna induce neurogénesis prematura y aumenta la localización nuclear de Foxp2, fenómenos parcialmente prevenidos por el bloqueo del receptor de histamina tipo 1 (RH₁). Se propuso que la vía RH₁-PKC favorece la fosforilación y localización nuclear de Foxp2 y, con ello, la transición de CTN a progenitores intermedios (PI). Este trabajo evaluó a través de RT-qPCR, Western blot, inmunofluorescencias y Chip-PCR en tejido del telencéfalo dorsal de embriones de 12 días de ratas diabéticas, la transición de CTN a PI, la participación de PKC en la localización nuclear de Foxp2, la isoforma involucrada y el efecto del bloqueo del RH₁ sobre blancos transcripcionales de Foxp2. Los resultados obtenidos muestran que los embriones de ratas diabéticas presentaron mayor expresión y actividad de PKC α , aumento de la expresión nuclear de Foxp2 y mayor transición de CTN a PI, lo que podría estar asociado a cambios en la transcripción de sus blancos reportados, Kif2c y Numa1, genes relacionados con la organización del huso mitótico. De manera interesante, al usar un inhibidor de PKC clásicas y nuevas, se concluyó que la fosforilación de Foxp2 es mediada por PKC α / β . Estos hallazgos sugieren un modelo en el que la hiperglucemia materna mantiene activa la vía RH₁-PKC α / β , promoviendo la fosforilación y localización nuclear de Foxp2 y alterando la expresión de genes asociados al huso mitótico. Esto favorece la transición de CTN a PI y la neurogénesis prematura, lo que podría contribuir a las alteraciones corticales en la descendencia.



El papel de *SIGH9-16* en la morfogénesis del gineceo y la textura del fruto en tomate

De la Mora-Franco D¹, Bernal-Gallardo JJ, López-Gómez P^{1,2}, Martínez-Estrada E¹, Hernández-Cano GN³, López-Pérez MG³, De Folter S^{1*}

¹Unidad de Genómica Avanzada (UGA-Langebio), Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav-Irapuato), Km. 9.6 Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, Irapuato 36824, Guanajuato, Mexico. ²Rosario Izapa, Campo experimental, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Chiapas, Mexico. ³Depto. de Biotecnología y Bioquímica, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav-Irapuato), Km. 9.6 Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, Irapuato 36824, Guanajuato, Mexico.

La pared celular vegetal es una matriz dinámica de polisacáridos que se modifica constantemente para promover el crecimiento celular y la morfogénesis de tejidos. Las endo-1,4- β -glucanasas (EGases o celulasas), que pertenecen a la familia Glicosil Hidrolasas 9 (GH9), son enzimas clave implicadas en el desensamblaje y el metabolismo de la pared celular, la expansión y diferenciación celular, la maduración de los frutos y la abscisión de órganos. En este trabajo, estudiamos las celulasas *AtGH9B2*, *AtGH9B13* y *SIGH9-16* durante el desarrollo del gineceo en *Arabidopsis* y tomate, identificando patrones de expresión espacio-temporales dinámicos y conservados en ambas especies. También generamos líneas de pérdida de función mediante CRISPR-Cas9 y de sobreexpresión (OE) para *SIGH9-16*, demostrando que esta enzima es necesaria para el patrón celular normal y la morfogénesis del gineceo en tomate. Además, *SIGH9-16* actúa como un regulador dosis-dependiente que influye tanto en la arquitectura como en la textura del fruto, y su pérdida de función prolonga significativamente la vida útil postcosecha. Análisis de ATR-FTIR sugieren que estos fenotipos son el resultado de cambios químicos en la matriz de polisacáridos de la pared celular del pericarpio. En conclusión, nuestros resultados demuestran que las celulasas GH9 participan en la coordinación de la mecánica celular con la morfogénesis del gineceo y del fruto, destacando el potencial biotecnológico de *SIGH9-16* para optimizar la calidad postcosecha de los frutos de tomate.



El control materno de la degradación del ARN resguarda el desarrollo embrionario

Del Toro-De León G^{1,2}, Trenti MS¹, Vasudevan V¹, Krause U¹, Köhler C¹

¹Department of Plant Reproductive Biology and Epigenetics, Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam, 14476, Germany. ²Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cuernavaca, Mexico.

El desarrollo embrionario en plantas, al igual que en mamíferos ocurre dentro de tejidos de origen materno que recubren y protegen el embrión. En las plantas angiospermas, un proceso de doble fecundación da lugar a la formación de un embrión diploide y un endospermo triploide (tejido análogo a la placenta), los cuales se desarrollan dentro de los integumentos esporofíticos maternos. Por lo tanto, la semilla de las angiospermas es una estructura compuesta por tres componentes genéticamente distintos: el embrión, el endospermo y los integumentos maternos. Durante mucho tiempo se ha especulado que la planta materna influye en el desarrollo del embrión, sin embargo, la evidencia a nivel molecular y genético es escasa. En este trabajo descubrimos que los ARN pequeños interferentes (siRNA) generados en consecuencia de la alteración de la función del exosoma de RNA provocan el aborto embrionario a través de un efecto esporofítico materno, lo que indica una comunicación de siRNA entre los compartimentos de la semilla. Mutaciones en el gen codificante de la subunidad central del exosoma de procesamiento de ARN RRP45B (*CER7*) provoca el arresto en el desarrollo del embrión en fase globular relacionada con el silenciamiento postranscripcional (PTGS). La expresión de *CER7* en integumentos de la cubierta de la semilla suprime el aborto embrionario, lo que demuestra un control esporofítico materno del desarrollo embrionario a través de una vía de degradación del ARN. En este trabajo mostraré datos que respaldan un modelo en el que un siRNA primario se origina en los integumentos maternos de la semilla en la mutante *cer7* y promueve la amplificación del silenciamiento en los tejidos reproductivos tras la fecundación, lo que finalmente conduce al aborto de la semilla. Nuestros datos evidencian la compleja interacción entre la regulación genética materna y embrionaria, lo que apunta a un efecto no autónomo de los ARN no codificantes y la comunicación entre compartimentos de la semilla.



Evaluación del papel de la vía de señalización de EGFR en la generación de especies reactivas de oxígeno durante el desarrollo embrionario de pez cebra

Eliosa-García FV, Ramírez Corona A, Lomeli-Buyoli H, Salas-Vidal E

Departamento de Genética del Desarrollo y Fisiología Molecular, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México.

La epibolia es el primer movimiento morfogénico en el desarrollo temprano del pez cebra, en el que las células del blastodermo migran para cubrir el vitelo. Las especies reactivas de oxígeno (ERO) desempeñan un papel fisiológico como moléculas señalizadoras en la regulación de la proliferación, la muerte y la motilidad celular. Una de las fuentes principales de ERO son las NADPH oxidasas (NOX), un grupo de enzimas que generan superóxido y peróxido de hidrógeno. Previamente, reportamos que las ERO derivadas de las NOX son esenciales para la progresión de la epibolia, ya que la inhibición de su actividad enzimática provoca un retraso en la epibolia, alteraciones en la organización del citoesqueleto y en la localización de la E-cadherina; además, disminuye la supervivencia de los embriones. Debido a la relevancia de las NOX en la epibolia, nos preguntamos qué mecanismos regulan su actividad en etapas tempranas del desarrollo. En particular, nos interesó la vía de señalización del factor de crecimiento epidérmico, ya que, al interactuar con su receptor (EGFR), se ha reportado que activa las NOX. Adicionalmente, estudios previos indican que la activación del receptor EGFR es necesaria para la progresión de la epibolia en embriones de peces cebra. En este trabajo, encontramos que la inhibición farmacológica del EGFR retrasa la epibolia e incrementa la abundancia de E-cadherina en la membrana plasmática. Además, los resultados indican que la inhibición del EGFR reduce la formación de peróxido de hidrógeno de forma limitada. Por último, estos efectos no se recuperan con la adición de peróxido de hidrógeno, lo que sugiere la existencia de vías independientes de NOX reguladas por EGFR, esenciales para la epibolia durante el desarrollo temprano del pez cebra.



El control molecular para el posicionamiento de las articulaciones durante la formación de los dedos

Garay Pacheco E, Marín Llera JC, Chimal-Monroy J

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México.

La formación de los dígitos requiere señales moleculares que regulen la diferenciación del cartílago y el establecimiento periódico de las articulaciones separan las falanges. La formación de articulaciones inicia con el establecimiento de la interzona, una región de células aplanadas dará origen al cartílago articular, la cápsula sinovial y ligamentos. Factores como Wnt/ β -catenina, Gdf5, c-Jun y CREB5 son esenciales en este proceso. Sin embargo, los mecanismos que determinan el sitio preciso donde se establece cada articulación permanecen desconocidos. Debido a su función en el control del crecimiento tisular de los órganos, la vía Hippo emerge como candidata para regular este proceso, ya que el posicionamiento de las articulaciones está ligado al tamaño de los elementos esqueléticos. El objetivo de este trabajo fue determinar la ventana temporal en la que se especifican las articulaciones interfalángicas y evaluar la participación de la vía Hippo durante el desarrollo de la extremidad del embrión de pollo. Para ello, se analizó el patrón de expresión de *Gdf5* demostrando que las articulaciones se establecen con una periodicidad de 24 horas y que la formación de cada una requiere el avance de dos estadios de Hamburger-Hamilton. Asimismo, se caracterizó la distribución espaciotemporal de LATS, YAP y TAZ, cuyos patrones de localización subcelular variaron con el estadio. En particular, la señal de YAP disminuyó en la interzona durante su establecimiento, lo que sugiere que su inhibición local podría ser necesaria para la formación de la articulación. Finalmente, experimentos preliminares de pérdida y ganancia con verteporfina y BV02 redujeron la expresión del marcador molecular autotaxina, respaldando la participación de esta vía en el posicionamiento articular. En conjunto, estos resultados definen la ventana temporal de establecimiento de las articulaciones y sugieren que la regulación de YAP contribuye a su posicionamiento durante el desarrollo embrionario.



Desarrollo *ex utero* de embriones de ratón para estudiar el papel de la senescencia celular programada en el desarrollo del tubo neural

García López C, Acevo Rodríguez PS, Castro Obregón S

Departamento de Neurodesarrollo y Fisiología, División de Neurociencias, Instituto de Fisiología Celular, UNAM Cto. Exterior s/n, C.U., Coyoacán, 04510 Ciudad de México, CDMX, México.

Durante el desarrollo del sistema nervioso central, las células progenitoras neurales adquieren identidades específicas a lo largo del eje dorsoventral del tubo neural. Este proceso está guiado por gradientes de morfógenos secretados por centros organizadores como la notocorda, la placa del piso y la placa del techo, que inducen la expresión de factores de transcripción y definen los dominios de las células progenitoras. Recientemente, se ha propuesto que la senescencia celular programada, caracterizada por la secreción de moléculas de señalización que alteran el tejido circundante, conocida colectivamente como fenotipo secretor asociado a la senescencia, desempeña un papel activo en el desarrollo embrionario. Este fenotipo senescente se distingue también por la detención del ciclo celular sin daño en el ADN. Estudios previos de nuestro laboratorio identificaron células senescentes en la notocorda y la médula espinal de embriones de ratón en los estadios E10.5 y E11.5. Estas células expresan p21CIP1/WAF1 y p16INK4A, muestran actividad β -galactosidasa asociada a la senescencia y son susceptibles al senolítico ABT-263, lo que confirma su estado senescente (Domínguez-Bautista et al., 2021). Para estudiar el papel fisiológico de la senescencia celular programada durante el desarrollo, resulta útil contar con un modelo *in vitro* que permita modular a la senescencia celular. En este trabajo planteamos la hipótesis de que la senescencia celular programada en el tubo neural y la notocorda puede reproducirse permitiendo el desarrollo *ex utero* de embriones alrededor del día embrionario E10.5. Para comprobarlo, se optimizaron las condiciones para favorecer la sobrevivencia y evaluar el avance del desarrollo de embriones de ratón aislados en el día E10.5, y se cultivaron durante 15 horas. Nuestros resultados demostraron que el cultivo *ex utero* permitió el avance del desarrollo embrionario de forma que se conserva la aparición de células en senescencia celular programada en la placa del piso del tubo neural y la notocorda. Además, resultó posible manipular farmacológicamente la abundancia de células en senescencia programada. Tras el tratamiento con el senolítico ABT-263, se observó una tendencia a la reducción de la actividad SA- β -gal en la notocorda. Se discutirán los alcances y limitaciones del desarrollo *ex utero* para estudiar el papel fisiológico de la senescencia celular programada.



Las hormonas tiroideas regulan la oligodendrogénesis durante el desarrollo temprano del pez cebra

García-Martínez I, Lazcano I, Olvera, A, Orozco, A

Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Querétaro, México

Las hormonas tiroideas (THs) son reguladoras esenciales del desarrollo del sistema nervioso central y desempeñan un papel fundamental en la diferenciación de la oligodendroglía y en la mielinización durante las etapas perinatales. Sin embargo, su participación en etapas embrionarias tempranas, cuando las células progenitoras neurales (NPCs) comienzan su especificación hacia el linaje oligodendroglial, ha sido poco explorada. En este trabajo evaluamos el efecto de cambios en la biodisponibilidad de la TH bioactiva 3,3',5-triyodo-L-tironina (T3) durante la embriogénesis sobre la progresión temprana del linaje oligodendroglial en el pez cebra. La biodisponibilidad de T3 se incrementó mediante la exposición transitoria a esta hormona (0.025 nM) dentro de las primeras 24 horas post-fertilización y con la generación de crispantes *dio3b*. El tratamiento con T3 redujo la expresión de marcadores oligodendrogliales y el contenido de mielina en el cerebro, efectos precedidos por un aumento de la proliferación de NPCs y acompañados de una mayor expresión de un marcador de precursores neuronales, lo que sugiere una alteración en el compromiso hacia el linaje oligodendroglial. En contraste, la pérdida de función de *dio3b* produjo efectos restringidos temporal y anatómicamente, incluyendo un incremento inicial de precursores de oligodendrocitos en el tectum óptico, así como un aumento posterior del contenido de mielina y neuronas en el telencéfalo y el rombencéfalo. En conjunto, nuestros resultados sugieren que la disponibilidad de THs durante la embriogénesis influye en decisiones tempranas de destino celular y en la progresión del linaje oligodendroglial, identificando al desarrollo embrionario como una ventana crítica de sensibilidad a alteraciones sutiles en la señalización tiroidea.



Análisis del receptor Frizzled 7 (*fzd7a/fzd7b*) en el desarrollo temprano y la respuesta regenerativa de la médula espinal en *Danio rerio*: de embriones a adultos

García Morales C, Martínez López C, López Villafan IS, Aguilar López JA, García Rodríguez JR

Universidad Autónoma del Estado de México, Facultad de Ciencias.

En mamíferos, las lesiones de la médula espinal ocasionan daños irreparables al tejido nervioso central. En contraste, el pez cebra (*Danio rerio*) representa un modelo biológico excepcional debido a su notable capacidad intrínseca para regenerar el sistema nervioso central y recuperar por completo la función motora. Esta respuesta fisiológica involucra la vía de señalización Wnt y los receptores de membrana Frizzled, destacando los homólogos *fzd7a* y *fzd7b*. Tras inducir una lesión medular en embriones de 24 hpf, el gen *fzd7b* muestra una ligera reducción transitoria en sus niveles de expresión entre las 0 y las 48 horas post-lesión (hpl). Pese a este ajuste inicial, los alevines presentan actividad natatoria provocada por estímulo táctil a las 48 hpl, la formación de puentes axonales a los 4 días post-lesión (dpl) y un 90% de regeneración estructural a los 8 dpl. En especímenes adultos, el gen *frizzled 7* altera significativamente su patrón de expresión tras el daño, confirmando su rol activo en la reparación medular madura. Por otro lado, la caracterización de este proceso y de la organización embrionaria depende de patrones génicos específicos espacio-temporales durante la neurulación, lo que requiere métodos de detección moleculares altamente confiables. Para evaluar con precisión la expresión diferencial de los marcadores del eje anteroposterior del tubo neural, se desarrolló y optimizó un panel de PCR convencional para los genes *otx2a*, *otx2b*, *sox2*, *en1b*, *neurod1* y *hoxb9a*, empleando β -actina como control constitutivo. El análisis por RT-PCR en embriones en etapas de escudo, brote de cola, 5 somitas, 13 somitas y 24 hpf exigió la estandarización rigurosa de variables como el diseño de oligonucleótidos, la temperatura de alineamiento y las condiciones de amplificación. Esta optimización metodológica garantiza resultados reproducibles para el estudio del sistema nervioso.



Perfiles de expresión convergentes y evolución *cis*-reguladora durante el desarrollo en poblaciones independientes de peces de cueva de *A. mexicanus*

Garduño-Sánchez MAA^{1,2}, Maza-Castañeda LC², Mcgaugh S³, Stallknecht Ricemeyer E^{4,5}, Ornelas-García CP²

¹Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México. ²Colección Nacional de Peces, Departamento de Zoología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México. ³Department of Ecology, Evolution and Behavior, University of Minnesota. ⁴Bond Life Science Center, University of Missouri, Columbia. ⁵Chair for Animal Systems Genomics, Faculty of Veterinary Medicine, Ludwig-Maximilians-Universität, Munich, Germany.

Durante el desarrollo, la expresión génica está finamente regulada en sus dimensiones temporales y espaciales. Los cambios en estos patrones resultan especialmente críticos en etapas tempranas del desarrollo, ya que pueden tener repercusiones significativas en el fenotipo y representar mecanismos fundamentales de diversificación. Los organismos troglobios exhiben un amplio espectro de modificaciones respecto a las formas de superficie, incluyendo rasgos regresivos, como la pérdida de la visión, y constructivos, como el aumento en el número de células sensoriales. El tetra mexicano *Astyanax mexicanus*, presenta formas tanto de superficie como de cuevas, provenientes de linajes independientes, cuya divergencia se estima entre 100,000 y 200,000 años, lo que lo hace un modelo excepcional para investigar los mecanismos de evolución repetida en su adaptación a ambientes subterráneos. A nivel molecular, se han documentado cambios en la expresión génica asociados a la pérdida de la visión y la pigmentación; sin embargo, no queda claro si estos cambios obedecen a trayectorias regulatorias comunes durante el desarrollo. En este trabajo se evaluaron los perfiles de expresión a lo largo del desarrollo en dos poblaciones de cueva de *A. mexicanus* de distintos linajes, comparadas con formas de superficie. Los análisis de expresión diferencial y ontología de genes, muestran que ambas poblaciones de cueva exhiben una respuesta transcripcional convergente en rasgos troglobios (con la visión y la integración del DNA), la cual se acentúa conforme avanza el desarrollo. No obstante, cada población conserva patrones de expresión particulares. Los análisis de expresión alélica específica sugieren que genes del cristalino y la pigmentación presentan cambios *cis*-regulatorios en etapas puntuales del desarrollo. En conjunto, nuestros resultados sugieren patrones convergentes *cis*-regulados en genes asociados a la adaptación a los ambientes de cueva, que operan de manera heterocrónica entre poblaciones de distintos linajes.



Caracterización de alelos mutantes del gen *MpNRPD1* de *Marchantia polymorpha*

González-Sánchez LE¹, Aguilar-Cruz A¹, Hernández-Vázquez AG¹, González-Rangel CY¹, Dorantes-Acosta AE¹, Ishizaki K², Haseloff J³, Mosher RA⁴, Bowman JL⁵, Arteaga-Vázquez MA¹

¹Universidad Veracruzana, Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzan 101, Colonia Emiliano Zapata 91090, Xalapa, Veracruz, México. ²Graduate School of Science, Kobe University, Hyogo 657-8501, Japan. ³Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, CB2 3EA, United Kingdom. ⁴Department of Biology, University of Oxford, Oxford, OX1 3EL, United Kingdom. ⁵School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne Victoria 3800, Australia.

Las plantas utilizan la vía RNA-directed DNA Methylation (RdDM) para mantener la integridad genómica mediante el control de elementos móviles conocidos como transposones o elementos transponibles (TEs). En la vía RdDM, RNAs producidos de los propios loci con TEs dirigen la metilación de esas mismas secuencias. Un componente clave de esta vía es la NUCLEAR RNA POLYMERASE D (NRPD) o RNA POLYMERASE IV (POLIV), una RNA polimerasa dependiente de DNA que transcribe loci para ser silenciados y, en paralelo con una RNA polimerasa dependiente de RNA, produce RNA de doble cadena (dsRNA) sustrato para la producción de pequeños RNA interferentes (siRNAs) que guían la metilación dirigida del sitio de DNA donde residen los TEs. En este trabajo generamos, mediante CRISPR-Cas9, mutantes de pérdida de función del gen *MpNRPD1* —que codifica la subunidad mayor específica de la POLIV— en la planta basal *Marchantia polymorpha*. Los mutantes *Mpnrpd1ge* muestran alteraciones en el crecimiento y desarrollo que afectan el establecimiento del plan corporal, que incluyen defectos en los patrones de división del meristemo y talos ectópicos que denotan una pérdida de la arquitectura dorsiventral. A nivel reproductivo, los mutantes producen anteridióforos con sacos anteridiales protuberantes y talos ectópicos en el pedúnculo, alteraciones que denotan una reiteración del plan de desarrollo del anteridióforo. Nuestros análisis transcriptómicos en curso, nos han llevado a identificar familias de TEs desreguladas en los mutantes *Mpnrpd1*, así como genes involucrados en el desarrollo y vías de señalización de fitohormonas que se expresan diferencialmente. Nuestros datos muestran que la función de *MpNRPD1* es importante para el adecuado crecimiento y desarrollo de *M. polymorpha* regulando la actividad meristemática, así como procesos de diferenciación y mantenimiento de la identidad celular durante el desarrollo vegetativo y reproductivo.



Análisis de expresión de genes involucrados en la regeneración del tentáculo ocular del gasterópodo terrestre *Deroceras laeve*

González-Solano A, Lozano-Flores C, Soto-Barragán F, Brito-Domínguez D, Díaz-Córdova X, Gutiérrez-Sarmiento W, Varela-Echavarría A

Instituto de Neurobiología, UNAM

La regeneración plantea una pregunta esencial: ¿cómo un organismo reconstruye una parte del cuerpo dañada o perdida, restaurando los tipos celulares y sus posiciones adecuadas para recuperar su función? Dilucidar esto requiere un modelo experimental cuya capacidad regenerativa admita análisis cualitativo y cuantitativo. La babosa o limaco terrestre *Deroceras laeve* cumple varios criterios prácticos para este propósito: bajo costo de mantenimiento, tamaño reducido, madurez reproductiva temprana y distribución global; además destaca su capacidad de regeneración, que incluye órganos completos y estructuras corporales, como su tentáculo ocular, regenerado por completo tras 21 días de su amputación. En este trabajo buscamos identificar qué genes participan en la reconstrucción del tentáculo ocular y sus patrones de expresión. Los genes candidatos se seleccionaron por sus niveles de expresión diferencial en un estudio de RNAseq, por lo que se clonaron fragmentos de sus cDNAs. Las clonas positivas se hibridaron *in situ* y se revelaron mediante fluorescencia (FISH) en tentáculos 15 días post-amputación, con el objetivo de determinar dónde y en qué media se expresan durante esta ventana temporal. Hasta el momento, se han hibridado varios genes candidatos y se está realizando el análisis de su patrón de expresión, lo que esperamos revele mecanismos moleculares involucrados en la regeneración del tentáculo ocular.



El contexto social modula la proliferación celular durante la plasticidad reproductiva en ovarios de la hormiga *Pogonomyrmex barbatus*

Guerra-Sandoval D, Vergara-Martínez MF, Otero-Díaz B, Fetter-Pruneda I

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)

En las sociedades de hormigas, existe una rígida división de labores dentro de la colonia entre la reina y las obreras. En la mayoría de los casos, la reina es la única con capacidad reproductiva mientras que las obreras se encargan de otras tareas dentro de la colonia. A pesar de esta marcada división conductual, se ha demostrado que la presencia tanto de la reina como de crías influye sobre la fisiología reproductiva de las obreras en diversas especies. En este trabajo evaluamos el efecto del contexto social sobre la proliferación celular y la fosforilación de la histona H3 en la serina 10 (H3S10p), una modificación asociada con condensación cromosómica y mitosis, en la hormiga *Pogonomyrmex barbatus*. Mediante inmunofluorescencia cuantificamos la intensidad de fluorescencia de H3S10p y el número de células en mitosis en obreras jóvenes y maduras bajo diferentes contextos sociales (presencia o ausencia de reina y de crías), mientras que la proliferación celular se determinó mediante incorporación de EdU y se comparó entre reinas y obreras de distintas edades y contextos sociales (con o sin reina). Nuestros resultados muestran que el patrón de H3S10p depende del contexto social y varía entre regiones específicas de la ovariola, indicando que las señales provenientes de la reina y de las crías modifican diferencialmente la actividad mitótica y/o la organización de la cromatina. De manera complementaria, el análisis de EdU reveló diferencias marcadas en la proliferación celular entre castas y grupos de edad, siendo que de forma sorprendente, las reinas presentan menos marca. Estos hallazgos sugieren que el contexto social en *P. barbatus* tiene efectos tanto en la proliferación celular como en la organización de la cromatina, proporcionando nueva información sobre los mecanismos celulares que están involucrados en la plasticidad reproductiva en insectos eusociales.



Caracterización del desarrollo embrionario del gasterópodo *Deroceras laeve* y expresión de vías de señalización

Gutiérrez-Sarmiento W¹, Díaz-Córdova XA², Gúzman-Rodríguez S³, Morales-Rodríguez L⁴, Lozano-Flores C¹, Miranda-Rodríguez JR¹, Varela-Echavarría A¹

¹Laboratorio A03. Departamento de Neurobiología del Desarrollo y Neurofisiología. Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Querétaro. ²Ingeniería Bioquímica. Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez. Tecnológico Nacional de México. ³Ingeniería Bioquímica. Instituto Tecnológico de Colima. Tecnológico Nacional de México. ⁴Ciencias Genómicas. Universidad de Sonora.

Deroceras laeve, es una babosa de jardín que actualmente está distribuida en todos los continentes excepto Antártida, incluyendo diversas regiones de México. Este gasterópodo es capaz de regenerar tentáculos oculares y orales, la cola, el manto y, en individuos juveniles, la región posterior al manto, incluyendo pared corporal, intestino y glándula digestiva. Además, individuos de esta especie pueden decrecer hasta un 40% de su talla corporal adulta por ayuno prolongado y recuperar su tamaño tras la realimentación, lo que sugiere la activación de vías de señalización clave asociadas con la regeneración y el control del crecimiento tisular. Recientemente se ha establecido cómo un modelo de estudio de la regeneración tisular mediante la caracterización del atlas anatómico, el ensamble y anotación del genoma, y la caracterización del microbioma de la pared corporal. En la primera etapa del proyecto se ensambló un transcriptoma de *D. laeve* a partir de tejidos amputados y controles, permitiendo identificar genes diferencialmente expresados, factores de transcripción y proteínas implicadas en vías de señalización clave (Wnt/ β -catenina, Hedgehog, Notch, FGF y TGF- β /BMP) y en procesos de proliferación, migración y diferenciación celular. Sin embargo, la identificación de estas vías podrían ser más evidentes en las primeras etapas del desarrollo embrionario, pero aún no se cuenta con descripción básica de este organismo. Por lo que el estudio y descripción de su desarrollo embrionario representa una oportunidad para descifrar elementos claves de la regeneración. Este trabajo se enfoca en la descripción de las etapas del desarrollo embrionario de *Deroceras laeve* y la evidencia de la expresión mediante hibridación con sondas específicas para elementos de vías de señalización relevantes para el desarrollo y la regeneración. Esto amplía la comprensión de la biología regenerativa y sienta las bases para el estudio profundo del desarrollo de este modelo de estudio.



Efecto de la diabetes gestacional sobre la diferenciación dopaminérgica

Hernández García R^{1,2}, Díaz Martínez NF¹, Molina Hernández A¹

¹Instituto Nacional de Perinatología Isidro Espinosa de los Reyes, Laboratorio de Células Troncales y Biología del Desarrollo, Departamento de Fisiología y Desarrollo Celular. ²Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

La diabetes gestacional (DG), definida como intolerancia a los carbohidratos iniciada o reconocida durante el embarazo, se asocia con déficits motores en la descendencia. Los ganglios basales, implicados en el control del movimiento voluntario y en funciones cognitivas, reciben inervación dopaminérgica de la sustancia negra parte compacta, localizada en el mesencéfalo ventral. El establecimiento de este sistema requiere la proliferación, diferenciación, migración y maduración de las neuronas dopaminérgicas durante el desarrollo embrionario. Los factores de transcripción Lmx1a y Pitx3 regulan su especificación, diferenciación y mantenimiento. Estas neuronas expresan tirosina hidroxilasa (TH), enzima limitante en la síntesis de dopamina y marcador de su fenotipo. En embriones de 14 días de ratas con diabetes inducida por estreptozotocina se ha descrito una disminución de células troncales neurales y progenitores intermedios, acompañada de un aumento de neuronas en el telencéfalo, lo que sugiere una desregulación de la neurogénesis cortical por la exposición a glucosa elevada. Sin embargo, se desconoce el efecto de la DG sobre la diferenciación dopaminérgica en el mesencéfalo fetal. El objetivo de este trabajo fue identificar cambios en la especificación y diferenciación dopaminérgica del mesencéfalo ventral de embriones de 12 y 14 días causados por la diabetes materna. Mediante Western blot e inmunofluorescencia se evaluaron la expresión de TH, Lmx1a y Pitx3, así como el número de células positivas para estos marcadores en embriones de ratas diabéticas y controles. Los resultados mostraron una disminución significativa de la proteína TH (~1,6 veces) en los embriones de 14 días del grupo diabético. Datos preliminares sugieren que esta reducción se relaciona con un menor número de neuronas TH-positivas en el mesencéfalo ventral, lo que podría contribuir a las alteraciones motoras observadas en la descendencia de madres diabéticas.



Remodelación de cromatina asociada a la respuesta al estrés térmico en dos cepas de *Aedes aegypti* con diferente termotolerancia

Hernández Neri Y¹, Recio Tótoro B², Lanz Mendoza H³, Claudio Piedras F³

¹Facultad de Biología, Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Cuernavaca, Morelos. México.

²Tecnología y Ciencia en Parasitología. Cuernavaca, Morelos. México. ³Centro de Investigaciones Sobre Enfermedades Infecciosas, Instituto Nacional de Salud Pública. Cuernavaca, Morelos. México.

Aedes aegypti es el principal vector de los virus del dengue, zika y chikungunya. Su alta plasticidad fenotípica le permite adaptarse a estresores ambientales, como temperaturas elevadas, insecticidas y desecación, favoreciendo el establecimiento de sus poblaciones y la transmisión viral. El incremento de la temperatura ambiental acorta el periodo de incubación extrínseco del virus del dengue, aumenta la supervivencia del mosquito, la frecuencia de picadura y la resistencia a insecticidas. Previamente demostramos que la exposición a olas de calor suprime la respuesta antiviral de *A. aegypti*, incrementa la metilación global del ARN y prolonga su supervivencia, aumentando su competencia vectorial para el virus del dengue. Asimismo, la infección viral induce cambios dinámicos en la expresión de genes implicados en la remodelación de cromatina y otros mecanismos epigenómicos durante etapas críticas de la infección. Comprender los mecanismos que regulan la respuesta al estrés térmico es esencial para predecir el impacto del calentamiento ambiental sobre la transmisión de arbovirus. En este estudio se seleccionaron, a lo largo de siete generaciones, dos cepas de *A. aegypti* con alta y baja tolerancia térmica mediante ensayos de knockdown térmico, supervivencia y evaluación de la capacidad locomotora y postural. Las cepas presentaron diferencias en el tiempo de desarrollo, la oviposición y el éxito de eclosión, evidenciando costos biológicos asociados con la termotolerancia. Además, se caracterizó la remodelación de cromatina inducida por estrés térmico en ambas cepas. En conjunto, los resultados preliminares sugieren que la termotolerancia constituye un rasgo fenotípico complejo asociado con mecanismos fisiológicos y epigenómicos capaces de modular la competencia vectorial de *A. aegypti* para el virus del dengue en escenarios de calentamiento ambiental.



La familia de genes *ARGONAUTA4* regulan la formación de los gametóforos y de los gametos en *Marchantia polymorpha*

Hernández-Vázquez AG¹, Aguilar-Cruz A¹, Dorantes-Acosta AE¹, Ishizaki K², Haseloff J³, Mosher RA⁴, Bowman JL⁵, Arteaga-Vázquez MA¹

¹Universidad Veracruzana, Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada (INBIOTECA), Avenida de las Culturas Veracruzanas 101, Colonia Emiliano Zapata 91090, Xalapa, Veracruz, México. ²Graduate School of Science, Kobe University, Hyogo 657-8501, Japan. ³Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, CB2 3EA, United Kingdom. ⁴Department of Biology, University of Oxford, Oxford, OX1 3EL, United Kingdom. ⁵School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne Victoria 3800, Australia.

Las proteínas ARGONAUTA (AGO) son componentes esenciales en las vías de silenciamiento génico. En las plantas, las proteínas AGO tienen la capacidad de unirse a RNAs pequeños para regular el desarrollo y la integridad genómica mediante el control de la actividad de elementos móviles del genoma denominados transposones. La vía de la metilación del DNA dirigida por RNA (RdDM) es la principal vía de regulación epigenética en las plantas. Un componente principal de la vía RdDM es el gen *AGO4* y el genoma de la planta basal *Marchantia polymorpha* posee dos genes *AGO4*, cuya expresión se encuentra altamente enriquecida en tejido reproductivo. Para estudiar la función de los genes *MpAGO4a* y *MpAGO4b*, generamos alelos por pérdida de la función empleando la herramienta de edición genómica CRISPR-Cas9. En el alelo macho *Mpago4a*, los anteridióforos son más pequeños, sus lóbulos se curvan hacia abajo y los anteridios se forman fuera de las estructuras reproductivas. El alelo macho *Mpago4b* presenta un fenotipo similar, pero, además, debajo de las estructuras se forman talos ectópicos en los cuales se forman nuevas estructuras reproductivas. En el alelo hembra *Mpago4a*, los arquegonióforos son más pequeños y las células huevo presentan alteraciones en el desarrollo. En contraste, el alelo hembra *Mpago4b*, no presenta defectos evidentes. Nuestros datos indican que ambos genes *MpAGO4* son importantes en el desarrollo reproductivo de *M. polymorpha*, pero mientras que la función de *MpAGO4b* es específica de los machos, *MpAGO4a* regula la formación de los gametóforos y de los gametos tanto hembra como macho.



Análisis funcional de un miembro no caracterizado de la familia de factores de transcripción AP2/ERF en *Arabidopsis thaliana*

Jiménez-Jiménez H¹, Morales-Melo M¹, Miravel-Gabriel CB¹, Hernández-Hernández T², Durán-Medina Y, Marsch-Martínez N¹

¹Departamento de Biotecnología y Bioquímica, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav), Km 9,6 Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, Irapuato, Guanajuato, México. ²Jardín Botánico del Desierto, 1201 N. Galvin Parkway, Phoenix, Arizona, Estados Unidos.

Al menos 1,533 reguladores transcripcionales se han identificado en el genoma de *Arabidopsis thaliana*, lo que representa aproximadamente el 5,9 % del número total estimado de genes. Los factores de transcripción (FT) pertenecientes a la superfamilia APETALA2/Factores de respuesta a etileno (AP2/ERF) regulan numerosos procesos biológicos; como el crecimiento, el desarrollo de nuevos órganos, las respuestas hormonales y al estrés. *DORNROSCHE* (*DRN/ESR1*), *PUCHI*, *LEAFY PETIOLE* (*LEP*) y *BOLITA* (*BOL/DRNL/ESR2*) pertenecen a la subfamilia VIII-B de los FT's AP2/ERF y se han identificado como reguladores del desarrollo de órganos aéreos. Sin embargo, la subfamilia VIII-B incluye otros miembros que, hasta la fecha, no han sido caracterizados funcionalmente. Por lo tanto, el objetivo de este estudio es utilizar la genética reversa para elucidar la función de uno de estos genes —cuya función aún se desconoce— en el desarrollo de las plantas de *Arabidopsis thaliana*. Con este fin, se generaron líneas de sobreexpresión, de pérdida de función (mediante CRISPR-Cas9), marcadoras e hibridación *in situ*. Este trabajo aún está en curso; sin embargo, los fenotipos observados en los análisis iniciales de las líneas de sobreexpresión y de pérdida de función sugieren que el gen podría regular procesos de desarrollo reproductivo (número de órganos florales), pero sobre todo el desarrollo de estambres cortos y polen. Aunado a esto, los análisis de la línea reportera y la hibridación *in situ* mostraron que el gen se expresa en estos órganos. Los resultados y análisis más recientemente serán presentados.



Regulación transcripcional por FOXP2 en la corticogénesis temprana de embriones expuestos a alta glucosa: Mecanismo y Función

López Hernández MA, Díaz Néstor F, Molina Hernández A

Instituto Nacional de Perinatología Isidro Espinosa de los Reyes, Laboratorio de Células Troncales y Biología del Desarrollo, Departamento de Fisiología y Desarrollo Celular.

El modelo de diabetes materna inducida por estreptozotocina (STZ) muestra una neurogénesis cortical adelantada y alteraciones en la proliferación de las células troncales neurales (CTN) en embriones de rata y ratón. La transición de CTN a progenitores intermedios (PI), regulada por *Foxp2*, es esencial para la neurogénesis. En el telencéfalo dorsal de embriones de rata diabética, *Foxp2* presenta mayor expresión y localización nuclear en la zona ventricular; estos efectos disminuyen al bloquear el receptor de histamina tipo 1 (RH1), acoplado a proteínas *Gαq/11*, cuya señalización activa principalmente las proteínas quinasa C clásicas. Esto sugiere que una mayor fosforilación de *Foxp2* por PKC podría favorecer la transición prematura de CTN a PI. Resultados preliminares sobre el aumento de la expresión de PKC α y PKC δ respaldan su posible participación en la acumulación nuclear de *Foxp2*. Debido a que resultados preliminares señalan la participación de PKC α , el objetivo fue descartar la intervención de PKC δ y de otras quinastas activadas río abajo de PKC α que pudieran tener como blanco a *Foxp2* en el telencéfalo dorsal de embriones de 12 días. Mediante Western blot se evaluaron la PKC δ total y su forma activa, fosforilada en Ser664. La ausencia de diferencias entre los grupos permitió descartar su participación. Además, mediante inmunofluorescencia se estudiaron otras quinastas río abajo de PKC α utilizando embriones *ex vivo* expuestos a AFN-941 (3 μ M), inhibidor que actúa sobre receptores tirosina quinasa y la vía JAK/STAT, AKT1/2 y ERK1/2. En embriones de ratas diabéticas, el tratamiento con AFN-941 durante 30 segundos, 1, 5 o 15 minutos disminuyó significativamente la señal nuclear de *Foxp2*. El efecto máximo se observó al minuto, aunque sin alcanzar el nivel del grupo control. En conjunto con datos no publicados, estos resultados sugieren que el aumento nuclear de *Foxp2* en las CTN está mediado principalmente por la fosforilación directa de *Foxp2* por PKC α .



Efectos en la metilación del ADN durante la regeneración de la cola en la babosa terrestre *Deroceras laeve*

López Téllez R¹, Gutiérrez Sarmiento W¹, Trejo Arellano MS², Brito Domínguez DA¹, Varela Echavarría A¹, Miranda Rodríguez JR¹

¹Departamento de Neurobiología del Desarrollo y Neurofisiología, Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México, Juriquilla, Querétaro, 76230, México. ²Institute of Science and Technology Austria (ISTA), Klosterneuburg, 3400, Austria.

La metilación del ADN es un mecanismo epigenético que modula la plasticidad y la identidad celular durante el desarrollo en vertebrados; sin embargo, su contribución al panorama epigenético de los invertebrados sigue poco caracterizada en varios contextos. Esto es particularmente importante en la regeneración, donde las células proliferan y cambian su estado basal para volver a formar estructuras, lo que hace de la epigenética un mecanismo candidato para entender los mecanismos moleculares y las vías de señalización que se afectan en la transcripción. En este estudio analizamos la regeneración del gasterópodo terrestre *Deroceras laeve*, una especie con altas capacidades regenerativas. Aquí presentamos un análisis epigenético y transcriptómico de la regeneración de la cola de *D. laeve*, en el que caracterizamos la formación del blastema temprano mediante secuenciación bisulfito de genoma completo y RNA-seq, y estudiamos los genes y las regiones genómicas (promotores, exones, intrones, transposones) afectadas por la metilación. Identificamos 17,738 posiciones diferencialmente metiladas y 1,457 regiones diferencialmente metiladas. A su vez, hicimos un análisis de los genes y las rutas asociadas con estas regiones, donde hallamos enriquecimiento de reguladores de filamentos de actina, polímeros supramoleculares y la vía Wnt. La metilación diferencial se concentra además en módulos de co-expresión enriquecidos en señalización, organización ciliar, metabolismo de tirosina a melanina y función inmune, y empobrecidos en metabolismo oxidativo y componentes de la membrana plasmática. *D. laeve* es un gasterópodo que regenera varios órganos y, aunque esta capacidad se ha documentado en otras especies, aún no se entiende cómo operan sus mecanismos ni se ha estudiado los mecanismos de la regeneración en moluscos siendo algo novedoso y con respuestas por resolver.



Patrones diferenciales de expresión y metilación en los genes Piezo sugieren diferentes funciones en el limaco o babosa terrestre *Deroceras laeve*

Lozano Flores C¹, Cornelio Martínez S¹, Brito Domínguez D¹, Gutiérrez Sarmiento W¹, Pimentel Domínguez R², Benítez Arteaga A¹, Torres Barrera A¹, Martínez Cabrera G¹, Ávila R², Miranda Rodríguez J¹, Varela Echavarría A¹

¹Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). ²Centro de Física Aplicada y Tecnología Avanzada, UNAM.

El gene Piezo codifica un canal mecanosensible que tiene importantes funciones durante la formación del sistema cardiovascular o como parte de las membranas de células del sistema nervioso central. Genes Piezo están presentes en monocopia en diferentes organismos, desde plantas, hongos y protozoarios hasta metazoarios. En vertebrados, en cambio, ocurrió una duplicación de este gene, dando origen a los genes identificados como Piezo1 y Piezo2. En moluscos, el segundo grupo de animales más abundante en número de especies, la historia y función de los genes Piezo no ha sido estudiada hasta ahora. En nuestro grupo obtuvimos evidencia que revela que en el gasterópodo terrestre *Deroceras laeve* una duplicación independiente de Piezo1 dio lugar a Piezo1a y Piezo1b, localizados en los cromosomas 16 y 5, respectivamente. Analizando datos transcriptómicos encontramos también que Piezo1b se expresa exclusivamente en ovotestis, mientras que Piezo1a se expresa a diferentes niveles en diversos tejidos. En paralelo, en la cola observamos que su regulación epigenómica es divergente: mientras que la metilación CpG de Piezo1a ocurre río arriba del inicio de transcripción, en Piezo1b está exclusivamente dentro del cuerpo del gene. Los patrones de metilación diferentes de ambos genes podrían explicar la expresión diferencial observada en diversos tejidos y estar relacionados a diferentes funciones en este limaco.



Efecto antiproliferativo *in vitro* del yodo molecular y su impacto sobre la capacidad de implantación de células de meduloblastoma D283Med en el modelo de pez cebra

Luna Baeza R, Orizaga Osti G, Delgado González E, Anguiano B, Aceves, C

Laboratorio de Metabolismo Energético, Instituto de Neurobiología, UNAM-Juriquilla.

El meduloblastoma es un tumor de origen embrionario del cerebelo y constituye el cáncer cerebral infantil de mayor incidencia. La línea celular D283Med representa un modelo de meduloblastoma de alta agresividad, caracterizada por la sobreexpresión del oncogén NMYC, asociado a procesos de invasión y quimiorresistencia. Está descrito que la invasión tejido-específica, también conocida como *homing*, es un proceso mediado por señales bidireccionales entre las células cancerosas y el microambiente pre-metastásico. Se han asociado genes que participan en esta especificidad relacionados con troncalidad, que favorecen la migración, quimiorresistencia y supervivencia. El yodo molecular (I_2) ha demostrado ejercer efectos antiproliferativos y de diferenciación en diversas células cancerosas. De particular interés, en la línea celular de neuroblastoma SK-N-BE, un cáncer pediátrico de origen neural, se ha reportado que reduce la expresión de NMYC, así como la capacidad de implantación y migración caudal en xenotrasplantes de pez cebra (*Danio rerio*). En este trabajo se reporta por primera vez que la línea celular de meduloblastoma D283Med es sensible al suplemento de I_2 , con una IC50 de 208 μ M a las 48 horas. Empleando el modelo de *homing*, se inyectaron ca 250 células control y pretratadas (48 horas) con 200 μ M de I_2 en el polo animal de blástulas de pez cebra. Las células control implantadas (80%) mostraron una migración selectiva hacia la cabeza lo que corrobora su linaje neural. En contraste, las células pretratadas mostraron una importante disminución (54%) en su capacidad de implantación y una pérdida de migración selectiva hacia la región cefálica. Estos datos preliminares sugieren que el suplemento de I_2 posiblemente genera un remodelamiento genético en las células de meduloblastoma sobrevivientes, comprometiendo su capacidad de implantación y orientación hacia sitios específicos. Los análisis moleculares asociados a dichas modificaciones se encuentran en curso.



Formación de condensados biomoleculares en la gónada de *C. elegans* durante el envejecimiento reproductivo

Luna-Domínguez E, Ramírez-Ramírez V, Zurita-León M, Navarro RE

Departamento de Biología Celular y Desarrollo, Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México.

C. elegans es un modelo idóneo para estudiar el envejecimiento debido a su ciclo de vida corto (15-20 días) ya que cesa su reproducción hacia el quinto o sexto día de la adultez. Durante este proceso disminuye el nicho de células troncales, se ralentiza la meiosis, se altera la morfología de la gónada y disminuye la calidad de los ovocitos. Aunque en el soma se ha descrito la formación patológica de agregados proteicos asociada al envejecimiento, este fenómeno no se ha reportado en la línea germinal. Por ello, investigamos si durante el envejecimiento se forman agregados en la gónada. Los condensados biomoleculares son estructuras dinámicas compuestas por RNA mensajeros y proteínas que pueden tener propiedades líquidas. Para evaluar su formación, analizamos mediante microscopía gónadas de animales que expresan proteínas reporteras entre los días 5 y 10 de la adultez. A partir del tercer día, las gónadas presentaron condensados tipo cuerpos de procesamiento (P-bodies), los cuales almacenan RNA y proteínas implicadas en su degradación. Al fotoblanquear estos condensados con un láser no recuperaron la fluorescencia, lo que implica que tiene propiedades menos líquidas y esto tiene implicaciones en la dinámica de sus componentes. Dado que las helicasas de RNA de la familia DEAD-box son reguladoras clave de la formación y dinámica de los condensados, estamos realizando un escrutinio mediante interferencia de RNA para determinar su papel en los agregados que aparecen durante el envejecimiento. Hemos identificado varias helicasas cuyo silenciamiento modifica el tamaño y distribución de estos condensados. En conjunto, estos resultados muestran que durante el envejecimiento reproductivo se forman condensados en la gónada. Además, sugieren que las helicasas de RNA podrían participar en este proceso proporcionando posibles mecanismos que involucran a los condensados en el deterioro de la función reproductiva.



Desarrollo embrionario de *Physella acuta*, potencial modelo para el estudio de la cardiogénesis

Luna Fernández J, Arellano Carbajal F

Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro. Querétaro, México.

Physella acuta (Draparnaud, 1805), es un caracol dulceacuícola de origen neártico, que dada su alta tolerancia a diversas condiciones ambientales se ha convertido en una especie invasora con presencia en todos los continentes, con excepción de la Antártida. Es un potencial modelo biológico dada su capacidad para reproducirse rápidamente, la transparencia de sus tejidos durante el desarrollo embrionario, y sus antecedentes de uso comercial en la acuicultura, siendo fácilmente cultivable. Los moluscos son de interés para el estudio de la cardiogénesis ya que constituyen el grupo más basal con un corazón compartimentado, en respectivas aurícula y ventrículo. Con vistas de establecer la especie como modelo de estudio para este fenómeno, se documentó por completo su desarrollo, identificando la zona donde ocurre la formación del corazón, así como el tiempo promedio en que comienza este proceso. Se seleccionó el factor de transcripción *nkx2.5*, importante en otros animales para el inicio de la diferenciación de células cardíacas y activo también en la compartimentación del órgano para elaborar una filogenia, así como crear un modelo 3D de su producto en este molusco. Se presentan como resultados preliminares, puesto que se espera llevar a cabo un estudio más completo de dinámica de expresión del gen, con PCR con retrotranscripción para indicar etapas en las que se encuentra activo, aportando información para futuros estudios evolutivos y de desarrollo de un órgano tan importante como lo es el corazón.



El ortólogo de ATRX en *Drosophila*, dAdd1, regula la actividad de elementos tipo insulador en la cromatina

Magaña-Acosta M^{1,#}, Torres A^{1,2,#}, Arzate R³, Meyer-Nava S⁴, Recillas-Targa F³, Zurita M¹, Corces V⁵, Valadez-Graham V¹

¹Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México. Campus Morelos. Av. Universidad 2001, CP 62210, Cuernavaca, Morelos, México. ²Department of Anatomy, Biochemistry, and Physiology, John A. Burns School of Medicine, University of Hawai'i at Mānoa in Honolulu, Hawaii 96822. ³Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México. ⁴Department of Diagnostic and Biological Sciences, University of Minnesota. 515 Delaware St, Minnesota, USA. ⁵Department of Human Genetics, Emory University School of Medicine, GA, Atlanta, USA. #Co-autores.

Diversos estudios han demostrado que los complejos remodeladores de la cromatina (CRCs) actúan junto con las proteínas arquitectónicas (APs) para regular la arquitectura de la cromatina impactando diversos procesos celulares. En este estudio, encontramos que dAdd1, un ortólogo de la proteína humana ATRX, interactúa con miembros del complejo insulador SU-CHM {formado por las proteínas arquitectónicas Su-(Hw), CP190 y Mod(Mdg4)} modulando sus funciones en la cromatina. Mediante análisis genómicos, determinamos que las proteínas dAdd1 co-localizan en numerosos sitios del genoma con múltiples APs, incluidas Mod(mdg4), Su(Hw), CP190 y CTCF, lo que sugiere una red reguladora coordinada entre estos factores. El análisis de interacciones físicas y genéticas utilizando cepas mutantes en *dadd1* y *mod(mdg4)* mostró que las proteínas dAdd1 actúan regulando la actividad aisladora del complejo SU-CHM. De manera importante, ensayos de accesibilidad genómica confirmaron que la pérdida de las proteínas dAdd1 cambia la accesibilidad de varios retrotransposones, uno de ellos *Gypsy* quien tiene sitios de unión para el complejo SU-CHM y actúa como un elemento con actividad insulador. Nuestros resultados indican que las actividades de formación y mantenimiento de la heterocromatina mediadas por dAdd1 contribuyen a la modulación de la actividad de elementos tipo insulador y revelan una nueva vía de regulación de los mismos en la cromatina.



Caracterización de regiones *cis*-reguladoras asociadas con la compensación de dosis durante el desarrollo embrionario de *Drosophila*

Martínez Coronel XL, Cruz Montoya KY, Recillas Targa F, Garza Manero SP

Departamento de Genética Molecular, Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

La evolución de los cromosomas sexuales generó diferencias en la dosis génica entre los sexos. En especies con un sistema XY, los machos poseen un único cromosoma X, mientras que las hembras tienen dos, por lo que resultan necesarios mecanismos moleculares que equilibren la expresión de los genes de este cromosoma. En *Drosophila melanogaster*, este proceso depende del complejo male-specific lethal (MSL), que reconoce al cromosoma X de los machos e hiperactiva su transcripción mediante la acetilación de la lisina 16 de la histona H4 (H4K16ac). El complejo MSL reconoce sitios de alta afinidad (HAS) y posteriormente se propaga hacia regiones transcripcionalmente activas. Sin embargo, la compensación de dosis no se establece de manera simultánea en todo el cromosoma, y se desconoce cómo el complejo MSL reconoce y regula loci cuya expresión es dinámica durante el desarrollo. Este proyecto tiene como objetivo identificar elementos *cis*-reguladores que contribuyan al reclutamiento del complejo MSL en loci específicos durante la embriogénesis de *Drosophila*. Para ello, integramos datos de ATAC-seq con perfiles epigenómicos de embriones machos y hembras colectados entre las 10 y 12 horas de desarrollo. Analizamos la localización de MSL2 junto con el enriquecimiento de H4K16ac, modificaciones de histonas asociadas con la transcripción activa y la ocupación de la ARN polimerasa II. Los análisis preliminares sugieren que esta estrategia permite priorizar de manera sistemática regiones candidatas para su posterior caracterización. Al incorporar datos de expresión génica e interacciones tridimensionales de la cromatina, buscamos determinar si estos elementos *cis*-reguladores son blanco del complejo MSL y contribuyen a modular dinámicamente la expresión génica en el contexto de la compensación de dosis.



Efecto de la obesidad en el músculo esquelético con relación al sistema apelinérgico en modelo de ratas hembra Wistar envejecidas

Martínez-Damas MG¹, Fernández-Valverde F², Reyes-Castro LA³, Coral-Vázquez RM⁴, García-Mata D¹, Cano-Martínez JL⁴, Vélez-Caballero S⁴, Prieto-Ibañez V³, Zambrano E³, Canto P¹

¹Unidad de Investigación en Obesidad, Facultad de Medicina, UNAM & Subdirección de Investigación Clínica, Dirección de Investigación, INCMN “Salvador Zubirán”, CDMX, México. ²Laboratorio de Patología Experimental, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía “Manuel Velasco Suárez”, CDMX, Mexico. ³Departamento de Biología de Reproducción, INCMN “Salvador Zubirán”, CDMX, México. ⁴Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, IPN, CDMX, México.

La obesidad es la acumulación excesiva de grasa corporal y representa un riesgo significativo para la salud. Se considera que aumenta el riesgo a enfermedades cardiovasculares, metabólicas y deterioro muscular. El músculo esquelético está conformado principalmente por dos tipos de fibras: pero en ciertas condiciones de enfermedad o envejecimiento se ha asociado a un recambio en la proporción de ellas. Para apelina (Apln) y su receptor (Aplnr) se le ha propuesto una vía reguladora a través del factor de transcripción del dominio TEA 1 (TEAD1) y el cofactor YAP (proteína asociada a Yes) en el músculo. El objetivo fue estudiar a nivel histológico los cambios que impacta en los músculos (sóleo, gastrocnemio y EDL) y describir el papel de TEAD1 en la regulación de Apln en ratas hembras envejecidas con una dieta alta en grasas (HFD). Se analizaron ratas Wistar hembras de 650 días de edad, distribuidas en 2 grupos: Control (Ctrl, n=7) y Obeso (Ob, n=7). El grupo Ctrl recibió una dieta comercial con valor energético de 4.0 kcal/g y el grupo Ob fue alimentado con HFD con un valor energético de 4.9 kcal/g, ambos grupos recibieron sus dietas a partir del día 21 hasta el día 650. Se recolectaron los músculos Sol, Ga y Edl para su procesamiento histológico con tinciones de H&E, ATPasa (pH 9.4) y negro sudán. Se capturaron imágenes de secciones transversales y se analizaron con el software AxioVision. El análisis estadístico se empleó GraphPad Prism 9.0. Nuestros resultados fueron que en el grupo Ob presentaron un aumento del depósito de lípidos en los músculos Sol y Edl con respecto al grupo Ctrl. Se encontró un aumento del área de las fibras del Sol y Edl. No observamos cambios significativos en el músculo Ga. En el análisis de tipo de fibras no se encontraron diferencias significativas entre los grupos Ctrl y Ob. En los niveles de Apln disminuyen en el músculo Ga del grupo Ob y no se observó un aumento en los niveles de Aplnr en ninguno de los músculos. Además, no encontramos una relación significativa entre los niveles de Yap-Tead1 y la modulación de Apln. Los niveles de proteína apelina difieren entre los músculos esqueléticos, lo que sugiere una regulación específica de los niveles de Apln en función del estado metabólico.



Efecto de antioxidantes en embriones peri-implantacionales de ratón cultivados *in vitro*

Martínez Hernández MG, Baiza Gutman LA

Unidad de Morfología y Función de la Facultad de Estudios Profesionales Iztacala, UNAM

La implantación y la invasión del trofoblasto son procesos críticos para el establecimiento del embarazo, donde la madre como el embrión contribuyen al diálogo molecular y coordinado para una implantación exitosa. Conocer estos mecanismos permite entender problemas de infertilidad relacionados con fallas durante estos eventos. En la diabetes gestacional estos procesos pueden ser afectada debido a cambios en el ambiente uterino favoreciendo complicaciones tempranas del embarazo. Durante estos procesos se generan especies reactivas de oxígeno (ROS) de forma equilibrada, pero su desequilibrio puede afectar la capacidad invasiva del trofoblasto. Nuestro objetivo fue establecer el efecto de antioxidantes en blastocistos peri-implantacionales en un medio hiperglucémico. Al cuarto día de fertilización se obtuvieron los blastocistos, fueron cultivados en medio MEM suplementado con antibióticos, albumina de bovino (BSA), durante los días 4-9 de gestación en presencia de glucosa a 30 mM de glucosa, apocinina o mito-tempo siguiendo su crecimiento, al día 9 se evaluó el área de extensión y número de núcleos, en presencia de suero fetal de bovino, del medio condicionado del día 8 se realizó una zimografía de geles copolimerizados con gelatina. El crecimiento del trofoblasto en BSA en presencia de glucosa se favorece ligeramente con respecto al medio normoglucémico, observando una diferenciación mayor con respecto a apocinina y mito-tempo, se observa una disminución de la MMP-9 en presencia de apocinina, dependiendo del día de gestación, Al día 9 en presencia de suero la extensión y el número de núcleos fue favorecida, pero menor en presencia de antioxidantes. Conclusión La hiperglucemia favorece un crecimiento limitado en un medio no adherente que en presencia de suero y en presencia de antioxidantes es menor, tanto su extensión como su número de núcleos posiblemente por la disminución de especies reactivas de oxígeno por la NADPH-oxidasa.



Apocinina en células HTR-8/SVneo en un medio hiperglucémico

Martínez Hernández MG, Figueroa Hernández C, Baiza Gutman LA

Laboratorio de Biología del Desarrollo de la Unidad de Morfología y Función FES-Iztacala.

Las células del trofoblasto humano se diferencian en el primer trimestre del embarazo e inician la invasión del endometrio. De ellas deriva la línea celular HTR-8/SVneo, la que nos permite estudiar como se regulan los cambios que experimenta el trofoblasto intermedio durante su interacción con el estroma endometrial y el endotelio vascular para el establecimiento de la placenta en condiciones normales y patológicas. Cualquier falla en el proceso conduce a alteraciones en el desarrollo de la placenta y del desarrollo. La diabetes mellitus gestacional conduce mayor crecimiento de la placenta e incluso a alteraciones de la morfogénesis embrionaria. Nuestro objetivo fue determinar el efecto de un medio hiperglucémico en células HTR-8/SVneo en presencia de un inhibidor de la NADPH-oxidasa, como es la apocinina. Las células HTR-8/SVneo, se cultivaron en medio DMEM/F12 con concentraciones de glucosa normal (5.6 mM) e hiperglicémicas (30 mM), exponiéndolas a diferentes concentraciones de apocinina, (0, 20, 30 y 40 mM). La capacidad de migración de las células se analizó mediante el ensayo de cicatrización de herida en placas de cultivo de 24 pozos. Se evaluó la viabilidad con la técnica de MMT, así como la presencia de metaloproteinasas de matriz (MMPs) por zimografía en geles de poliacrilamida-SDS copolimerizados con gelatina. Se observó que un medio hiperglucémico favorece el crecimiento de la población celular, la migración y la secreción de MMP9 comparando con cultivos en un medio normoglucémico. Lo que se previno por la apocinina de manera dependiente de la concentración, llegando a valores más bajos que el control normoglucémico a las concentraciones más altas de apocinina. La proliferación celular, migración y secreción de MMP9 en las HTR-8/SVneo depende de la producción de especies reactivas de oxígeno por la NADPH-oxidasa.



Desarrollo de un anticuerpo policlonal como marcador de la especificación y destino celular en meristemas de *Hordeum vulgare*

Martínez Morales GS¹, Romo Arenas OE², Demesa Arévalo E²

¹Universidad de Guanajuato, Campus Celaya-Salvatierra (Guanajuato, México). ²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Unidad Irapuato (Guanajuato México).

El desarrollo de la arquitectura en la inflorescencia de cebada (*Hordeum vulgare*) esta mediada por la actividad meristemática. El meristemo de inflorescencia (IM) de la cebada presenta un gradiente de desarrollo complejo en donde el meristemo apical del brote (SAM) forma un IM durante la transición de la fase vegetativa a la reproductiva; el IM genera los meristemas triple de la espiguilla (TSM), que dará origen al meristemo central de la espiguilla (CSM) y a dos meristemas laterales de la espiguilla (LSM), los precursores del meristemo floral (FM) y finalmente las flores maduras. Por otro lado, se sabe que la fertilidad de los LSM y la determinación del TSM están regulados por el factor de transcripción (FT) VRS4 (Six-rowed spike4) y presenta una expresión temprana en células fundadoras en el IM. El uso de marcadores moleculares representa una herramienta poderosa para el estudio del desarrollo de inflorescencias en cereales; por ejemplo, anticuerpos específicos para la detección de proteínas clave en la especificación de meristemas y dilucidar su patrón de localización nativa. Así pues, el desarrollo de un anticuerpo específico para la detección de VRS4 resulta relevante para el estudio de la especificación y destino celular en la espiga en desarrollo de cebada, pues podría contribuir, además, a la identificación de poblaciones celulares donde sea probable que este FT pueda tener un papel relevante en estos procesos.



La “oxitocina de las hormigas” en el ovario: su posible papel en la plasticidad ovárica

Mendizabal-Blancas M, Otero-Díaz B, Vergara-Martínez F, Guerra-Sandoval D, Zavaleta-Zamora C, Fetter-Pruneda I

Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Ciudad de México, México.

La plasticidad reproductiva de los insectos sociales requiere coordinar señales nerviosas con la activación y el desarrollo del ovario. La inotocina, un neuropéptido homólogo a la oxitocina/vasopresina, se ha relacionado principalmente con el forrajeo en hormigas; sin embargo, su participación en la maduración ovárica permanece poco explorada. La hormiga clonal, *Ooceraea biroi*, presenta un ciclo reproductivo bifásico en el que las obreras alternan de manera sincronizada entre una fase reproductiva y una fase de forrajeo, lo que permite estudiar los mecanismos que regulan la plasticidad ovárica. Mediante inmunofluorescencia y microscopía confocal, analizamos la morfología ovárica así como la presencia de inotocina en cerebro y ovario de hormigas en fase reproductiva y en fase de forrajeo, tanto en hormigas realizando tareas de cuidado como en las que se encontraban forrajereando activamente. Las hormigas reproductivas presentaron folículos de mayor tamaño y ovariolas con tendencia a ser más largas que las hormigas en fase de forrajeo, lo que refleja la activación cíclica del ovario. Asimismo, corroboramos la presencia de inotocina en un par de células de la zona subesofágica del cerebro y, de manera destacada, encontramos que está presente tanto en los ovocitos en desarrollo como en las células nodrizas. La señal fue mayor en los ovarios de hormigas reproductivas que en los de cuidadoras ($p < 0.0001$) y forrajeras ($p = 0.007$), mientras que en el cerebro no se detectaron diferencias entre fases ($p > 0.99$) o tareas ($p > 0.82$). Estos resultados asocian la inotocina con el estado reproductivo y sugieren su posible participación en la activación ovárica y la maduración del ovocito. Para evaluar la influencia de la edad, realizamos otro experimento con colonias de hormigas jóvenes y viejas en condiciones reproductivas y no reproductivas. El análisis permitirá distinguir los efectos de la edad, el estado reproductivo y su interacción sobre la inotocina en cerebro y ovario.



El papel de las helicasas de RNA de la familia DEAD-box en la regulación de los gránulos de RNA durante la ovogénesis en la gónada del *Caenorhabditis elegans*

Navarro González RE, Isaza Orozco A

Departamento de Biología Celular y Desarrollo, Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). México.

Los gránulos de RNA son condensados biomoleculares sin membrana que participan en la regulación postranscripcional del RNA mensajero y desempeñan un papel esencial en la adaptación celular al estrés. Alteraciones en su ensamblaje, composición y dinámica se han asociado con enfermedades neurodegenerativas, cáncer y otros trastornos relacionados con la pérdida de la homeostasis celular. Aunque se ha descrito la participación de algunas helicasas de RNA de la familia DEAD-box en estos procesos, los mecanismos mediante los cuales regulan la organización y las propiedades de los gránulos de RNA permanecen poco comprendidos. El presente proyecto tiene como objetivo investigar la función de las helicasas en la respuesta al choque térmico, utilizando la gónada de *Caenorhabditis elegans* como modelo experimental. Para ello, se empleará el silenciamiento mediante RNA de interferencia en la cepa GFP::GLA-3xGTBP-1::mCherry (que lleva un doble marcador de gránulos de estrés y *P-bodies*), seguido de microscopía de fluorescencia para evaluar los cambios en la morfología de la gónada, la distribución y la dinámica de los gránulos de estrés y de los cuerpos de procesamiento (*P-bodies*). Se silenciarán helicasas DEAD-box con el propósito de entender su papel en la formación de condensados biomoleculares y establecer su contribución a la respuesta celular frente al choque de calor. Se espera que este trabajo permita ampliar el conocimiento sobre los mecanismos que controlan la organización de los gránulos de RNA y proporcione información relevante sobre procesos celulares conservados implicados en el mantenimiento de la homeostasis del RNA, con posibles implicaciones para el estudio de enfermedades humanas asociadas a la desregulación de condensados ribonucleoproteicos.



Evaluación de la senescencia celular y de los rasgos histomorfométricos en la región auricular de ratones progeroides

Núñez Gómez AZN¹, Acosta García MC¹, Jiménez Gutiérrez GE², Abarca Buis RF²

¹Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa. ²Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra.

La senescencia celular transitoria es un evento clave en la regeneración de estructuras complejas en vertebrados inferiores (aleta del pez cebra y la extremidad de los ajolotes). Sin embargo, se desconoce su contribución en la regeneración en mamíferos. La perforación de la oreja del ratón en etapa posnatal temprana es un modelo para estudiar la regeneración de estructuras compuestas de múltiples tejidos. Para conocer la función de la senescencia en la regeneración de la oreja del ratón se requiere en primer lugar de reconocer la presencia de las células senescentes en este sistema. Debido a que los ratones progeroides son un paradigma para estudiar la senescencia, en este trabajo se evaluaron rasgos asociados a este proceso en la oreja de ratones progeroides. Para ello, Se realizaron criocortes transversales de orejas de ratones progeroides y orejas controles. Se realizaron tinciones de H&E y tricrómica de Masson y, se evaluó la actividad de la β -galactosidasa y los niveles de expresión de la lámina B1 para la identificación de la senescencia celular. Las tinciones histológicas mostraron que los tejidos progeroides presentaron adelgazamiento epidérmico una mayor compactación y aumento de las fibras de colágena. La inmunofluorescencia para Lamina B1 mostró una distribución limitada en la epidermis y en los folículos pilosos tanto en los ratones progeroides como controles, sin embargo, los niveles de expresión fueron significativamente menores en los ratones progeroides. La actividad de la β -galactosidasa se asoció a ciertas unidades pilosebáceas en ambos grupos sin encontrar diferencias. Estos análisis confirmaron que, aunque las orejas de los ratones progeroides presentan rasgos senescentes, la actividad de la β -galactosidasa y la distribución de la lámina B1 no son suficientes para identificar a las células senescentes individuales en la oreja del ratón.



Identidad de células MMC-like y su potencial apospórico en el óvulo de *Arabidopsis thaliana*

Núñez Valenzuela JC, Vielle Calzada JP

Grupo de Desarrollo Reproductivo y Apomixis, Unidad de Genómica Avanzada Laboratorio Nacional de Genómica Para la Biodiversidad, Cinvestav Irapuato, Guanajuato. CP36825, México.

La especificación de la célula madre de la megáspora (MMC) marca el inicio del linaje germinal femenino en plantas con flor; no obstante, los mecanismos que restringen la identidad gametofítica a una única célula siguen siendo poco conocidos. En *Arabidopsis thaliana*, la pérdida de función de AGO9 provoca la aparición de múltiples células MMC-like ectópicas en el primordio ovular. Sin embargo, se desconoce tanto su destino como su potencial apospórico, es decir, la capacidad de originar un gametofito sin meiosis. Para abordar esta cuestión, combinamos tres enfoques: la caracterización de la identidad celular mediante marcadores genéticos, la modulación dirigida de la expresión génica por edición CRISPR-Cas9 del promotor de AGO9 para identificar fenotipos neomórficos, y la expresión de efectores del ciclo celular para inducir el desarrollo gametofítico en estas células. Nuestros resultados preliminares indican que las células MMC-like ectópicas no alteran la expresión de marcadores de desarrollo gametofítico femenino, lo que sugiere que permanecen arrestadas en una etapa temprana de especificación. Para profundizar en su potencial de desarrollo, examinamos la contribución del ciclo celular somático utilizando la línea PLACCI (Plant Cell Cycle Indicator), cuya expresión en las células MMC-like revela actividad de síntesis de ADN. Paralelamente, generamos una construcción CRISPR-Cas9 destinada a editar el promotor de AGO9 en fondo silvestre, con el objetivo de obtener variantes alélicas que faciliten la detección de fenotipos neomórficos vinculados al desarrollo del gametofito. En conjunto, este trabajo consolida la mutante *ago9* como una herramienta idónea para diseccionar los mecanismos que restringen la gametogénesis mitótica, y ofrece un marco experimental integral que abarca desde el análisis *in vivo* de la dinámica del ciclo celular hasta la edición dirigida de promotores para descifrar las bases moleculares del potencial apospórico en *Arabidopsis*.



MpVAL regula la diferenciación celular durante la reproducción vegetativa asexual en *Marchantia polymorpha*

Oltehua-López O, Agreda-Laguna KA, León Mejía P

Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico

Las transiciones del desarrollo en angiospermas, como la germinación, el cambio de la fase vegetativa a la adulta y la transición floral, son procesos regulados por redes de expresión génica y señales ambientales. El establecimiento de nuevos programas transcripcionales durante estas transiciones depende de reguladores capaces de activar o reprimir conjuntos específicos de genes. Entre ellos, el represor transcripcional VIVIPAROUS1/ABI3-LIKE (VAL) actúa como un interruptor epigenético que promueve el cambio entre fases del desarrollo mediante el reclutamiento de los complejos de remodelación de la cromatina Polycomb (PRC1 y PRC2), responsables del silenciamiento estable de genes. En plantas basales como *Marchantia polymorpha*, los mecanismos que regulan las transiciones del desarrollo permanecen poco estudiados. Debido a su ciclo de vida con dominancia gametofítica, este organismo constituye un modelo ideal para investigar transiciones de fase en estado vegetativo como la reproducción asexual. El objetivo de este trabajo es profundizar en la función evolutiva de VAL, evaluar la conservación y diversificación de sus mecanismos regulatorios. A diferencia de las angiospermas, el genoma de *M. polymorpha* contiene una única copia de VAL (MpVAL). Las mutantes de MpVAL, revelan que es esencial para la formación de estructuras reproductivas asexuales. La pérdida de su función altera la diferenciación celular asimétrica, provocando una sobreproliferación de idioblastos productores de cuerpos de aceite. Como consecuencia, las plantas mutantes presentan un incremento en el número de cuerpos de aceite distribuidos a lo largo del talo, crecimiento reducido, menor área del talo y una disminución en la frecuencia de bifurcación dicotómica. Estos resultados sugieren que MpVAL desempeña un papel central en el control del desarrollo vegetativo y aportan evidencia sobre la conservación evolutiva de los mecanismos epigenéticos que regulan las transiciones del desarrollo en las plantas.



Disrupción de la señalización tiroidea y sus efectos en el desarrollo neural del pez cebra

Olvera-Zamora A, Olvera A, Lazcano I, Orozco A

Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Querétaro, México.

Las hormonas tiroideas (THs) son mensajeros endocrinos que desempeñan un papel crucial durante el desarrollo de los vertebrados, ya que son fundamentales para procesos como la proliferación y diferenciación de células del sistema nervioso central. Se ha descrito que su deficiencia en etapas tempranas del desarrollo altera estos procesos. La biodisponibilidad local de la hormona T3 depende de la actividad de la desyodasa tipo 2 (D2), codificada por el gen *dio2*, que convierte la prohormona T4 en su forma biológicamente activa, la T3. El objetivo de este trabajo fue explorar la participación de la T3 en la organización neuronal y oligodendroglial en embriones y larvas de pez cebra. Para ello, se generaron embriones crispantes del gen *dio2* mediante la técnica CRISPR/Cas9. Larvas control y crispantes de 72 y 120 horas post-fertilización (hpf) se procesaron con las tinciones NeuroTrace para analizar la organización neuronal y FluoroMyelin para evaluar la mielinización. La expresión de genes marcadores neuronales (*neurog1* y *rbfox3a*), oligodendrogiales (*ng2*, *sox10*, *plp1b* y *mbpa*), de señalización tiroidea (*dio2* y *dio3b*) se determinó mediante RT-qPCR en larvas de 24, 48, 72 y 120 hpf. Asimismo, se evaluó indirectamente el estado tiroideo a los 7 días post-fertilización mediante la medición del ritmo cardíaco. El desarrollo de los crispantes fue aparentemente normal en comparación con las larvas control; sin embargo, presentaron una disminución significativa en el ritmo cardíaco, un menor contenido del marcador neuronal y una mayor expresión de mRNA de *neurog1* y *ng2*. En conjunto, estos resultados sugieren que la disminución de la disponibilidad local de T3 produce cambios sutiles en el neurodesarrollo, la organización celular y el estado fisiológico de las larvas. La ausencia de alteraciones severas podría indicar la presencia de mecanismos compensatorios, como el suministro materno de hormonas tiroideas o un aumento en la actividad del transporte intracelular.



Efectos de (-)-epicatequina en la histología y expresión de genes relacionados con hipertrofia cardiaca en ratas Wistar obesas por programación

Orozco Arguelles LG^{1,2}, De Los Santos S^{1,2}, Coral-Vázquez RM^{3,4}, Vega-García CC⁵, Zambrano E^{5,6}, Canto P^{1,2}

¹Unidad de Investigación en Obesidad, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México. ²Subdirección de Investigación Clínica, Dirección de Investigación, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición "Salvador Zubirán", Ciudad de México, México. ³Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México, México. ⁴Subdirección de Enseñanza e Investigación, Centro Médico Nacional "20 de Noviembre", Instituto de Seguridad y Servicios Sociales de los Trabajadores del Estado, Ciudad de México, México. ⁵Departamento de Biología de la Reproducción, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición "Salvador Zubirán", Ciudad de México, México. ⁶Facultad de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

La prevalencia de obesidad en mujeres en edad reproductiva está aumentando de manera alarmante en el mundo. Esta condición tiene un impacto negativo al generar una predisposición en el desarrollo de enfermedades cardiovasculares en la descendencia (corto y/o largo plazo). Por otro lado, la (-)-epicatequina (Epi), un flavonoide abundante en el cacao, ha demostrado tener efectos benéficos en el sistema cardiovascular. Objetivo: Evaluar el efecto de Epi en la expresión de genes relacionados con hipertrofia cardíaca (HC) patológica y fisiológica, así como en la histología del tejido cardíaco en los descendientes. Métodos: Se analizaron crías machos (F1) provenientes de madres controles y obesas inducidas por dieta alta en grasa (F0). Se evaluaron cuatro grupos de descendientes machos de 110 días: grupo control (C), grupo de obesidad materna (MO), y los grupos intervenidos con Epi (C+Epi y MO+Epi). Se administró Epi a dosis de 1 mg/kg, c/12 hrs/90 días. Se analizó la expresión de ARNm y proteínas de los genes: Myh6, Myh7, Anp, Bnp, Acta1, Col1a1, Akt y Mtor y la histología en el tejido cardíaco. Resultados: Se observó un aumento en la relación del peso del corazón/peso corporal y una disminución en la fibrosis en los grupos C+Epi y MO+Epi. En el grupo MO se encontró un incremento en el área y perímetro del corazón, así como la expresión de Myh7 y Anp. Además, se observó una disminución en la expresión de la proteína Col1a1 en el grupo MO. En el grupo C+Epi, el ARNm de Anp disminuyó mientras que la proteína Anp en el grupo MO+Epi aumentó. Conclusiones: La obesidad materna activa marcadores patológicos de CH posiblemente implicados en los cambios histológicos observados en el tejido cardíaco, mientras que, el tratamiento con Epi disminuyó la expresión de algunos genes en dicha vía.



Dinámica molecular y acoplamiento biofísico del canal TOK1 de *Saccharomyces cerevisiae*: mecanismo de interacción con la toxina K1

Ortiz-Suárez LG¹, Morales-Tlalpan V^{1,2}, Saldaña C²

¹Laboratorio de Biofísica de Membranas y Nanotecnología (BioPhysNanoLab). ²Laboratorio Nacional de Visualización Científica Avanzada (LAVIS-FCN-UAQ), Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro.

La resistencia microbiana representa una amenaza creciente, especialmente en infecciones por biopelículas de *Klebsiella pneumoniae*. El sistema *Killer* de *Saccharomyces cerevisiae*, mediado por el virus ScV-M1, codifica la preprotoxina K1 (α , β , γ , δ). En este trabajo se caracterizó la interacción entre la toxina K1 y el canal de potasio TOK1 mediante el modelado estructural (SWISS-MODEL), el acoplamiento proteína-proteína (ClusPro) y simulaciones de dinámica molecular (OpenMM). Los resultados revelaron que, durante el procesamiento intracelular, las subunidades α y γ interactúan con TOK1 desde el citosol, bloqueando su activación y confiriendo inmunidad a la célula productora. Tras su maduración en el aparato de Golgi, el heterodímero α - β es secretado; mientras β reconoce receptores de pared celular, la subunidad α activa el canal TOK1, provocando un flujo masivo de K⁺, despolarización de la membrana y pérdida del potencial electroquímico. El análisis de acoplamiento mostró que el complejo TOK1 α - β posee la mayor afinidad (-1825.8 kcal/mol), con un sitio de unión localizado en el surco hidrofóbico entre los dominios del poro P1 y P2, involucrando los residuos clave M293, M303 y M390. Simulaciones de dinámica molecular (50 ns) en una membrana biomimética (ergosterol/fosfolípidos) bajo un potencial de -80, +50, y +100 mV y un gradiente de K⁺ 2 a 150 mM externo e interno respectivamente), demostraron que la presencia de la subunidad α induce una dilatación del poro, incremento en la separación P1-P2 y una apertura anómala del canal. Estos hallazgos sustentan que la toxina K1 actúa como un modulador alostérico de TOK1, potenciando su actividad sin formar poros *de novo*. Los dominios funcionales de K1 representan plataformas nanobiotecnológicas con alto potencial antimicrobiano contra patógenos multirresistentes en entornos clínicos.



Las oncoproteínas E6/E7 de VPH16 promueven la liberación de sTNF- α y la remodelación del citoesqueleto en células de cáncer cervical

Parra Martínez AG¹, Bonilla Moreno R¹, Villegas Sepulveda N¹

¹Departamento de Biomedicina Molecular, Centro de Investigación y Estudios Avanzados, Zacatenco Ciudad de México, México.

La infección persistente por virus del papiloma humano (VPH) de alto riesgo, particularmente PH16, constituye el principal factor etiológico del cáncer cervical. Las oncoproteínas E6 y E7 de VPH16 alteran múltiples procesos celulares; sin embargo, su participación en la regulación postraducciona de mediadores inflamatorios, por ejemplo, TNF- α ; además sus consecuencias sobre la estructura celular, permanecen poco estudiadas. TNF- α se sintetiza como una proteína transmembranal y su liberación depende principalmente de la escisión de su ectodominio por TACE. En este estudio evaluamos la relación entre la expresión de E6/E7, la liberación de TNF- α soluble (sTNF- α) y la remodelación del citoesqueleto. Analizamos líneas de cáncer cervical: células C-33A, negativas para VPH, células CaSki, positivas para VPH16, y células C-33A transfectadas establemente con E6/E7. Encontramos que la expresión de E6/E7 favoreció la liberación de sTNF- α y se asoció con una mayor activación de la enzima TACE. El sTNF- α promovió la remodelación del citoesqueleto de actina, caracterizado por la formación y elongación de estructuras tipo filopodio asociadas con Cdc42. Asimismo, la estimulación con sTNF- α incrementó la migración celular. En conjunto, nuestros resultados sugieren que las oncoproteínas E6/E7 de VPH16 favorecen la liberación de sTNF- α mediante un mecanismo postraducciona dependiente de TACE y favorecen cambios en la organización del citoesqueleto de actina, mediante formación de filopodios y una mayor capacidad migratoria. Estos hallazgos vinculan la regulación del procesamiento de una citocina inflamatoria por VPH-16 y con cambios en la plasticidad celular asociados con la progresión tumoral.



Generación de organoides de mesencéfalo polarizados mediante un dispositivo de microfluídica como plataforma para el modelado de enfermedades neurodegenerativas

Pérez-Calixto D^{1,2}, Vazquez Valle MA^{3,4}, Pérez-Calixto M², Peto-Gutiérrez C², Velasco I^{3,5}, Vázquez-Victorio G^{2,6}, Escobedo-Avila I³

¹Instituto Nacional de Medicina Genómica, Ciudad de México, México. ²Facultad de Ciencias, UNAM, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México. ³Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México. ⁴Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina del Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México, México. ⁵Laboratorio de Reprogramación Celular, Instituto Nacional de Neurología y Neurocirugía “Manuel Velasco Suárez”, Ciudad de México, México. ⁶Laboratorio Nacional de Soluciones Biomiméticas Para Diagnóstico y Terapia, Ciudad Universitaria, Ciudad de México, México.

Los organoides cerebrales derivados de células troncales pluripotentes humanas constituyen una herramienta relevante para estudiar los procesos que regulan el desarrollo neural y para generar modelos de enfermedades neurodegenerativas. Sin embargo, la organización espacial de los tejidos obtenidos mediante protocolos convencionales presenta importantes limitaciones. En este trabajo desarrollamos y validamos un dispositivo microfluídico capaz de generar gradientes morfogenéticos para promover la regionalización y polarización de organoides de mesencéfalo. El dispositivo está constituido por un canal central para el cultivo de los organoides y dos canales laterales que funcionan como reservorios para la generación de un doble gradiente, separados del compartimento de cultivo mediante una membrana porosa. La formación y distribución de los gradientes se caracterizó mediante trazadores fluorescentes, observándose una distribución asimétrica de la señal tanto en el compartimento de cultivo como en estructuras tridimensionales. Posteriormente, organoides de mesencéfalo derivados de células troncales embrionarias humanas fueron incorporados al dispositivo y expuestos a los gradientes generados. La aplicación de un protocolo de diferenciación dirigida permitió obtener una distribución espacial diferencial de poblaciones neuronales dorsales y ventrales, evidenciando la capacidad del sistema para inducir polarización tisular. En conjunto, estos resultados demuestran que la plataforma microfluídica permite generar de manera reproducible microambientes espaciales capaces de modular la organización de organoides de mesencéfalo. Esta estrategia proporciona una plataforma versátil y accesible para estudiar mecanismos de regionalización durante el desarrollo neural y constituye una base tecnológica para la generación de modelos tridimensionales fisiológicamente relevantes de enfermedades neurodegenerativas.



Establecimiento de una línea reportera de la señalización de la hormona tiroidea para estudios de regeneración en el ajolote (*Ambystoma mexicanum*)

Quintana-Gomez, TJ¹, Navarrete AS¹, Espinal-Centeno A¹, Sánchez-Segura L², Cruz-Ramírez LA¹

¹Laboratorio de Complejidad Molecular y del Desarrollo, Unidad de Genómica Avanzada del CINVESTAV, Irapuato, Guanajuato. ²Laboratorio de Microscopía de la Unidad Irapuato del CINVESTAV, Irapuato, Guanajuato.

El ajolote (*Ambystoma mexicanum*) es uno de los modelos experimentales más importantes para el estudio de la regeneración, gracias a su amplia capacidad regenerativa capaz de regenerar múltiples tejidos y órganos de manera funcional después de una lesión. Durante este proceso, el ajolote inicia una serie de eventos coordinados que comprende el cierre de la herida, la formación del epitelio de la herida, la desdiferenciación y proliferación celular para dar origen al blastema, y finalmente la diferenciación de nuevos tejidos que restauran la estructura y función originales. Este proceso está regulado por una compleja red de mecanismos moleculares, celulares y tisulares que involucran vías de señalización, factores de transcripción, señales inmunológicas y hormonas, las cuales coordinan el crecimiento y la recuperación del tejido perdido. En este contexto, las hormonas tiroideas T3 y T4 ha sido estudiadas por su papel como regulador de procesos del desarrollo, como la diferenciación celular, el crecimiento y la remodelación tisular, los cuales también son fundamentales durante la regeneración en vertebrados. Por ello, nos propusimos investigar el papel de la señalización de la hormona tiroidea durante la regeneración en el ajolote mediante el desarrollo de un reportero fluorescente capaz de monitorear su actividad *in vivo*. El constructo fue diseñado a partir de motivos TRE identificados en genes de respuesta a la hormona tiroidea de *A. mexicanum*. Posteriormente, se realizaron microinyecciones en cigotos en estadio 0 para generar las primeras líneas reporteras transgénicas, las cuales fueron caracterizadas y empleadas para analizar la actividad de esta vía durante la regeneración de la cola y las extremidades. Mediante la visualización *in vivo* por microscopia confocal logramos detectar la activación de la señalización de la hormona tiroidea desde los primeros minutos posteriores a la amputación, manteniéndose activa a lo largo de las distintas fases de la regeneración de la cola, incluyendo la respuesta inicial a la lesión, la formación del epitelio de la herida y el desarrollo del blastema. El estudio se complementó con análisis histológicos de extremidades en regeneración, los cuales revelaron una distribución específica de la actividad del reportero de la hormona tiroidea en diferentes tipos celulares y regiones del tejido regenerado, correspondiente a las etapas de maduración y diferenciación del blastema. Para comprender los mecanismos moleculares asociados con la actividad de la hormona tiroidea durante la regeneración, se identificaron elementos TRE en las regiones promotoras de genes candidatos relacionados con este proceso en distintos estadios regenerativos y se evaluó su respuesta transcripcional al tratamiento con T3, apoyando la participación de la señalización de la hormona tiroidea en la regulación de programas moleculares involucrados en la regeneración. En conjunto, estos hallazgos aportan nueva evidencia sobre la participación de la señalización de la hormona tiroidea durante la regeneración en el ajolote.



Las especies reactivas de oxígeno derivadas de las NADPH oxidasas regulan la endocitosis y el tráfico vesicular durante la epibolia del pez cebra

Ramírez-Corona A, Reza Medina B, Lomeli-Buyoli H, Salas-Vidal E

Departamento de Genética del Desarrollo y Fisiología Molecular, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Avenida Universidad #2001, Chamilpa, Cuernavaca, Morelos C.P. 62210, México.

La epibolia, proceso donde el blastodermo se adelgaza y extiende para envolver al sincicio del vitelo, es el primer movimiento morfogenético de la gastrulación en pez cebra. Aunque se han descrito ampliamente los mecanismos celulares y moleculares que promueven la epibolia, en 2019 reportamos que las especies reactivas de oxígeno (ERO) derivadas de las NADPH oxidasas (Nox), son esenciales para la progresión de este proceso. También reportamos que la inhibición farmacológica de las Nox por VAS2870 altera la organización del citoesqueleto de actina y la polimerización de los microtúbulos, retrasa la progresión de la epibolia y provoca letalidad antes de las 24 horas de desarrollo. Además, demostramos que la inhibición de Nox altera la localización de E-cadherina, estableciendo un vínculo entre las Nox y el tráfico vesicular. En el presente trabajo reportamos que la actividad de Nox afecta la dinámica de localización y el número de vesículas marcadas por diferentes proteínas Rab5 y Rab11, pequeñas GTPasas involucradas en la identidad y el tráfico vesicular. El VAS2870 también afecta el transporte de endosomas marcados por clatrina. Asimismo, el H_2O_2 parece modular la tasa de endocitosis en la capa envolvente del blastodermo, ya que concentraciones crecientes de esta ERO disminuyen la endocitosis de marcadores fluorescentes presentes en el medio. En conjunto, estos resultados sugieren que las ERO derivadas de las Nox participan en la regulación de las etapas tempranas de la endocitosis, así como del tráfico y reciclaje endosomal. Esta regulación es esencial para mantener la homeostasis de membrana, la progresión de la epibolia y la supervivencia embrionaria. Estos resultados aportan nuevos conocimientos para dilucidar las vías de señalización y los mecanismos regulatorios mediante los cuales las ERO participan en la coordinación del desarrollo embrionario temprano.



CRISPR-Cas13 opto-genético para estudiar de la regeneración

Ramos AP, Espina JA, Barriga EH

Biophysical Mechanisms of Morphogenesis Lab, Cluster of Excellence Physics of Life (PoL), TU Dresden, Dresden, Germany.

La regeneración epimórfica comprende varias etapas, desde la cicatrización de la herida hasta la formación de la yema regenerativa y el crecimiento regenerativo. Si bien cada etapa se ha estudiado en detalle, los mecanismos que subyacen a las transiciones entre etapas, y las propiedades que permiten este cambio, han sido menos explorados. Recientemente, nuestro laboratorio demostró que el endurecimiento del tejido epitelial herido permite la transición de la cicatrización de la herida a la formación de una yema regenerativa competente. A nivel molecular, este cambio mecánico activa una cascada en la que el canal dependiente de tensión Piezo1 activa el transductor mecánico Yap1. Esta cascada culmina en la activación de un programa transcripcional regenerativo. Para ganar resolución espacial y temporal en el estudio de los mecanismos que controlan la regeneración hemos implementado un Cas13 optogenético (paCas13). En mi presentación mostraré el uso de esta herramienta para comprobar la función de Piezo1 y Yap1 en la regeneración. Además, mostraré resultados en que esta herramienta es utilizada en el estudio de estadios tempranos de desarrollo embrionario.



Identificación de genes de la visión en el pez de cueva *Astyanax mexicanus* a través de la construcción de una red de regulación genética

Ramos SG¹, Galán-Vásquez E², Ornelas-García CP³

¹Posgrado en Ciencias del Mar y Limnología, UNAM. ²Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y Sistemas, UNAM. ³Colección Nacional de Peces, Departamento de Zoología, Instituto de Biología, UNAM.

El tetra mexicano *Astyanax mexicanus*, es un organismo modelo en biología del desarrollo, la evolución y la adaptación a ambientes subterráneos. Esta especie presenta dos ecotipos: uno ampliamente distribuido en ríos y lagos de superficie, y otro adaptado a la vida en cuevas. Las poblaciones de cuevas se distribuyen en la región de la Huasteca, al noreste de México, entre los estados de San Luis Potosí y Tamaulipas. Hasta el momento se han reportado 34 poblaciones de cueva, las cuales han sido colonizadas por dos linajes mediante tres eventos independientes desde sus grupos hermanos de superficie. Los organismos de cueva exhiben cambios morfológicos, fisiológicos y conductuales asociados al ambiente, como la pérdida de la visión, lo cual ha sido compensado por otros sistemas sensoriales no visuales, alteraciones en ciclos circadianos y modificaciones en el metabolismo de los lípidos, entre otros. Uno de los rasgos más estudiados en organismos de cuevas ha sido la pérdida de la visión, y los estudios enfocados a biología del desarrollo han proporcionado pistas importantes sobre los mecanismos que subyacen la degeneración del ojo. En los últimos años, se han realizado estudios exhaustivos sobre las bases genéticas detrás de la degeneración del ojo, dando como resultado una lista de genes candidatos involucrados. Sin embargo, la pérdida de la visión requiere un enfoque integrativo que permita abordar la complejidad de la regulación de la expresión genética. El objetivo de este trabajo es reconstruir la red de regulación genética (GRN) asociada con genes de la visión en los ecotipos de superficie y de cueva de *A. mexicanus*. Este enfoque busca analizar las bases genéticas del fenotipo a través del estudio topológico de redes, ampliando el conocimiento sobre los mecanismos de regulación que intervienen en la expresión de genes relacionados con la visión. Para ello, se construyó una GRN a partir de redes homólogas reportadas en otros organismos modelo (ratón, humano y mosca), y se compararon las propiedades topológicas (distribución de grados, índices de centralidad) de los genes involucrados en el desarrollo ocular y la degeneración del ojo. Los resultados muestran que las GRN entre ecotipos de cueva y superficie no presentan diferencias en los genes centrales que regulan la red. Sin embargo, esto podría deberse a que estos genes participan en la formación de otras estructuras durante el desarrollo, que no se ven alteradas en el pez de cueva, lo que sugiere un efecto pleiotrópico. La GRN asociada con el desarrollo del ojo en *A. mexicanus* de superficie se compone de 114 genes y 123 interacciones regulatorias, mientras que la red de cueva se compone de 109 genes y 117 interacciones regulatorias. A partir de estas redes fue posible la construcción de las cascadas de regulación asociadas a genes de interés, que permiten entender mejor los mecanismos de regulación entre ecotipos, así como estudiar la conservación o reorganización del flujo de información dentro de la red. En conclusión, las GRN son una herramienta para comprender la pérdida de rasgos complejos de forma integrativa y sientan las bases para futuros estudios.



Regeneración de la mielina en el oligoqueto *Lumbriculus variegatus*

Rangel García DV, Arellano Carbajal F

Universidad Autónoma de Querétaro, Facultad de Ciencias Naturales, Av. de las Ciencias
S/N, Delegación, 76230 Juriquilla, Qro.

Lumbriculus variegatus es un oligoqueto que habita en cuerpos de agua dulce con márgenes poco profundos; posee una alta capacidad regenerativa, ya que, es capaz de regenerar ocho segmentos cefálicos y un número variable de segmentos posteriores, recuperando así las estructuras y sus funciones perdidas. Por ello, *L. variegatus* es una especie modelo en el estudio del proceso de regeneración. Sin embargo, *L. variegatus* cuenta con una característica poco estudiada, un sistema nervioso compuesto por tres axones que presentan un recubrimiento de mielina. Esta mielina constituye una estructura de múltiples capas membranales y se plantea que tal característica ayuda a aumentar la velocidad de conducción del impulso nervioso, facilitando un reflejo de escape rápido, compartiendo la función de la mielina en vertebrados. Con anterioridad se señalaba a la mielina como una característica evolutiva única de vertebrados, no obstante se ha descrito en organismos invertebrados pertenecientes a el filo Annelida y Arthropoda. En estos organismos se han observado vainas que presentan las propiedades funcionales y estructurales características de la mielina. Es importante reconocer el papel evolutivo que confiere la presencia de mielina en el sistema nervioso de invertebrados. En anélidos oligoquetos y en vertebrados se comparte la similitud de múltiples membranas no conductoras que rodean fuertemente los axones y que presentan un enrollamiento en forma de espiral. Estudios recientes han demostrado que durante la regeneración del sistema nervioso de *L. variegatus* también regenera la mielina que recubre los axones que conforman el sistema nervioso. El estudio de la regeneración de la mielina en *L. variegatus* puede contribuir a la comprensión del origen y el proceso de desarrollo de la mielina en diferentes organismos desde una perspectiva evolutiva, así como contribuir a la comprensión y al tratamiento de las enfermedades neurodegenerativas causadas por el proceso de desmielinización.



Caracterización de alelos mutantes del gen *amigo de fos* en la mosca de la fruta

Riesgo Escovar JR, Hidalgo Chaires LA

Instituto de Fisiología Celular, Posgrado en Ciencias Biológicas UNAM

amfos (*amigo de fos*) es un gen no descrito previamente en *D. melanogaster* que interactúa estrechamente con *kayak*, el único homólogo de los genes *fos* de vertebrados en la mosca de la fruta. Estos genes comparten diferentes fenotipos mutantes como letalidad embrionaria temprana, apertura dorsal e involución de la cabeza deficiente. Además presentan un fenotipo denominado letalidad sintética, en el cual los dobles heterocigotos para estos genes mueren durante la fase embrionaria, lo cual indica una relación muy estrecha entre este par de genes. Este fenómeno es muy poco frecuente, pues organismos dobles heterocigotos cuentan con al menos una copia silvestre de cada uno de los genes y dado que los fenotipos de letalidad de manera individual son recesivos, debería de ser viable. El que no lo sea implica una relación genética muy estrecha entre ambos loci. También hemos observado que comparten otros fenotipos mutantes en adultos como la falta de fotorreceptores en clones homocigotos mutantes de ojo. *kayak* es un factor de transcripción que participa en diferentes procesos del desarrollo que comprenden desde la embriogénesis, la formación de la línea germinal y la determinación de los fotorreceptores del ojo. Ambos genes están conservados desde levaduras hasta mamíferos. En el caso de los homólogos de *kayak* se han realizado múltiples estudios. Sin embargo, los estudios de los homólogos de *amfos* son muy escasos, y sugieren una relación con la estabilidad de ARN y el ensamble de ribonucleoproteínas. En este trabajo evaluamos la función de *amfos*, su mecanismo de acción y caracterizamos la interacción que presenta con *kayak*.



Design and implementation of TrichoExpress: A multi-experiment R package for *Trichoderma atroviride* gene expression data

Rocha-Salinas M, Martinez-De la Vega O, Herrera-Estrella A

Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav), Unidad de Genómica Avanzada, Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (UGA-Langebio), Irapuato, Guanajuato, 36824, Mexico.

Trichoderma atroviride es un hongo filamentoso ampliamente utilizado como agente de control biológico y como organismo modelo para el estudio del micoparasitismo, las respuestas al estrés, fotoconidiación e interacciones entre especies. Aunque se han generado numerosos conjuntos de datos de RNA-Seq bajo diversas condiciones experimentales, estos permanecen dispersos y carecen de un marco de análisis unificado. Se presenta “TrichoExpress”, un paquete de R en desarrollo diseñado para estandarizar e integrenorar datos transcriptómicos de 12 estudios independientes de RNA-Seq, que comprenden 124 tratamientos y 364 bibliotecas. El paquete permitirá realizar análisis comparativos de expresión génica entre experimentos, evaluar la calidad de los datos e identificar patrones de coexpresión. Como prueba de concepto, analizamos perfiles transcriptómicos asociados con la germinación de esporas, identificando tanto firmas de expresión compartidas como específicas de cada condición. TrichoExpress constituye un recurso integral para explorar la dinámica de la expresión génica en *T. atroviride* y facilitar estudios transcriptómicos comparativos.



Desregulación del sistema de neurotransmisión histaminérgico en un modelo murino de trastorno del espectro autista inducido por ácido valproico

Rodríguez Álvarez ON¹, Sánchez Maldonado DA¹, Romero Nava R², López Sánchez P³, Baeza Páez LG³, Mera Jiménez E¹, Hernández Rodríguez M¹

¹Laboratorio de Cultivo Celular, Neurofarmacología y Conducta, Escuela Superior de Medicina.

²Laboratorio de Investigación en Genética de Enfermedades Metabólicas, Sección de Estudios de posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina. ³Laboratorio de Farmacología Molecular, Sección de Estudios de posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina.

El trastorno del espectro autista (TEA) es un trastorno del neurodesarrollo caracterizado por deficiencias en la comunicación verbal y no verbal, conductas repetitivas e intereses restringidos¹. El sistema de neurotransmisión histaminérgica participa en la regulación del ciclo sueño-vigilia, el procesamiento sensorial y motor, la cognición y la atención, funciones frecuentemente alteradas en pacientes con TEA². Sin embargo, las alteraciones de este sistema en el contexto del TEA han sido poco estudiadas. El objetivo de este trabajo fue determinar los cambios del sistema de neurotransmisión histaminérgica en un modelo murino de TEA inducido por ácido valproico (VPA). Para ello, se administró VPA (500 mg/kg) a ratas Wistar gestantes el día 12.5 de gestación; el grupo control recibió solución salina (10 mL/kg). A los 49 días postnatales, las crías fueron evaluadas mediante las pruebas de sociabilidad de tres cámaras, campo abierto, enterramiento de mármol y residente-intruso. Posteriormente, se determinaron los niveles de histamina en corteza prefrontal, hipotálamo, tálamo, amígdala e hipocampo mediante un ensayo ELISA competitivo. Asimismo, se evaluó la expresión génica de histidina descarboxilasa (HDC), histamina N-metiltransferasa (HNMT) y del receptor H3 de histamina (H3R) en hipotálamo. Los resultados confirmaron la validez del modelo murino de TEA mediante las pruebas conductuales. Además, se observó un incremento en los niveles de histamina en hipotálamo y amígdala ($p < 0.01$), corteza prefrontal ($p < 0.05$), así como una disminución en tálamo ($p < 0.01$). En el hipotálamo se detectó disminución en la expresión de H3R ($p < 0.05$), así como incremento de HNMT ($p < 0.001$) y disminución de HDC ($p < 0.01$), lo que sugiere una respuesta compensatoria ante el aumento de histamina. En conjunto, estos hallazgos demuestran una desregulación del sistema de neurotransmisión histaminérgica en este modelo experimental, lo que sugiere su posible participación en la fisiopatología del TEA.



Papel del músculo en el crecimiento y ramificación del sistema respiratorio de *Drosophila melanogaster*

Rodríguez-Bustos DL, Ríos-Barrera LD

Departamento de Biología Celular y Fisiología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, Mexico.

La morfogénesis depende tanto de la generación de fuerzas celulares, que actúan comprimiendo, elongando e invaginando a los tejidos durante su desarrollo, así como de la capacidad de los tejidos para deformarse y remodelarse. Esta última dependerá de las propiedades mecánicas de los mismos, que determinan su respuesta física ante una fuerza externa. Los tejidos pueden regular sus propiedades mecánicas vía la interacción con estructuras vecinas (como matrices extracelulares y tejidos adyacentes); por lo que el estudio de dichas interacciones nos permitiría comprender con mayor detalle los procesos morfogénéticos. En embriones y larvas de *Drosophila melanogaster* se ha observado que el sistema traqueal (ST) se encuentra en estrecho contacto con los músculos durante su desarrollo. Nuestro objetivo en este proyecto es estudiar cómo la rigidez de los músculos afecta la morfogénesis del ST a través de la inducción de cambios en las propiedades mecánicas de los músculos. Se busca modificar la expresión de genes de la organización interna del músculo e involucrados en el desarrollo muscular, así como alterar la estructura de la matriz extracelular que rodea al músculo. Una vez evaluado el impacto de estas modificaciones en embriones y larvas de *Drosophila*, caracterizaremos las propiedades mecánicas de los tejidos mediante microscopía de fuerza atómica o sensores fluorescentes de tensión intracelular. Hasta el momento hemos descrito cómo es que las ramas dorsales del ST migran en conjunto con los músculos somáticos de la pared corporal del embrión. También analizamos cómo se desarrolla el ST en embriones con afectaciones en la expresión de la proteína estructural Sallimus –importante en el ensamblaje de los sarcómeros– en el músculo. Encontramos que modificaciones en la expresión de Sallimus parecen no afectar el desarrollo de las ramas dorsales del ST en etapas embrionarias.



BLH6 y BLH7, proteínas con homeodominio de la familia BEL1-like, interactúan con proteínas KNOX de clase I y participan en el desarrollo reproductivo femenino en Arabidopsis

Rodríguez-Ramos C, Bernal-Gallardo JJ, Orozco-Natividad K, Gillmor CS, De Folter S

Unidad de Genómica Avanzada, Cinvestav, Km. 9.6 Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, Irapuato, 36824, Guanajuato, México.

El desarrollo floral en angiospermas es un proceso coordinado que asegura una reproducción sexual exitosa. Entre los órganos florales, el gineceo representa la estructura reproductiva femenina, donde los factores de transcripción actúan de forma cooperativa mediante interacciones proteína-proteína para su correcto desarrollo. Durante el análisis de la red extendida de interacciones proteína-proteína del desarrollo del gineceo, fueron detectados factores de transcripción no caracterizados previamente en este proceso. Entre los candidatos, BLH6 y BLH7, integrantes de la familia BEL1-like, surgen como potenciales reguladores del desarrollo del gineceo. Con el objetivo de caracterizarlos, se realizaron experimentos de hibridación *in situ*, los cuales revelaron que *BLH6* y *BLH7* se expresan a lo largo del desarrollo del gineceo, con una expresión enriquecida en el dominio medio, específicamente en los óvulos en desarrollo. Los análisis fenotípicos mostraron que la pérdida de función de BLH6 y BLH7 causaron reducciones significativas en la longitud de los gineceos, el número de óvulos y la producción de semillas, observándose defectos más severos en la doble mutante *blh6 blh7*. Además, la línea mutante *blh6-1* presentó óvulos abortados (16.5%) acompañado de defectos en el gametofito femenino, incluyendo la ausencia parcial o total de células gametofíticas y alteraciones en la morfología del saco embrionario. Defectos similares, pero menos frecuentes, fueron detectados en la doble mutante. Ensayos de complementación bimolecular de la fluorescencia demostraron que BLH6 y BLH7 forman heterodímeros en el núcleo. Además, se demostró que son capaces de interactuar con miembros de la familia de proteínas KNOX de Clase I. En conjunto, estos descubrimientos muestran que BLH6 y BLH7 contribuyen al crecimiento del gineceo y al desarrollo del saco embrionario, y su capacidad de formar complejos de proteínas con las proteínas KNOX de Clase I.



El inicio de la estrobilación inducida químicamente en *Aurelia sp.*

Rodriguez Salazar E, Llera Hernández R, Maldonado E

Unidad Académica de Sistemas Arrecifales y Unidad Académica Mazatlán, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México. UNAM

Aún no se conocen los mecanismos moleculares que gobiernan la estrobilación, ni si son los mismos cuando el proceso se dispara por frío o por un compuesto químico. La estrobilación es la vía por la que los escifozoos abandonan la vida bentónica, ya que el pólipo, fijo al sustrato y parecido a una anémona, se subdivide en dirección aboral y cada porción se metamorfosea en una éfira que se desprende y comienza a nadar. En el mar el disparador es el cambio de temperatura, pero desde hace algunos años se sabe que varios compuestos químicos inducen la misma transformación, y lo hacen más rápido. Esa diferencia de velocidad abre la pregunta de si ambas rutas convergen en el mismo programa génico. El interés va más allá de las medusas. Cnidarios y bilaterios son grupos hermanos y comparten buena parte de su repertorio genético, de manera que los fenómenos moleculares que reorganizan el cuerpo de un pólipo pueden informar sobre los mecanismos evolutivos detrás de la diversidad de planes corporales actuales. Como primer acercamiento generamos un transcriptoma de pólipos de *Aurelia sp.* tratados con el indol 5MeO2MI y lo comparamos con un grupo control, restringiendo el muestreo a las primeras 24 horas para capturar la respuesta temprana. Identificamos 251 genes con expresión diferencial. Una parte se asocia con respuesta a estrés, toxicidad y funciones inmunes, lo que probablemente refleja la exposición al compuesto más que la metamorfosis en sí. Otra parte corresponde a diferenciación y proliferación celular y a regulación de ácidos nucleicos, y es en ese conjunto donde esperamos encontrar las primeras señales del programa de estrobilación. Separar ambas clases de respuesta es el paso siguiente y la condición para comparar la inducción química con la térmica.



La inactivación de *Plpp3* en células de la cresta neural produce defectos en la función y estructura cardiovascular

Rojas-Pacheco EA, Martínez-Silva AV, Flores-Oliva E, Cruz-Cruz S, Escalante-Alcalde D

Departamento de Neurodesarrollo y Fisiología, Instituto de Fisiología Celular, UNAM, CDMX

La fosfatasa de fosfolípidos 3 (PLPP3) es una enzima crucial en el metabolismo de lípidos bioactivos como el ácido lisofosfatídico y la esfingosina-1-fosfato, ambos implicados en diversos procesos celulares críticos como la migración y la diferenciación celular. PLPP3 es esencial para mantener el equilibrio de estos lípidos y su ausencia global provoca letalidad embrionaria. Las células de la cresta neural (CCN) son una población multipotente involucrada en la generación de múltiples linajes celulares y estructuras en vertebrados. En este trabajo nos centramos en investigar el papel de PLPP3 en la CN que participa en el desarrollo cardiovascular y el sistema nervioso periférico. Se realizaron análisis fenotípicos, electrofisiológicos, transcriptómicos (scRNA-seq) y de trazado de linaje, en individuos con delección condicional de *Plpp3* en CCN. Los resultados mostraron que la ausencia de *Plpp3* en CCN producen letalidad postnatal, adelgazamiento del miocardio, bradicardia neonatal, alteraciones en el desarrollo del sistema nervioso simpático y una disminución marcada de la innervación cardíaca. El análisis del scRNA-seq mostró cambios en la proporción de subpoblaciones específicas de cardiomiocitos y células de músculo liso, consistentes con el adelgazamiento del miocardio y otras alteraciones estructurales. Asimismo, se identificaron alteraciones transcriptómicas tanto en células derivadas como no derivadas de las CCN. También identificamos la subexpresión de genes que actúan como indicadores moleculares de los defectos estructurales y funcionales causados por la deficiencia de *Plpp3* en CCN, lo que podría explicar el origen de las patologías observadas. En conjunto, estos hallazgos indican que PLPP3 en las CCN es indispensable para la correcta formación y función del sistema nervioso autónomo cardíaco y para la homeostasis del corazón. Sus efectos parecen involucrar mecanismos tanto autónomos como no autónomos.



Regulación génica mediada por retrotransposones LINE-1 durante la diferenciación neural temprana

Romero-Mastranzo E, Nuñez-Martínez HN, Escobedo Avila I, Guerrero Avendaño GM, Velasco Velázquez JI, Recillas-Targa F

¹Departamento de Genética Molecular. ²Departamento de Neurodesarrollo y Fisiología. Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México.

Los elementos nucleares intercalados largos (L1) son una de las familias de retrotransposones más abundantes y activos transcripcionalmente en el genoma humano. La hiperactivación de L1 en células somáticas está asociada con inestabilidad cromosómica y enfermedades. Sin embargo, la actividad transcripcional de L1 es esencial durante las primeras etapas del desarrollo de los mamíferos. Por ejemplo, la transcripción de L1 es dinámica y esencial durante la diferenciación celular y el desarrollo neuronal, lo cual sugiere un papel funcional en este proceso. Sin embargo, los mecanismos reguladores que subyacen a la expresión génica mediada por L1 durante la diferenciación de células neurales aún no se comprenden bien. Este estudio tiene como objetivo explorar e identificar a nivel subfamilia de L1, loci funcionales en el contexto de la regulación génica durante la diferenciación neural temprana. Investigamos si la divergencia secuencial dentro de esta familia de L1 condiciona su perfil regulatorio, afectando el paisaje de modificaciones postraduccionales de histonas, así como la afinidad para el reclutamiento de factores de transcripción. Utilizando datos transcriptómicos y de captura de conformación de la cromatina de células madre embrionarias humanas diferenciadas en precursores neurales, identificamos un conjunto de elementos L1 específicos de homínidos expresados dinámicamente, y que interactúan con genes específicos del sistema nervioso. Entre estos candidatos, seleccionamos L1PA6 como un elemento L1 representativo debido a sus abundantes niveles de transcritos en progenitores neurales y su interacción con FOXG1, un factor de transcripción con papeles fundamentales en la neurogénesis, el desarrollo cerebral y trastornos del neurodesarrollo. Actualmente se están llevando a cabo enfoques de edición genética para elucidar el mecanismo mediante el cual L1PA6 puede influir localmente en la expresión del gen FOXG1 en el contexto de la diferenciación neural.



Exploración del papel de los factores de transcripción HvYABBY en la especificación de los meristemos axilares en las inflorescencias de cebada

Romo-Arenas O¹, Abraham-Juárez J^{2,3}, Demesa-Arévalo E¹

¹Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Unidad Irapuato, Irapuato, Guanajuato, México. ²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Unidad de Genómica Avanzada, Irapuato, Guanajuato, México. ³University of Cambridge, Cambridge, England.

La arquitectura de las plantas está regulada por la actividad de los meristemos. En angiospermas, la transición de la fase vegetativa a la reproductiva ocurre cuando el meristemo apical del brote (SAM) se convierte en meristemo de inflorescencia (IM), que dará origen al meristemo floral (FM) y culmina con la producción de una inflorescencia. Este proceso es más complejo en la cebada (*Hordeum vulgare*); pues además se generan otros meristemos axilares (AM), como el meristemo triple de la espiguilla (TSM), el meristemo central de la espiguilla (CSM) y meristemos laterales de la espiguilla (LSM) precursores del FM. Con el objetivo de comprender los cambios transcripcionales que ocurren durante el desarrollo de la espiga en cebada, Demesa-Arévalo *et al.* (2026), integraron la secuenciación del ARN de células únicas (scRNA-seq) y la hibridación *in situ* fluorescente múltiple (FISH-multiplex) para imputar la expresión genética de más de 40,000 genes. Así se estableció BARVISTA, una nueva base de datos que permite la exploración de los perfiles de expresión y la microdissección virtual en la espiga de cebada. Con la exploración de las regiones supuestas de células fundadoras dentro del IM, mediante BARVISTA, se identificaron factores de transcripción (TF) YABBY, y la localización de sus transcritos parece ser relevante para el desarrollo del TSM. Sin embargo, la función de los TF YABBY se encuentra inexplorada en cebada. En este proyecto se propone caracterizar TF YABBY mediante inmunolocalización, edición genética y evaluar su interacción con reguladores conocidos en los AM. La caracterización funcional de los TF YABBY en cebada podría contribuir a desentrañar los mecanismos moleculares que subyacen la red de regulación que especifica el TSM en la espiga de cebada y que no ha sido reportado hasta la actualidad.



La Jalea Real acelera el cierre de herida e induce la expresión de *Fgf-8* en la epidermis apical del dígito amputado del ratón

Roque-Ramírez B¹, Garcíadiego-Cázares D², Farrera-Hernández A^{1,2}, Tejero-Barrera ME¹, Abarca-Buis RF², Tapia-Rodríguez M³, Contreras-Figueroa ME², Garrido-Martínez DG¹, Chávez-Velázquez E¹

¹Instituto Nacional de Medicina Genómica. ²Instituto Nacional de Rehabilitación. ³Universidad Nacional Autónoma de México.

La regeneración es un proceso natural que muchas especies llevan a cabo con el fin de reestablecer estructuras y tejidos perdidos. En este proceso, el eficiente cierre de herida determina la ausencia o presencia de cicatriz y la posibilidad de regenerar. Múltiples esfuerzos han tratado de caracterizar moléculas y tratamientos que promuevan la regeneración con resultados poco eficientes. Un coctel de moléculas bioactivas de interés biotecnológico es la Jalea Real (JR) que contiene múltiples proteínas, ácidos grasos y RNAs no codificantes con importante actividad biológica. OBJETIVO: Evaluar el efecto de la JR sobre el cierre de herida y la expresión de *Fgf8* en el dígito amputado de ratones neonatos. MÉTODOS: Se utilizaron ratones neonatos CD1. Jalea Real fresca fue administrada tópicamente durante 3 horas previas a la amputación y 1 hora pos-amputación. Los dígitos fueron recolectados 1, 2, 3, 5 y 32 días pos-amputación (dpa). Se realizó histología básica e inmunohistoquímicas. RESULTADOS: La JR anticipa 4 días el cierre de herida respecto al control e induce la formación de una epidermis distal con actividad secretora que expresa *Fgf8* y *Wnt3a*. Adicionalmente, la JR disminuye la colágena en la dermis papilar y en el mesénquima de los dígitos tratados; aumenta la expresión de *Mmp9*; incrementa la expresión de *Ck15* y *Fgf8* en el bulbo folicular; aumenta la expresión de *Sox9* y *Lgr5* en folículos pilosos e induce la expresión de *Scx* en la proyección del nuevo tendón. Interesantemente, a 32 dpa el tratamiento induce crecimiento óseo orientado de la falange amputada, dicho crecimiento se acompaña del restablecimiento del tendón y la formación de glándulas sudoríparas en la punta del dígito tratado. CONCLUSIONES: La JR acelera la re-epitelización de la herida e induce la formación de una epidermis distal con actividad secretora similar a la Capa Epitelial Apical (AEC-like) que es permisiva del crecimiento óseo de la falange amputada a 32 dpa.



Interactions Between the Transcription Factor BOL/DRNL/ESR2 and the Jasmonate Pathway

Ruiz-Cortés BE¹, Durán-Medina Y¹, Ramos-Tamayo CC^{1,2}, Guerrero-Largo H¹, Elizarraraz-Anaya MIC¹, Hernández-Zepeda OF³, Ramírez-Chávez E¹, Lammers M⁴, De Maagd RA⁴, Molina-Torres J¹, De Folter S², Marsch-Martínez N¹

¹Irapuato Unit, Biotechnology and Biochemistry Department, Cinvestav, Irapuato C.P. 36824, Guanajuato, México. ²Advanced Genomics Unit, Cinvestav, Irapuato C.P. 36824, Guanajuato, México. ³Genómica Alimentaria, Universidad de la Ciénega del Estado de Michoacán de Ocampo, Sahuayo C.P. 59103, Michoacan, Mexico. ⁴Wageningen University & Research, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, The Netherlands.

BOL/DRNL/ESR2, an AP2/ERF transcription factor, regulates early organ development in *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*). Its loss of function causes flower organ defects, while its overexpression induces green callus formation in roots without the addition of hormones. Jasmonates (JA), plant hormones known as major players in stress responses, also regulate some aspects of organ development like stamen development and plant growth. In this work, we studied the interaction between BOL and the JA pathway revealing bidirectional regulation with developmental implications. We found that exogenous application of methyl jasmonate (MeJA) partially rescued the stamen defects in CRISPR-generated *bol-cr* mutants, suggesting JA deficiency contributes to these phenotypes and linking BOL and JA mediated stamen development. Conversely, MeJA treatments in wild-type plants partially mimicked some *bol-D* mutant phenotypes like reduced rosette and root size, while JA inhibition restored wild-type leaf curvature, suggesting an alteration in JA homeostasis in the gain-of-function mutant. Quantitative analyses show *BOL* overexpression elevates JA levels, whereas *bol* loss-of-function reduces them. Furthermore, inducible BOL activity led to downregulation of a JA responsive marker. Finally, JA biosynthesis inhibition affected BOL induced root callus formation and led to an expansion of the *BOL* expression domain in roots. Together, these results position BOL as a modulator of JA pathway, regulating JA accumulation, signaling sensitivity, and developmental responses, while JA reciprocally fine-tunes *BOL* expression. Our work uncovers a previously unrecognized feedback loop integrating BOL mediated development with JA homeostasis, offering new insights into how transcriptional regulators coordinate hormonal and morphogenetic programs.



Evolución de los sistemas de generación de especies reactivas y antioxidantes importantes en las redes de regulación del desarrollo embrionario en metazoarios

Salas Vidal E, Gaspar-Eslava HU, Ramírez Corona A, Schnabel
Peraza D, Lomelí H

Departamento de Fisiología Molecular y Genética del Desarrollo, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad #2001, Col. Chamilpa, C.P. 62210, Cuernavaca, Morelos, México.

Existen diferentes especies reactivas, entre las cuales destacan las de oxígeno y las de nitrógeno, por su papel en la señalización celular. En el presente trabajo, nos preguntamos por el origen y la evolución de las proteínas responsables de la formación y la degradación de este tipo de especies reactivas, en particular en la línea evolutiva que abarca desde las bacterias hasta los animales. Para esto, se analizaron las secuencias de las proteínas codificadas en los genomas de las bacterias *S. pneumoniae* y *E. coli*, de los protozoarios *C. owczarzaki* y *M. brevicollis*, y en cuatro grupos cercanos al origen de los metazoarios: el placozoo *T. adhaerens*, el ctenóforo *M. leidy*, el cnidario *N. vectensis*, el porífero *A. queenslandica*, así como en especies representativas de diferentes cordados: el anfioxo *B. floridae*, el pez *D. rerio*, el anfibio *X. tropicalis*, el reptil *A. carolinensis*, el ave *G. gallus*, el mamífero *M. musculus* y el humano *H. sapiens*. Se realizó un análisis filogenético, de dominios funcionales, de aminoácidos distintivos, de sitios de modificación postraduccional y una comparación estructural con AlphaFold. Pudimos confirmar la presencia de enzimas en bacterias que originalmente se consideraban exclusivas de los metazoarios. Los resultados sugieren que los mecanismos de producción de especies reactivas de oxígeno y de nitrógeno surgieron temprano en la evolución de las bacterias, a la par de los mecanismos antioxidantes. Tres episodios de expansión de los genes de enzimas prooxidantes y antioxidantes se observan a lo largo de la evolución desde las bacterias hasta los cordados. Por lo tanto, el papel funcional de las especies reactivas como moléculas de señalización surge temprano en la evolución y sus actividades fueron cooptadas en las redes de regulación del desarrollo embrionario.



Efectos del rojo fenol en la respuesta hormonal de organoides epiteliales endometriales humanos

Santoyo-Rojas AJ^{1,2}, Díaz Néstor F¹, Morales-Hernández FV³, Ávila-González D¹

¹Departamento de Fisiología y Desarrollo Celular, Instituto Nacional de Perinatología. ²Facultad de Medicina, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. ³Departamento de Ginecología Reproductiva, Instituto Nacional de Perinatología.

El endometrio es un tejido dinámico que experimenta remodelación cíclica en respuesta a los esteroides ováricos 17β -estradiol (E2) y progesterona (P4). Durante la fase secretora, la P4 induce la decidualización de los fibroblastos estromales endometriales, generando cambios morfológicos, secreción de prolactina (PRL) y otros marcadores de decidualización. Paralelamente, el epitelio glandular adquiere un fenotipo secretor y produce factores relacionados con la receptividad endometrial, como el factor inhibidor de leucemia (LIF). La PRL actúa mediante su receptor (PRLR), activando principalmente la vía JAK2/STAT5, mientras que LIF se une al complejo LIFR/gp130, promoviendo la activación de STAT3, regulando procesos de diferenciación y receptividad epitelial. Los organoides endometriales derivados de biopsias humanas carecen de compartimentos estromal, inmunitario y vascular; sin embargo, reproducen características morfológicas, transcriptómicas y funcionales del epitelio. Un componente potencialmente relevante de los medios de cultivo es el rojo fenol, usado como indicador de pH, pero que en ciertos sistemas celulares puede ejercer actividad estrogénica débil y generar señalización basal dependiente del receptor de estrógeno. La magnitud de este efecto depende del tipo celular y de las condiciones de cultivo, por lo que su impacto en modelos tridimensionales endometriales aún no está definido. Este proyecto evaluará si la presencia de rojo fenol modifica la respuesta estrogénica en organoides endometriales humanos, mediante el análisis de la expresión de PRLR y gp130. Se compararán organoides cultivados con y sin rojo fenol en condiciones basales, así como en presencia de E2, P4 y un análogo de cAMP. Los resultados permitirán determinar si el rojo fenol constituye una fuente significativa de señalización estrogénica basal y contribuirán a optimizar las condiciones de cultivo para el estudio de la fisiología y patologías endometriales.



Regulación de la expresión del gen *dachsous* durante el desarrollo de tricomas alares en *Drosophila*

Serwatowska J, Aguilar Bautista JE, Oktaba Sosin K

Laboratorio de Regulación y Topología del Genoma, Departamento de Ingeniería Genética, CINVESTAV Unidad Irapuato

En *Drosophila*, la polaridad celular planar de los tricomas de las alas se refiere a la organización y orientación de estas estructuras a lo largo del eje del ala. El gen *dachsous* (*ds*) es un regulador maestro de la polaridad celular planar. Codifica una cadherina atípica que regula el crecimiento de los tejidos e interactúa con *fat*, *four-jointed* y otros componentes conformando un sistema que establece gradientes moleculares de polaridad planar. Este sistema es crucial en la formación adecuada de los tricomas en las alas. Mutantes de *ds* presentan defectos en la morfología - tamaño y forma del ala-, así como en la orientación, número y disposición de los tricomas, comprometiendo la aerodinámica y función del ala. No obstante, poco se sabe de la regulación del gen *ds* a nivel transcripcional. Usando métodos genómicos, identificamos siete regiones reguladoras -enhancers- que dirigen de forma mayormente redundante la expresión de *ds* durante la embriogénesis temprana. De manera interesante, la delección por medio de CRISPR-Cas9 de uno de estos enhancers reveló fenotipos en alas de moscas adultas. En los mutantes se observan alteraciones en la polaridad celular planar de los tricomas de las alas, sugiriendo un papel de este enhancer en la robustez de la regulación de la transcripción de *ds*. Estos hallazgos aportan nuevas perspectivas sobre el control transcripcional de *ds* durante el desarrollo de *Drosophila*.



Variantes del número de copias, regiones largas de homocigosidad y disomía uniparental en pérdidas gestacionales

Torres L¹, Garduño-Zarazúa LM^{2,3}, Mayén DG², Meléndez-Hernández R², Paz-Martínez AJ², Ramírez-Arroyo E², Sosa D², Aguinaga M⁴, Pérez-Durán J⁵, Rosas H³, Frías S^{1,6}

¹Laboratorio de Citogenética, Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México. ²Unidad de Genética Aplicada, Hospital Ángeles Lomas, Huixquilucan, Estado de México. ³Unidad de Investigación Médica en Genética Humana, Hospital de Pediatría, Centro Médico Nacional Siglo XXI, Instituto Mexicano del Seguro Social, Ciudad de México. ⁴Departamento de Genética, Instituto Nacional de Perinatología, Ciudad de México. ⁵Departamento de Investigación en Salud Reproductiva y Perinatal, Instituto Nacional de Perinatología, Ciudad de México. ⁶Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México. México.

En la especie humana, de 15%-20% de embarazos reconocidos se pierden durante el desarrollo embrionario o fetal, estas pérdidas gestacionales (PG) pueden deberse a anomalías cromosómicas o salud materna, entre otras causas. Hasta el momento, las causas genómicas han sido poco exploradas; hay algunos reportes de variantes en el número de copias (CNV) y se conoce que cerca del 3% de las PG con cariotipo normal presentan disomía uniparental (DUP), no se han explorado hasta el momento las regiones largas de homocigosidad (LCSH), que pudieran contener variantes recesivas homocigotas en genes que participen en el desarrollo embrionario o fetal. En este trabajo empleamos microarreglos cromosómicos de alta resolución para detectar CNV, LCSH y DUP e identificar si estas regiones contienen genes de importancia para el desarrollo embrionario o fetal. Previo consentimiento informado, se tomaron 60 muestras de tejido de PG. Se extrajo el DNA y se realizaron microarreglos Cytoscan 750K; 9 de ellos no pasaron el QC. En 51 se analizaron CNV comparando con 50 controles nacidos vivos (NV), LCSH comparando con NV y 50 microarreglos de PG de población china (CHN), y DUP comparando con NV y CHN. En los 51 casos se encontraron CNV, 8/51 con CNV patológicas, que contienen genes reguladores como *NIPBL* y *TBX6*. Observamos LCSH en 47/51 casos; 7/47 LCSH no comunes que incluyen los genes *PKHD1*, *MVD*, *BRIP1* y *PNKP*, implicados en morfogénesis y reparación del daño al DNA, 5/47 presentaron una LCSH en común (17q23), no presente en NV y CHN, este hallazgo sugiere que podría haber variabilidad entre distintas poblaciones, 17q23 contiene el gen *BCAS3*, fundamental para el desarrollo temprano, 2/47 presentaron regiones con DUP 2p y reportada previamente y otra en 15q ya reportada. Este estudio muestra que existen variantes genómicas en las PG que podrían ser importantes para el desarrollo embrionario o fetal y que no se habían descrito previamente, lo cual aporta conocimiento sobre la etiología de las PG.



Estudio del desarrollo craneofacial de *Canis lupus familiaris* (Xoloitzcuintle)

Torres Gómez MJ¹, Albarrán Tamayo FI², Bañuelos Hernández B², García González OG³,
Forastieri R⁴, Valdez Azúa R⁵

¹Universidad de Guanajuato, División de Ciencias e Ingenierías. ²Universidad La Salle Bajío, Medicina Veterinaria. ³Hospital Regional de Alta Especialidad del Bajío (HRAEB). ⁴Criadero Caliente. ⁵Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Instituto de Investigaciones Antropológicas

El presente estudio tiene como objetivo analizar el desarrollo craneofacial de *Canis lupus familiaris* (Xoloitzcuintle), con énfasis en los mecanismos genéticos asociados a la variación del fondo genético FOXI3(+/-), gen que participa en la formación de estructuras ectodérmicas y óseas y que representa un modelo relevante para comprender la morfogénesis craneofacial en mamíferos. Para ello, se evaluaron fetos caninos mediante diafanización (tinción diferencial óseo-cartilaginosa) y análisis morfológico comparativo entre los genotipos FOXI3(+/+) y FOXI3(+/-), explorando además la expresión de MSX2 como regulador clave de la diferenciación osteogénica. Los resultados indican que el genotipo FOXI3(+/-) se asocia con alteraciones en la organización craneal, así como con cambios en la formación y cierre de las suturas craneales; a nivel molecular, estas variaciones podrían vincularse con modificaciones en las vías de señalización BMP, FGF y TGF- β , las cuales regulan la expresión de factores osteogénicos. Estos hallazgos sugieren que la variación en FOXI3 contribuye a la diversidad fenotípica del Xoloitzcuintle, integrándose en los procesos de regulación genética y desarrollo craneofacial. El estudio aporta evidencia para interpretar este fenotipo desde una perspectiva evolutiva: al ser FOXI3 un factor de transcripción que actúa sobre la cresta neural craneal, cumple con algunos de los parámetros propuestos por Wilkins et al. (2014) para explicar los efectos pleiotrópicos característicos del síndrome de domesticación. En humanos, variantes en FOXI3 se han asociado con microsomía craneofacial (síndrome de Goldenhar) y con deleciones del locus 2p11.2 que cursan con malformaciones auriculares (Chen et al., 2026), lo que respalda la relevancia traslacional de estudiar este gen en un modelo natural como el Xoloitzcuintle para comprender mejor la base genética de malformaciones craneofaciales análogas en humanos.



Ablación láser de la célula apical del nicho de células troncales de *Marchantia polymorpha*: un sistema *in vivo* para el estudio de la regeneración

Torres-Ruiz JJ¹, Flores-Sandoval E^{2,3}, Bowman JL^{2,3}, Cruz-Ramírez A¹

¹Laboratorio de Complejidad Molecular y del Desarrollo en la Unidad de Genómica Avanzada, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados, Km. 9.6 Libramiento Norte Carretera Irapuato-León, Irapuato, Guanajuato CP 36824, México. ²School of Biological Sciences, Monash University, Melbourne, VIC, 3800, Australia. ³ARC Centre of Excellence for Plant Success in Nature and Agriculture, Monash University, Melbourne, VIC, 3800, Australia.

La regeneración es el proceso del desarrollo mediante el cual un organismo (multicelular) renueva, repara o sustituye completamente un órgano o tejido dañado mecánicamente o incluso recrea un individuo entero. Aunque la regeneración en plantas puede observarse en diferentes contextos, la capacidad de reorganización que presentan los meristemas tras daño los convierte en sistemas ideales para estudiar los fundamentos de la regeneración. Se ha descrito en *Arabidopsis* que la ablación láser de células en el nicho de células troncales (NCT) puede desencadenar reprogramación celular que restaura la organización meristemática original. Estos procesos involucran tanto señales posicionales como activación de rutas de desarrollo embrionarias, y constituyen un área clave para entender la plasticidad del desarrollo vegetal. El meristemo de *Marchantia polymorpha*, un modelo de estudio con destacada capacidad regenerativa presenta en su meristemo una organización sencilla con una única célula apical situada en el centro de una estructura conocida como apical notch. La célula apical actúa como célula troncal y presenta divisiones en cuatro planos originando grupos clonales llamados merofitos conformando así el NCT. La identidad de la célula apical está determinada por la expresión del gen *MpLAXR*, el cual contribuye a la formación de un nuevo meristemo tras daño. En este proyecto nos enfocamos en desarrollar un sistema de daño al NCT de *Marchantia* basado en ablación láser para eliminar selectivamente la célula apical usando la línea *proMpLAXR::mVenus-N7* (Flores-Sandoval et al., 2026) en un sistema que permitió seguir el restablecimiento del nuevo nicho *in vivo*. Los resultados preliminares obtenidos a través de este sistema sientan las bases para futuros análisis de la dinámica de restablecimiento del NCT, y para determinar la contribución de otros genes de interés como factores de troncalidad o reguladores del ciclo celular, en la reprogramación celular asociada a la regeneración.



Plasticidad de los Hemocitos durante la Regeneración de la Cola en la babosa de jardín *Deroceras laeve*

Trujillo-Barrientos J¹, Gutiérrez-Sarmiento W¹, Hernández-Ramírez LF³, Hernández-Rosales M³, G Martínez-Cabrera¹, Cortés-Encarnación R¹, Pimentel-Domínguez R², Ávila R², Lozano-Flores C¹, Varela-Echavarría A¹

¹Instituto de Neurobiología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Querétaro, Querétaro 76230, México. ²Centro de Física Aplicada y Tecnología Avanzada, UNAM, Querétaro, Querétaro 76230, México. ³CINVESTAV, Unidad Irapuato, Irapuato, Guanajuato 36821, México.

La regeneración es un proceso complejo que involucra diferentes mecanismos y componentes, dos de los cuales son el sistema inmune y células troncales pluripotentes. Ambos han sido descritos como componentes independientes, pero en algunos organismos parecen estar más relacionados de lo que parecía inicialmente. El limaco o babosa, *Deroceras laeve*, es un molusco que desarrollamos como modelo experimental para estudiar este proceso debido a sus altas capacidades regenerativas. Para dilucidar si los hemocitos, las células inmunes de este organismo, contribuyen directamente a la restauración de tejidos durante la regeneración de la cola, utilizamos una combinación de métodos genómicos y de biología experimental. Nuestros resultados muestran que la infiltración de hemocitos hacia la herida se da desde etapas tempranas de la regeneración. Además, estos hemocitos muestran cambios en tasas de proliferación, patrones de expresión génica e inmunoreactividad a lo largo del proceso regenerativo. Adicionalmente, la depleción de los hemocitos afecta la formación del blastema. Estos resultados sugieren que los hemocitos tienen una alta plasticidad celular y que podrían dar lugar a otros tipos celulares durante la regeneración de la cola en este limaco.



El papel de la metilación de ARN m6Am en la supervivencia del glioblastoma

Trujillo García T, Idelfonso García O, Valle-García D

Centro de Investigación sobre el Envejecimiento, Laboratorio de Epigenética, Cinvestav Sede Sur.

Clasificado como un astrocitoma de grado IV, el glioblastoma (GB) es, a nivel global, el tumor cerebral primario más prevalente y mortal en adultos. A pesar de los avances en los tratamientos contra el cáncer, la supervivencia al GB más allá de los 5 años se observa en menos del 5% de los pacientes. La enorme complejidad y heterogeneidad de este tipo de tumores ha provocado un estancamiento en el desarrollo de nuevas dianas terapéuticas y tratamientos más efectivos. Por ello, es relevante entender los distintos mecanismos moleculares que permiten su crecimiento y resistencia. Actualmente, uno de los descubrimientos más interesantes en la biología del GB involucra al factor de interacción CTD fosforilado 1 (PCIF1), una metiltransferasa responsable de la modificación química N6,2'-O-dimetiladenosina (m6Am), ubicada en la adenosina adyacente al extremo 5' de los ARN mensajeros (ARNm) en mamíferos. Estudios recientes identifican a PCIF1 como un posible supresor tumoral de GB, ya que la sobre-expresión de PCIF1 arresta a las células de GB en la fase G2/M e induce su apoptosis. A pesar de que hay evidencia que sugiere que PCIF1 actúa como un modulador de la agresividad del GB en pacientes, vinculando sus efectos moleculares con la malignidad tumoral y el comportamiento metastásico, se desconocen las vías moleculares por las cuáles PCIF1 ejerce su efecto. Por ende, este trabajo tiene como objetivo analizar el efecto transcriptómico de la eliminación de m6Am en distintas líneas celulares humanas de GB, a través de la secuenciación por Oxford Nanopore. Con ello, planeamos identificar los genes involucrados en la supervivencia celular de GB, con el fin de contribuir al discernimiento del mecanismo molecular por el que PCIF1 modula la malignidad de este mortal cáncer.



Regulación de la muerte celular programada y la condrogénesis en el parche opaco durante el desarrollo de la extremidad de pollo

Vallejo-De-Lira CM, Chimal-Monroy J, Marín-Llera JC

Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

La muerte celular programada (MCP) es un proceso fundamental que esculpe las extremidades de los vertebrados y asegura la correcta separación de los elementos esqueléticos. En la región interdigital de la extremidad del embrión de pollo, las señales del ácido retinoico (AR) y de la proteína morfogenética ósea (BMP) actúan como factores proapoptóticos. Sin embargo, los mecanismos que regulan la MCP en el parche opaco (PO), que separa los elementos del zeugopodo, siguen inexplorados. Este estudio busca elucidar los roles regulatorios de las vías del AR y BMP en el PO durante el desarrollo de la extremidad posterior del pollo. Mediante ATAC-seq, identificamos un paisaje dinámico de accesibilidad a la cromatina en el PO antes y después de la MCP. El análisis bioinformático mostró que regiones accesibles proximales a promotores de genes de la MCP y condrogénicos poseen motivos para factores de transcripción responsivos al AR y BMP, sugiriendo regulación transcripcional directa. Para evaluar su función, inhibimos ambas vías con perlas de AGN193109 (antagonista de RAR) o Noggin (antagonista de BMP) entre los estadios 21–24HH. La inhibición del AR indujo apoptosis en etapas tempranas, mientras que el antagonismo de BMP aumentó la muerte celular y suprimió la expresión de Sox9 en el elemento anterior del zeugopodo. Estos hallazgos contrastan con sus roles proapoptóticos interdigitales, sugiriendo que en el PO el AR y las BMP funcionan como factores de supervivencia o procondrogénicos. Esto revela una red regulatoria dependiente del contexto que rige la muerte celular y el patrón esquelético, aportando nuevos conocimientos sobre la morfogénesis de la extremidad.



La pleiotrofina induce la expresión del receptor de integrina PAT-3 en *Caenorhabditis elegans*: un modelo funcional para el estudio de ITGB3 humano

Vela Sancho GB¹, Taboada Jara T², Pallàs M^{2,3}, Griñán Ferrè C^{2,3}, Ortuño Sahagún D¹

¹Laboratorio de Neuroinmunobiología Molecular, Instituto de Neurociencias Traslacionales, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Jalisco, México. ²Departamento de Farmacología, Toxicología y Química Terapéutica, Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación, Instituto de Neurociencias, Universidad de Barcelona, 08028 Barcelona, España. ³CIBERNED, Centro de Investigación Biomédica en Red sobre Enfermedades Neurodegenerativas, Instituto de Salud Carlos III, 28220 Madrid, España.

La integrina $\beta 3$ (ITGB3) es una proteína transmembrana que participa en la adhesión y señalización celular, regulando procesos inmunitarios e inflamatorios que favorecen la migración de células a través de la barrera hematoencefálica (1). Alteraciones en su expresión se han asociado con enfermedades neuroinflamatorias y, en concordancia, en nuestro laboratorio se identificó una expresión diferencial de ITGB3 en células mononucleares de sangre periférica de pacientes con esclerosis múltiple remitente-recurrente (2). Sin embargo, los mecanismos moleculares que regulan esta vía permanecen poco comprendidos. Para identificar mecanismos conservados, estudiamos el homólogo funcional de *ITGB3*, *pat-3*, en *Caenorhabditis elegans*, junto con los genes relacionados *pat-2* y *lam-3*, seleccionados mediante análisis bioinformático de homología funcional. Gusanos N2 (tipo silvestre) y mutantes CL2006 fueron expuestos a pleiotrofina (PTN), ligando de ITGB3 en humanos, en concentraciones de 50–500 ng/mL, previamente establecidas en cultivos de células madre/progenitoras humanas. La toxicidad, evaluada mediante OD595 durante cuatro días, no mostró diferencias entre tratamientos. La expresión génica se cuantificó por RT-qPCR, revelando una regulación positiva de *pat-3* en CL2006 respecto a N2 ($p < 0.001$) y un incremento de su expresión en N2 tras el tratamiento con PTN ($p < 0.01$). *pat-2* y *lam-3* mostraron una tendencia similar. El análisis de motilidad mediante MicroTracker no detectó cambios significativos, aunque evidenció una tendencia dependiente de la dosis hacia una mayor actividad locomotora. En conjunto, estos resultados sugieren que *pat-3* constituye un homólogo funcional de *ITGB3* y respaldan el uso de *C. elegans* como modelo para estudiar la señalización PTN–ITGB3 y su posible implicación en enfermedades neuroinflamatorias como la esclerosis múltiple.



Caracterización transcripcional de la vía Wnt durante la regeneración de *Hydra oligactis* en respuesta a la inhibición de mTORC1 durante su fase sexual

Villalana Alvarez LD, Campos SE

Centro de Investigación sobre el Envejecimiento, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV) sede sur.

Se ha postulado que el deterioro progresivo de la estructura y función de los tejidos observada durante el envejecimiento está relacionado con la pérdida gradual de la capacidad regenerativa. La vía Wnt, es esencial para llevar a cabo la regeneración en animales y disminuye su actividad durante el envejecimiento. Se ha propuesto que uno de los principales reguladores del envejecimiento, la vía de mTORC1, suprime la señalización de Wnt mediante la regulación negativa de la expresión del receptor de Wnt, Frizzled (FZD), afectando negativamente la regeneración. En el presente trabajo proponemos usar a *Hydra oligactis*, un cnidario virtualmente inmortal y altamente regenerativo cuando se reproduce de manera asexual; sin embargo, una vez su reproducción sexual es inducida, muestra una pérdida gradual de su capacidad regenerativa, lo cual correlaciona con un aumento en su tasa de mortalidad. Hipotetizamos que la inducción de la reproducción sexual en *H. oligactis* promueve la actividad de mTOR, impactando negativamente el potencial regenerativo al disminuir la actividad de la vía Wnt. Al tratar a los pólipos de *H. oligactis* con rapamicina, un inhibidor específico de la vía mTOR, se recuperará la actividad de la vía Wnt y por lo tanto la capacidad regenerativa de *H. oligactis*. Para caracterizar el efecto del tratamiento con rapamicina en *H. oligactis*, usaremos bulk RNA-seq para analizar la respuesta transcripcional a la lesión en animales bisectados con y sin rapamicina después de la inducción sexual. Esta estrategia nos permitirá identificar genes con un papel relevante para el mantenimiento de la regeneración durante el envejecimiento. Además, usaremos RNA de interferencia para evaluar la función de los genes candidato durante la regeneración de pólipos de *H. oligactis* e *H. vulgaris*. Predecimos, que al final de este proyecto podremos identificar reguladores importantes de la regeneración durante el envejecimiento y su relación con la vía de señalización de mTOR.



Estudio de las funciones de RETINOBLASTOMA-RELATED en *Marchantia polymorpha*

Villalobos-Rodriguez Tania Sofía, Cruz-Ramírez Luis Alfredo

Laboratorio de Complejidad Molecular y del Desarrollo, Unidad de Genómica Avanzada del Cinvestav

El gen *RB1*, que codifica la proteína pRb, fue el primer gen supresor tumoral descubierto en humanos, identificado en estudios sobre el retinoblastoma, un cáncer ocular pediátrico. El homólogo en plantas más estudiado es RBR (Retinoblastoma-Related) de *Arabidopsis thaliana*. Los principales dominios y motivos de las proteínas pRb y RBR están altamente conservadas, incluyendo un dominio N-terminal, una región de bolsillo (*pocket*) compuesta por dos dominios: el dominio de bolsillo A y el dominio B, este último conteniendo el bolsillo de unión a LxCxE, y una región C-terminal desordenada comúnmente denominada RbC. En *Arabidopsis*, como su homólogo en humanos, la función principal de RBR es controlar el paso de la fase G1 a la fase S del ciclo celular, impidiendo que la célula inicie la replicación del ADN si no están dadas las condiciones apropiadas. Además, se ha descrito otras funciones no canónicas de RBR en plantas, entre las que destaca la de promover la diferenciación de distintos linajes celulares mediante la interacción con factores de transcripción maestros involucrados en las divisiones asimétricas de las células troncales de diversos tejidos. Dado que RBR se encuentra conservado en diversos organismos, en este trabajo presentamos los avances en la caracterización del ortólogo de RBR y sus funciones en la planta hepática *Marchantia polymorpha*. Para ello, generamos líneas transformantes de sobreexpresión (*MpRBR-OE*) y evaluamos el impacto molecular y fenotípico de dicho incremento funcional. Estos resultados permiten comprender mejor cómo se regula y qué funciones desempeña MpRBR en el desarrollo de plantas no vasculares.



Análisis funcional de RNAs largos no codificantes que regulan la expresión génica en *Drosophila melanogaster*

Yucupicio-Lugo L¹, Moreno-Félix ML¹, Díaz-Chávez A¹, García-Adrián D¹, Razo-Mendivil FG¹,
Fernández-Valverde SL², Oktaba-Sosin K¹

¹Unidad Irapuato, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, Irapuato 36824, México.

²School of Biotechnology and Biomolecular Sciences, RNA Institute, University of New South Wales, Sydney 2052, Australia.

Los RNAs largos no codificantes (lncRNAs) son importantes reguladores de la expresión génica. En *Drosophila melanogaster*, un organismo modelo bien establecido, se han identificado más de 2,000 lncRNAs; sin embargo, la mayoría permanece sin caracterización funcional y su anotación genómica sigue en proceso. Para abordar esto, realizamos una anotación exhaustiva de lncRNAs en los discos imaginales de ojo-antena y ala de *D. melanogaster*, identificando 102 nuevos transcritos. De estos, 29 son intergénicos (13 de los cuales corresponden a isoformas de lncRNAs previamente anotados) y 9 presentan expresión tejido-específica. A partir de esta anotación, actualmente estamos seleccionando lncRNAs candidatos mediante análisis a escala genómica de interacciones RNA-DNA, patrones de expresión específicos y posibles genes blanco. Posteriormente, se generarán líneas mutantes para los candidatos más prometedores con el fin de realizar estudios funcionales in vivo. Mediante la integración de enfoques bioinformáticos y experimentales, este trabajo busca esclarecer la contribución de los lncRNAs a la regulación de la expresión génica y ampliar nuestro entendimiento de los mecanismos reguladores del desarrollo.



Expresión de la distrofina Dp71 durante el desarrollo de la retina del ratón

Zacarías M, Aragón J, Montañez C

Departamento de Genética y Biología Molecular, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N.

La distrofia muscular de Duchenne (DMD) es una enfermedad ligada al cromosoma X que se caracteriza por la presencia de atrofia muscular severa, trastornos mentales y retinopatías. La DMD es causada por mutaciones en el gen *dmd*, el cual codifica para una familia de distrofinas, entre ellas Dp71, cuya expresión es abundante en el sistema nervioso central. En la retina, Dp71 se expresa en las células gliales de Müller, interactuando con Kir4.1 y Aqp4 para regular el transporte de potasio y agua, respectivamente. La ausencia de Dp71 causa inflamación y edema, aunque niveles mínimos de expresión de esta distrofina logran estabilizar la vascularización. El mRNA de Dp71 presenta diferentes procesamiento alternativo generando 3 grupos de isoformas: Dp71d, Dp71f y Dp71e, las cuales cambian su expresión durante el desarrollo del cerebro del ratón, además se ha reportado que en ratones adultos, el grupo Dp71f es más abundante en retina que en cerebro, por ello en el presente trabajo se analizó la expresión del mRNA de Dp71 y de las isoformas de Dp71f a nivel de proteína durante el desarrollo de la retina de ratón (C57BL/6), en los estadios embrionarios (E) E15 y postnatales (P) P0, P7, P14, P21 y P60, mediante ensayos de RT-PCR, RT-qPCR y Western blot. Los resultados muestran que la expresión del mRNA de Dp71 aumenta de forma progresiva a lo largo del desarrollo de la retina; asimismo, la expresión de las isoformas de Dp71f de longitud completa y Dp71f_{Δ71-74}, a nivel de proteína, aumenta durante el desarrollo de la retina del ratón. Estos resultados demuestran una regulación positiva en la expresión del mRNA y de la proteína Dp71 durante el desarrollo del sistema nervioso central. Los resultados de este trabajo contribuirán a la comprensión de los mecanismos de regulación del gen *dmd*, particularmente del procesamiento alternativo del mRNA de Dp71, y enriquecerán el conocimiento sobre el desarrollo de la retina del ratón.