



FCB
FACULTAD DE
CIENCIAS BIOLÓGICAS



1ER SIMPOSIO INTERNACIONAL M4

(Microbiota, Microbioma, Metagenómica y Metatranscriptómica):
SECUENCIACIÓN MASIVA PARA ESTUDIOS DE VANGUARDIA

MEMORIA

Octubre/ 15 a 17 / 2025

Gómez Palacio, Durango, México



COMPILACIÓN Y EDICIÓN GENERAL:

Cristina García De La Peña
Jesús Vásquez Arroyo
Luis Manuel Valenzuela Núñez
Quetzaly Karmy Siller Rodríguez
Juan Carlos Herrera Salazar
Verónica Ávila Rodríguez



Trabajos presentados en el 1er Simposio Internacional M4 (Microbiota, Microbioma, Metagenómica y Metatranscriptómica) celebrado en modalidad virtual y transmitido desde la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Juárez del Estado de Durango, en la Ciudad de Gómez Palacio, Durango, México, del 15 al 17 de Octubre del 2025.

Primera Edición: Octubre, 2025.

DR © Universidad Juárez del Estado de Durango
Av. Universidad s/n Fraccionamiento Filadelfia
Gómez Palacio, Durango, México, C.P. 35010
Tel. 871 7152077

Publicado por:

Universidad Juárez del Estado de Durango
Facultad de Ciencias Biológicas
Comité Editorial

Web: <https://www.lmcujed.com/simposium>

e-mail: simposiom4@gmail.com

Comité científico:

Dra. Cristina García De la Peña
Dr. Jesús Vásquez Arroyo
Dr. Luis Manuel Valenzuela Núñez
Dra. Quetzaly Karmy Siller Rodríguez
Dr. Juan Carlos Herrera Salazar
Dra. Verónica Ávila Rodríguez

INSTITUCIONES Y PERSONAL MIEMBROS DEL COMITÉ ORGANIZADOR

El 1er Simposio Internacional M4 (Microbiota, Microbioma, Metagenómica y Metatranscriptómica) fue organizado por el **Cuerpo Académico UJED-CA-143 “Ciencias Biomoleculares”** miembros: Dra. Cristina García De la Peña, Dr. Jesús Vásquez Arroyo, Dr. Luis Manuel Valenzuela Núñez y Dra. Quetzaly Karmy Siller Rodríguez de la Universidad Juárez del Estado de Durango. Las siguientes instituciones y personas colaboraron en la organización de este evento.

Por la Facultad de Ciencias Biológicas-UJED:

M.C. Juan Carlos Ontiveros Chacón
M.C. Annely Zamudio López
M.C. Jorge Luis Cortinas Salazar
M.C. Judith Correa Gómez
Biol. Danna Itzel Orozco López
Biol. Alexandra Arellano Correa
Biol. Rodolfo Frutos Ríos

Por el Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Durango (COCYTED):

Dr. José Betancourt Hernández
M.C. Sofía Carrillo Lechuga

Por la UAAAN-UL (Cuerpo Académico CA-UAAAN-040, Producción y alimentación de bovinos con cultivos orgánicos):

Dr. Ramiro González Avalos
M.C. Blanca Patricia Peña Revuelta
M.IBQ. Melisa C. Hermosillo Alba
M.IBQ. Reyna Roxana Guillén Enríquez

Por la UAAAN-UL (Departamento de Seguridad e Higiene):

Dr. Sergio Iván Barraza Guerrero
M.C. Ernesto Martínez Aranda

Por la UAAAN-UL (Departamento de Agroecología):

Dra. Alejandra Cabrera Rodríguez

Por la Universidad Autónoma de Chihuahua:

Dr. Joel Domínguez Viveros
Dr. Guadalupe Nelson Aguilar Palma

Por la Universidad de Sonora (Cuerpo Académico UNISON-CA-158, Determinantes de enfermedades crónicas e Infecciosas):

Dra. Jesús Adriana Soto Guzmán

Dr. Gerardo Álvarez Hernández

Por la Universidad de Chapingo URUZA (Posgrado Recursos Naturales y Medio Ambiente en Zonas Áridas):

Dr. César Alberto Meza Herrera

Por la Facultad de Estudios Superiores Iztacala UNAM (Laboratorio Nacional en Salud, Diagnóstico Molecular y Efecto Ambiental en Enfermedades Crónico-Degenerativas):

Dra. Clara Estela Díaz Velásquez

Dr. Héctor Martínez Gregorio

Dr. Felipe Vaca Paniagua

Dr. Luis Ignacio Terrazas Valdés

Dr. Miguel Ruiz de la Cruz

Por la Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Coahuila:

Dra. Miriam Paulina Luevanos Escareño

Dra. Erika Flores Loyola

Dra. María Teresa Salazar Ramírez

Por el INIFAP CENID-RASPA:

Dra. Erika Nava Reyna

Por Microbioma Lab:

Dra. Yendi Navarro Noya

Dr. Yosef Chávez Romero

Por Winter Genomics:

Dra. Karla Alejandra Ruiz Ceja

Dra. Violeta Larios Serrato

Por OMICs Analysis:

M.C. Aurora Labastida Martínez

Por Genomics Track Solutions:

Lic. José Antonio Ovando Ricárdez

El contenido de los trabajos presentados en esta memoria es responsabilidad de los autores y no representa la opinión del Comité Editorial y Científico de esta publicación.

Se autoriza la reproducción parcial de los contenidos, siempre y cuando sea sin fines de lucro para usos académicos, citando debidamente la fuente y dando crédito a los autores.

PRESENTACIÓN

En las últimas dos décadas, las ciencias ómicas (particularmente la microbiota, el microbioma, la metagenómica y la metatranscriptómica) se han consolidado como herramientas indispensables para comprender la compleja relación entre los microorganismos y los sistemas biológicos de los que forman parte. Hoy, en pleno siglo XXI, la investigación ómica se ha convertido en un eje estratégico para abordar desafíos globales en conservación de la biodiversidad, salud pública, producción agropecuaria y sostenibilidad ambiental.

El estudio de la microbiota y el microbioma revela el papel fundamental que desempeñan los microorganismos en la regulación de ecosistemas naturales y productivos. Desde la estabilidad de los suelos agrícolas hasta la resiliencia de los ecosistemas acuáticos, la diversidad microbiana sostiene procesos clave como el reciclaje de nutrientes, la detoxificación de contaminantes y la resistencia frente a plagas y enfermedades. Estos hallazgos se traducen en aplicaciones prácticas para el desarrollo de una agricultura más sostenible, con menor dependencia de agroquímicos y mayor capacidad de adaptación al cambio climático.

En el ámbito de la salud pública y la medicina, las ciencias ómicas permiten avanzar hacia un enfoque preventivo y personalizado. La identificación de comunidades microbianas asociadas a la salud humana abre nuevas perspectivas en el diagnóstico temprano de enfermedades infecciosas, metabólicas y crónicas, así como en el diseño de terapias basadas en la modulación del microbioma. Del mismo modo, la metagenómica y la metatranscriptómica se consolidan como métodos de vanguardia para la detección de patógenos emergentes, la vigilancia epidemiológica y la preparación frente a futuras pandemias.

En el sector agropecuario y veterinario, estas herramientas ofrecen soluciones innovadoras para mejorar la salud y productividad animal, reducir el uso indiscriminado de antibióticos y diseñar estrategias de bioseguridad más efectivas. Con ello, se contribuye no solo al bienestar animal, sino también a la protección de la salud humana bajo el paradigma de Una Sola Salud (One Health), que reconoce la interconexión entre los ecosistemas, los animales y las personas.

El 1er Simposio Internacional M4 surge con la convicción de que la generación, intercambio y aplicación del conocimiento ómico son pilares para afrontar los retos contemporáneos en conservación, salud y producción sostenible. Este evento reúne a investigadores, profesionales y estudiantes para dialogar sobre experiencias, metodologías y perspectivas de futuro, fortaleciendo redes de colaboración que trascienden fronteras disciplinarias y geográficas. Con esta Memoria, se busca dejar testimonio del esfuerzo colectivo y resaltar que las ciencias ómicas no son ya una promesa del futuro, sino una realidad transformadora del presente.

M.C. Fernando Alonzo Rojo
Director de la Facultad de Ciencias Biológicas, UJED

CONFERENCISTAS MAGISTRALES

DRA. ROSA DEL CAMPO-MORENO
Hospital Ramón y Cajal, Madrid, España
Conferencia: "Microbiota y salud"



Semblanza: La Dra. Rosa del Campo Moreno, investigadora clínica del Hospital Ramón y Cajal, es Licenciada en Medicina y Cirugía por la Universidad de Zaragoza (1994), donde también obtuvo el Doctorado (1998). Ha sido Presidenta del Grupo Especializado para el Estudio de la Microbiota Humana de la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC-GEMBIOTA). Actualmente también forma parte de la Junta Directiva de la REDBAL, es profesora de la Universidad Alfonso X El Sabio y miembro activo de numerosas organizaciones científicas y clínicas como SEM, SEIMC, SEQ, ESCMID e ICAAC. Sus líneas de trabajo se centran en el estudio de probióticos y microbiota intestinal, transferencia de materia fecal y resistencia a los antimicrobianos. Durante su carrera profesional, ha obtenido numerosos proyectos internacionales, becas y premios. Asimismo, es autora de más de 250 publicaciones y ha dirigido 17 tesis doctorales.

DRA. ASUNCIÓN LAGO LESTÓN
Centro de Investigaciones Científicas y de Estudios Superiores de Ensenada (CICESE)
Conferencia: "Genómica ambiental: de la ecología a la biotecnología"



Semblanza: La Dra. Asunción Lago Lestón es Investigadora Titular C del Departamento de Innovación Biomédica del Centro de Investigaciones Científicas y de Estudios Superiores de Ensenada (CICESE), Baja California, donde dirige el Laboratorio de Metagenómica (10-2014) y es miembro del SNII nivel 2. Asunción es licenciada en Biología (Univ. de Santiago de Compostela, España), maestra en Biotecnología Marina (CICESE, México) y doctora en Biología Molecular (Univ. del Algarve, Portugal). Realizó estancias postdoctorales en el Centro de Ciencias del Mar (Portugal) y el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CSIC, España). Ha realizado estancias sabáticas en el Inst. Gulbenkian de Ciência (Portugal). Forma parte del Consorcio de Investigación del Golfo de México y es miembro fundador de la Red Mexicana Extremófilos. Sus líneas de investigación buscan comprender cómo los microorganismos marinos se adaptan a diferentes entornos e influyen en los ciclos geoquímicos, explorando hábitats extremos como las aguas profundas, zonas limitantes de oxígeno, áreas geotérmicas, volcanes de lodo, etc., en busca las estrategias metabólicas que les permiten sobrevivir en entornos tan desafiantes. Además, estudia microbiomas asociados a invertebrados y mamíferos marinos para comprender su papel en el bienestar de sus huéspedes. En general estudia las comunidades microbianas desde una perspectiva ecológica, evolutiva y biotecnológica utilizando técnicas de secuenciación de alto rendimiento y análisis bioinformáticos para descubrir toda esta biodiversidad y potencial oculto.

DR. HÉCTOR MARTÍNEZ GREGORIO

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, UNAM

Conferencia: "Uso de herramientas bioinformáticas para el estudio del microbioma: de la secuenciación al análisis"



Semblanza: El Dr. Héctor Martínez Gregorio es Químico-Farmacéutico-Biólogo por la Universidad Autónoma "Benito Juárez" de Oaxaca; realizó la Maestría y el Doctorado en el programa de Ciencias Biológicas en la Universidad Nacional Autónoma de México. Actualmente es profesor de carrera asociado C en la Facultad de Estudios Superiores Iztacala de la UNAM impartiendo clases en la carrera de biología y ecología, así como de posgrado. Forma parte del cuerpo académico del Área de Secuenciación Masiva del Laboratorio Nacional en Salud: Diagnóstico Molecular y Efecto Ambiental en Enfermedades Crónico-Degenerativas de la misma facultad. El Dr. Martínez es miembro del SNII nivel candidato desde 2024, cuenta con 14 artículos publicados, 1 capítulo de libro y ha participado en proyectos de investigación nacionales e internacionales que se centra en el estudio del cáncer de mama y colon con un enfoque genómico.

DR. RAFAEL JOSÉ VIVERO GÓMEZ

Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

Conferencia: "Ómicas y enfoque dependiente de cultivos articulado a la bioprospección para el estudio del microbioma de insectos vectores"



Semblanza: El Dr. Rafael José Vivero Gómez es Biólogo con profundización en bioinformática y entomología, con una maestría en biología enfocada en taxonomía integrativa y ecología de insectos vectores, doctorado en biotecnología asociado con la exploración de estrategias microbiológicas y ómicas para el estudio de microbiomas en insectos vectores y un postdoctorado sobre biodiversidad de microorganismos y control biológico de insectos vectores e insectos plaga. Investigador en diferentes grupos de investigación, como el PECET de la Universidad de Antioquia, el Grupo de Investigación en Sistemática Molecular y actualmente en el grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección- Microbiop de la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. La divulgación científica se ha centrado principalmente en enfoques de taxonomía integrativa (barcoding - genómica) y ecología de vectores, así como en el estudio de los microbiomas (bacterioma - Viroma) y su bioprospección en insectos vectores e insectos plagas mediante enfoques dependientes e independientes de cultivos (Ómicas), integrando variables como la resistencia a insecticidas, cambio climático, fuentes de ingesta sanguínea, circulación de patógenos y la perturbación ambiental. También durante años hemos logrado trabajar en territorio con diferentes comunidades y actores sobre la divulgación del conocimiento, el diálogo de saberes y el establecimiento de redes de cooperación sobre biotecnología, enfermedades tropicales y control biológico.

DR. RAMÓN ALBERTO BATISTA GARCÍA
Universidad Autónoma del Estado de Morelos
Conferencia: "Del gen al ecosistema: estrategias ómicas para el estudio de hongos extremófilos y su valor en biodiversidad y biotecnología"



Semblanza: El Dr. Ramón Batista es investigador especializado en microbiología molecular, micología ambiental y biotecnología de hongos en ambientes extremos. Su trabajo se centra en la caracterización de hongos halófilos, osmotolerantes y poliextremófilos mediante enfoques integrados que incluyen metagenómica, culturomica y transcriptómica. Ha liderado proyectos internacionales sobre biorremediación, adaptaciones fisiológicas y conservación de la biodiversidad fúngica en ecosistemas hipersalinos, desérticos y alcalinos. Con amplia experiencia en colaboración científica global, Batista promueve la aplicación de herramientas ómicas para comprender los límites de la vida fúngica y su potencial tecnológico. Actualmente impulsa estrategias sostenibles basadas en la microbiota de ambientes extremos para enfrentar desafíos ecológicos y ambientales.

M.C. AURORA LABASTIDA MARTÍNEZ
Gerente Comercial de OMICs Analysis
Conferencia: "Metagenómica, principios básicos y planeación de proyectos"



Semblanza: La M.C. Aurora Labastida Martínez estudió la Licenciatura en Investigación Biomédica Básica y la Maestría en Ciencias Bioquímicas en la UNAM. Es programadora desde 2003 y desde 2011 se ha dedicado al análisis de datos de secuenciación masiva de ADN en instituciones académicas y privadas. En 2017 fundó el servicio de análisis de datos OMICs Analysis, que apoya a científicos que realizan grandes proyectos de genómica, metagenómica y transcriptómica en México y Estados Unidos.

DR. MIGUEL ÁNGEL MARTÍNEZ MERCADO
Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste
(CIBNOR), México
Conferencia: "Ecogenómica microbiana en ambientes
extremos, los tapetes hipersalinos de Guerrero Negro"



Semblanza: Doctor en Ciencias por el Instituto de Biotecnología de la UNAM en el área de Virología, postdoctorado en Ecología Microbiana en The Ohio State University y en Ecología Marina como parte del Consorcio de Investigación del Golfo de México (CIGOM) en el Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California (CICESE). Cuenta con amplia experiencia en caracterización de la biodiversidad molecular en ecosistemas terrestres y marinos, abarcando especies a comunidades y de genes a genomas. Esta investigación la realiza a través del uso de herramientas de secuenciación masiva y su integración con la bioinformática. Actualmente es investigador postdoctoral en el laboratorio de Geomicrobiología y biotecnología en el Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), miembro del Sistema Estatal de Investigadores de Baja California Sur y miembro del Sistema Nacional de Investigadores nivel I.

LIC. JOSÉ ANTONIO OVANDO RICARDEZ
GenomicsTrack Solutions
Conferencia: "Análisis del transcriptoma en la era de la
Secuenciación masiva: fundamentos y aplicaciones
bioinformáticas"



Semblanza: El Lic. José Antonio Ovando Ricardez es especialista en bioinformática con experiencia en genómica humana, transcriptómica espacial y de célula única. Actualmente trabaja de forma remota como Investigador Asociado en The Ohio State University, donde aplica análisis multi-ómicos para el estudio del cáncer. Con sólida trayectoria en investigación bioinformática en México y Estados Unidos, también dirige GenomicsTrack Solutions, empresa que brinda servicios especializados en bioinformática en América Latina. Ha contribuido a diversas publicaciones en revistas científicas de alto impacto. Su enfoque se centra en el uso de herramientas computacionales para entender mecanismos moleculares asociados al cáncer y otras enfermedades.

CONTENIDO

PRESENTACIONES ORALES

- | | |
|--|----------|
| ANÁLISIS METAGENÓMICO EN SEDIMENTOS DE LA RESERVA DE LA BIÓSFERA LOS PETENES EN LA PENÍNSULA DE YUCATÁN, PARA LA BÚSQUEDA DE GENES POLICÉTIDO SINTASA TIPO I | 1 |
| Jade Daynef Chi-Cortéz, Luis Alfonso Sáenz-Carbonell, Julio Vega-Arreguín, Mariel Gullian-Klanian, Ingrid Aileen O'Connor-Sánchez, Luis Alfonso Can-Herrera, Santy Peraza-Echeverría y Carlos Alberto Puch-Hau | |
| POBLACIONES MICROBIANAS PREDOMINANTES EN EL RUMEN DE BOVINOS ALIMENTADOS CON DIFERENTES DIETAS, IDENTIFICADAS MEDIANTE SECUENCIACIÓN MASIVA DE GENES 16S Y mcrA | 2 |
| Diana Sofía Torres-Velázquez, Daniel Francisco Ramos-Rosales, Manuel Murillo-Ortiz, Jesús Bernardo Páez-Lerma, Juan Antonio Rojas-Contreras, Karina Aidé Araiza-Ponce y Damián Reyes-Jáquez | |
| DESARROLLO DE COMUNIDADES MICROBIANAS COMO HERRAMIENTA BIOTECNOLÓGICA PARA <i>Capsicum annuum</i> (CHILE POBLANO) | 3 |
| Ramsés Gallegos-Monterrosa, Citlali Huerta-Barrón, Miguel Castañeda-Lucio, David Pérez-Gutiérrez, Leoncio Domínguez-Medina, Tolin Cruz-Hernández, Eliseo García-Pérez y Minerva Romero-Sánchez | |
| DETECCIÓN DE VIRUS EN CALABACITA (<i>Cucurbita pepo</i>) EN LA COSTA SUR DE JALISCO POR MEDIO DE SECUENCIACIÓN DE ALTO RENDIMIENTO (HTS) | 4 |
| José Jesús Márquez-Diego, Candelario Ortega-Acosta, Cintya Ivette Rojas-Navarro y Daniel Leobardo Ochoa-Martínez | |
| MICROBIOTA DEL FILOPLANO EN ÁRBOLES URBANOS BAJO DISTINTOS NIVELES DE TRÁFICO | 5 |
| Olivia Zapata-Martínez, Ingrid Aileen O'connor-Sánchez, Mirbella del Rosario Cáceres-Farfán, Roberth Armando Us-Santamaria y José Luis Andrade | |
| MICROBIOTA INTESTINAL EN 16 ESPECIES DE ABEJAS SIN AGUIJÓN EN MÉXICO (HYMENOPTERA: MELIPONINI) | 6 |
| María de Lourdes Ramírez-Ahuja, Kenzy I. Peña-Carrillo, Mayra A. Gómez-Govea, Antonio Guzmán-Velasco, José Ignacio González-Rojas, Diana Reséndez-Pérez e Iram Pablo Rodríguez-Sánchez | |

COMPOSICIÓN BACTERIANA, CRECIMIENTO Y NUTRICIÓN DE PLÁNTULAS DE <i>Fraxinus uhdei</i> Wenz. Lingelsh	7
Juan Carlos Cuevas-Cruz y Tomás Martínez-Trinidad	
ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD FÚNGICA EN SUPERFICIES DEL TRANSPORTE PÚBLICO DE LA CIUDAD DE CHIHUAHUA	8
Bárbara A. Bordon, Said Niebla-Sáenz, Ma. Carmen E. Delgado-Gardea, Román González-Escobedo, Rocío Infante-Ramírez y Zilia Y. Muñoz-Ramírez	
EFFECTO DE LOS CDPs PRODUCIDOS POR <i>Pseudomonas aeruginosa</i> PA01 EN LA PERMEABILIDAD INTESTINAL EN UN MODELO DE DISBIOSIS ASOCIADA A OBESIDAD EN RATAS WISTAR	9
Marlene Estefanía Campos-Morales, Lorena Martínez-Alcantar y Asdrúbal Aguilera-Méndez	
CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA BACTERIANO EN EL SISTEMA DE TRANSPORTE PÚBLICO DE LA CIUDAD DE CHIHUAHUA MEDIANTE ANÁLISIS DE AMPLICONES 16S rRNA	10
Said Niebla-Sáenz, Bárbara A. Bordon, Alejandra Borrego-Loya, Ma. Carmen González-Horta, Karina Ibara-Legarda, Román González-Escobedo, Ma. Carmen E. Delgado-Gardea, Zilia Y. Muñoz-Ramírez y Rocío Infante-Ramírez	
COMPARACIÓN DEL CAMBIO DE LA MICROBIOTA DEL LÍQUIDO BILIAR EN PACIENTES CON COLELITIASIS Y COLANGITIS	11
Marco Antonio Vázquez-Ávila, Mario Ángel López-Luis, Alfonso Méndez-Tenorio, Araceli Rojas-Bernabé y Gabriela Ibáñez-Cervantes	
CARACTERIZACIÓN DE LA MICROBIOTA SANGUÍNEA DEL BISONTE AMERICANO (<i>Bison bison</i>) EN EL RANCHO EL UNO, CHIHUAHUA, MÉXICO	12
Juan Carlos Ontiveros-Chacón, Cristina García-De La Peña, Joel Domínguez-Viveros, Nelson Aguilar-Palma, Verónica Ávila-Rodríguez y Josué Raymundo Estrada-Arellano	
DESENTAÑANDO EL DIÁLOGO MICROBIANO: IMPACTO DEL ESTIÉRCOL Y LA ARVENSE <i>Amaranthus hybridus</i> L. EN EL MICROBIOMA DEL SUELO	13
Jesús Vázquez-Arroyo, América Palacios-López, Getzemani Morones-Rocha, Gerardo Zapata-Sifuentes y Cristina García-De la Peña	
ÁCIDOS GRASOS LIBRES ALTERAN EL MICROBIOMA DEL DINOFLAGELADO <i>Gymnodinium catenatum</i> FORMADOR DE FLORECIMIENTOS ALGALES NOCIVOS	14
Martín Fernando Encinas-Yáñez, Christine Johanna Band-Schmidt, Bárbara González-Acosta, Blanca Estela Romero-López, César Salvador Cardona-Félix y Claudia Judith Hernández-Guerrero	

ESTUDIO DEL SISTEMA CRISPR-Cas9 EN <i>Azotobacter vinelandii</i>	15
Valeria Abigail Mendiola-Cobo, Miguel Castañeda-Lucio y Liliana López-Pliego	
IMPLICACIONES DE LA CRÍA EN LABORATORIO EN EL ESTUDIO DE MICROBIOTA ASOCIADA A RESISTENCIA A INSECTICIDAS EN <i>Aedes aegypti</i>	16
Alejandro Mejía-Muñoz, Ana María Mejía-Jaramillo, Carl Lowenberger, Karla Saavedra-Rodríguez y Omar Triana-Chávez	
EFFECTO DE LA SUPLEMENTACIÓN CON PROBIÓTICOS EN LA MICROBIOTA DE LARVAS DEL HUACHINANGO DEL PACÍFICO <i>Lutjanus peru</i>	17
Raquel Abigail García-Castillo, Silvie Dumas, César Salvador Cardona-Félix y Ulises Amador-Marrero	
ANÁLISIS METATRANSCRIPTÓMICO DE CARACOLES TERRESTRES NATIVOS E INVASIVOS EN AUSTRALIA	18
Berenice Talamantes-Becerra, Wei-Shan Chang, Michelle Michie, Mike Hodda, Mariana Hopper y Valerie Caron	

CARTELES DIGITALES

EFFECTO DE LOS ANTIDEPRESIVOS SOBRE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PERSONAS CON DEPRESIÓN: REVISIÓN SISTEMÁTICA	19
Elda Robles-Sierra, Azucena González-Horta, Dvorak Montiel-Condado, María Quiroz-Vázquez y Brenda González-Hernández	
ORGANISMOS ASOCIADOS A LA SINTOMATOLOGÍA DE PROLIFERACIÓN DE JILOTES DEL MAÍZ	20
José Jesús Márquez-Diego, Candelario Ortega-Acosta, Adelaida Stephany Hernández-Valencia, Carmen Zúñiga-Romano, Cintya Ivette Rojas-Navarro y Daniel Leobardo Ochoa-Martínez	
CARACTERIZACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL DE <i>Apis mellifera</i> BAJO DIFERENTES GRADOS DE INFESTACIÓN DE <i>Varroa destructor</i>	21
Nayeli Almazán-Maldonado, Ariadne Hernández-Pérez, Jesús Alejandro Zamora-Briseño y Ricardo Anguiano-Baez	

COLECCIÓN DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE MUESTRA DE SUELO DE QUINTANA ROO PARA ESTUDIOS DE BIOPROSPECCIÓN	22
Raúl Rodríguez-Guerra, J. Isabel López-Arroyo, Raúl Asael Rodríguez-Villarreal, Isidro Humberto Almeyda-León y Kenzy Iveth Peña-Carrillo	
PRESENCIA DE BACTERIAS POTENCIALMENTE PATÓGENAS EN MUESTRAS SANGUÍNEAS DE BISONTE AMERICANO (<i>Bison bison</i>) EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA DE JANOS, CHIHUAHUA	23
Juan Carlos Ontiveros-Chacón, Cristina García-De La Peña, Joel Domínguez-Viveros, Nelson Aguilar-Palma, Verónica Ávila-Rodríguez y Josué Raymundo Estrada-Arellano	
MICROBIOTA DEL SUELO PRESENTE EN AGROECOSISTEMAS CON DIVERSOS MANEJOS AGRONÓMICOS	24
Erika Nava-Reyna, Alejandra Cabrera-Rodríguez, Cristina García-De la Peña, Ricardo Trejo-Calzada, César A. Meza-Herrera y Mónica M. Collavino	
MICROBIOTA NATIVA DEL QUESILLO ARTESANAL DE OAXACA Y SUS BENEFICIOS A LA SALUD	25
Danae Alicia Martínez-Martínez, Diana Matías-Pérez, Iván Antonio García-Montalvo, Alma Dolores Pérez-Santiago y Marco Antonio Sánchez-Medina	
PRIMER ACERCAMIENTO PARA CONOCER EL PERFIL BACTERIANO EN SANGRE DE LA TORTUGA DE BISAGRA (<i>Terrapene coahuila</i>)	26
Sara Isabel Valenzuela-Ceballos, Juan Miguel Borja-Jiménez, Cristina García-De la Peña y Ricardo Canales-Del Castillo	
COMUNIDADES BACTERIANAS EN NÓDULOS DE FRIJOL MEJORADO DE LA REGIÓN DE DURANGO, MÉXICO	27
Cinthya Judith Ortega-Esparza, Erika Nava-Reyna, Ricardo Trejo-Calzada, Oscar Martin Antúnez-Ocampo, María del Rosario Jacobo-Salcedo y Aurelio Pedroza-Sandoval	
DIVERSIDAD BACTERIANA DE SANGRE DE CABRAS CRIOLLAS ESTABULADAS Y DE LIBRE PASTOREO EN LA COMARCA LAGUNERA, MÉXICO	28
Judith Correa-Gómez, Cristina García-De La Peña, Juan Carlos Herrera-Salazar, Sergio Iván Barraza-Guerrero, Ramiro González-Ávalos y Jesús Vázquez-Arroyo	
MICROBIOTA BACTERIANA DEL MOSQUITO <i>Culex quinquefasciatus</i> EN MADRIGUERAS DE LA TORTUGA <i>Gopherus flavomarginatus</i> EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA MAPIMÍ	29
Norma Alicia Salas-Muro y Cristina García-De la Peña	

MICROBIOTA BACTERIANA DE LA GARRAPATA CAFÉ DEL PERRO (<i>Rhipicephalus sanguineus</i>) EN LA COMARCA LAGUNERA DE DURANGO, MÉXICO	30
Annely Zamudio-López, Cristina García-De la Peña, Sergio I. Barraza-Guerrero, Ernesto Martínez-Aranda, Quetzaly K. Siller-Rodríguez, Verónica Ávila-Rodríguez, Jesús Vásquez-Arroyo, Luis Manuel Valenzuela-Núñez y Juan Carlos Herrera-Salazar	
COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE LA MICROBIOTA BACTERIANA DEL MOSQUITO DEL DENGUE (<i>Aedes aegypti</i>) EN UNA POBLACIÓN EN CAUTIVERIO EN GÓMEZ PALACIO, DURANGO	31
Dannia Itzel Orozco-López, Cristina García-De la Peña, Verónica Ávila-Rodríguez y Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez	
PERFIL MICROBIANO DE LA LECHE DE VACAS HOLSTEIN EN UN ESTABLO CERTIFICADO DE LA COMARCA LAGUNERA: ENFOQUE EN BACTERIAS CAUSANTES DE MASTITIS	32
Alexandra Monserrat Arellano-Correa, Cristina García-De la Peña, Verónica Ávila-Rodríguez, Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez y Juan Carlos Ontiveros-Chacón	
METABARCODING PARA EVALUAR EL PERFIL BACTERIANO DE LA GARRAPATA MARRÓN DEL PERRO <i>Rhipicephalus sanguineus</i> EN EL SUROESTE DE COAHUILA, MÉXICO	33
Sergio Iván Barraza-Guerrero, César Alberto Meza-Herrera, Cristina García-De la Peña, Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez, Jesús Vásquez-Arroyo, María Guadalupe Sánchez-Loera, Annely Zamudio-López, Edén Arely Luna-Zapién y Luis Manuel Valenzuela-Núñez	
DIVERSIDAD BACTERIANA DE LECHE DE CABRAS CRIOLLAS ESTABULADAS Y DE LIBRE PASTOREO EN LA COMARCA LAGUNERA	34
Judith Correa-Gómez, Cristina García-De La Peña, Juan Carlos Herrera-Salazar, Sergio Iván Barraza-Guerrero, Ramiro González-Ávalos y Jesús Vázquez-Arroyo	
PERFIL MICROBIANO DE SANGRE DE VACAS HOLSTEIN EN UN ESTABLO CERTIFICADO DE LA COMARCA LAGUNERA	35
Alexandra Monserrat Arellano-Correa, Cristina García-De la Peña, Verónica Ávila-Rodríguez, Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez y Juan Carlos Ontiveros-Chacón	
MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DEL TORDO CABEZA AMARILLA (<i>Xanthocephalus xanthocephalus</i>): COMPOSICIÓN, DIVERSIDAD Y POTENCIAL ZONÓTICO EN LA COMARCA LAGUNERA, MÉXICO	36
Jorge Luis Cortinas-Salazar, Cristina García de la Peña y Omar Suárez-García	

PLANTACIONES FORESTALES Y SU INFLUENCIA EN LA ESTRUCTURA MICROBIANA DE SUELOS DEGRADADOS	37
Erika Nava-Reyna, Judith A. Sánchez-Ledesma, Erickson Basave-Villalobos, Vicenta Constante-García y María del Rosario Jacobo-Salcedo	
COMPARACIÓN DE LA MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DEL BISONTE AMERICANO (<i>Bison bison</i>) EN DOS ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS EN EL NORTE DE MÉXICO	38
Rodolfo Frutos-Ríos, Irene Pacheco-Torres, Luis Antonio Tarángo-Arámbula, Juan Carlos Ontiveros-Chacón y Cristina García-De la Peña	
ENDOLYSIN GENE ANALYSIS OF BACTERIOPHAGE ISOLATED FROM BEANS RHIZOSPHERE FROM SINALOA	39
Juan José Morales-Aguilar, Erika Camacho-Beltrán, Melina López-Meyer, Gabriel Rincón-Enríquez and Evangelina Esmeralda Quiñones-Aguilar	
FUNCTIONAL METAGENOMIC ANALYSIS REVEALS DIVERGENT NUTRIENT CYCLING STRATEGIES IN ORGANIC AND CONVENTIONAL SOIL MANAGEMENT	40
Juan José Morales-Aguilar, Erika Camacho-Beltrán, Rocío Crystabel López-González and Esther Adriana Ceniceros-Ojeda	
UNVEILING THE TAXONOMIC PROFILES OF THE FECAL MICROBIOTA OF MULE DEER (<i>Odocoileus hemionus crooki</i>) IN THE SIERRA DEL CARMEN, MEXICO	41
Irene Pacheco-Torres, David Hernández-Sánchez, Cristina García-De la Peña, Luis A. Tarango-Arámbula, María M. Crosby-Galván and Paulino Sánchez-Santillán	
PRELIMINARY ASSESSMENT OF FECAL MICROBIOTA DIVERSITY IN BIGHORN SHEEP (<i>Ovis canadensis mexicana</i>) IN SIERRA DEL CARMEN, COAHUILA, MEXICO	42
Irene Pacheco-Torres, Luis A. Tarango-Arámbula, Cristina García-De la Peña, David Hernández-Sánchez, María M. Crosby-Galván, Paulino Sánchez-Santillán and Judith A. Sánchez-Ledesma	
FECAL BACTERIAL PROFILE OF THE MEXICAN TURKEY (<i>Meleagris gallopavo</i>) UNDER WILD AND CAPTIVE MANAGEMENT CONDITIONS	43
Irene Pacheco-Torres, Luis A. Tarango-Arámbula, Cristina García-De la Peña, Genaro Olmos-Oropeza, Judith A. Sánchez-Ledesma and Quetzaly K. Siller-Rodríguez	

ANÁLISIS METAGENÓMICO EN SEDIMENTOS DE LA RESERVA DE LA BIÓSFERA LOS PETENES EN LA PENÍNSULA DE YUCATÁN, PARA LA BÚSQUEDA DE GENES POLICÉTIDO SINTASA TIPO I

Jade Daynef Chi-Cortéz¹, Luis Alfonso Sáenz-Carbonell¹, Julio Vega-Arreguín², Mariel Gullian-Klanian³, Ingrid Aileen O'Connor-Sánchez¹, Luis Alfonso Can-Herrera⁴, Santy Peraza-Echeverría¹ y Carlos Alberto Puch-Hau^{5*}

¹Unidad de Biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán, Colonia Chuburná de Hidalgo, Calle 43 No. 130 × 32 y 34, Mérida, Yucatán 97205, México.

²Escuela Nacional de Estudios Superiores-UNAM, León 37689, México

³Universidad Marista de Mérida, Periférico Norte Tablaje Catastral 13941, Carretera Mérida- Progreso, P.O. Box 97300, Mérida, Yucatán, México

⁴Tecnológico Nacional de México/Campus Calkini, Av. Ah Canul S/N por carretera Federal. 24900. Calkini, Campeche, México.

⁵Tecnológico Nacional de México Campus Instituto Tecnológico Superior de Valladolid, Carretera Valladolid-Tizimín, Km. 3.5, Valladolid, Yucatán C.P. 97780, México

***Autor para correspondencia:** carlos.ph@valladolid.tecnm.mx

Los microorganismos se han aplicado con éxito para el aislamiento de metabolitos variados, incluidos los antibióticos, y, por lo tanto, abren nuevas vías para la producción de compuestos bioactivos. Los policétidos son una gran familia de metabolitos secundarios estructuralmente diversos derivados de fuentes naturales como hongos, bacterias y plantas que muestran una amplia gama de bioactividades como fármacos, pesticidas y sondas biológicas. La síntesis de policétidos es realizada por enzimas policétido sintasa (PKS), las cuales se producen a través de la adición y modificación secuencial de subunidades de acil-CoA a unidades iniciadoras específicas. Las PKS del tipo I son enzimas multifuncionales grandes que tienen dominios catalíticos en una forma dispuesta linealmente y fusionada covalentemente. El biodescubrimiento de microorganismos ha demostrado ser un proveedor vital de bioactivos para el desarrollo de nuevos agentes farmacéuticos con potente potencial anticancerígeno, antiviral y antimicrobiano. Con los avances en la secuenciación metagenómica, el estudio de estas comunidades y su capacidad para producir metabolitos secundarios se ha ampliado, explorando biomas con características particulares, así como las Reservas Naturales que cuentan con ecosistemas de manglar. En este estudio, se analizó por primera vez la diversidad de las comunidades microbianas de la Reserva de la Biosfera “Los Petenes” en la península de Yucatán. Entre los resultados preliminares se observó que, a nivel de composición procariota, los filos más dominantes fueron Firmicutes y Bacteroidota. Para las arqueas fue Thermoproteota y Methanobacteriota. Los análisis fisicoquímicos mostraron que los sedimentos de manglar son anóxicos y presentan una composición variada en la cantidad de materia orgánica, carbón orgánico, nitrógeno total y carbonatos. Por consiguiente, un análisis de los dominios KS en conjuntos de datos metagenómicos utilizando NaPDoS2 reveló vínculos entre el potencial biosintético y el bioma ambiental. Este estudio subraya la importancia de explorar entornos únicos para identificar moléculas de interés, ya que los manglares representan un espacio de diversidad química que podría ser clave en la obtención de compuestos.

POBLACIONES MICROBIANAS PREDOMINANTES EN EL RUMEN DE BOVINOS ALIMENTADOS CON DIFERENTES DIETAS, IDENTIFICADAS MEDIANTE SECUENCIACIÓN MASIVA DE GENES 16S Y mcrA

Diana Sofía Torres-Velázquez^{1*}, Daniel Francisco Ramos-Rosales², Manuel Murillo-Ortiz¹, Jesús Bernardo Páez-Lerma³, Juan Antonio Rojas-Contreras³, Karina Aidé Araiza-Ponce¹ y Damián Reyes-Jáquez³

¹Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Juárez del Estado de Durango, Carr. al Mezquital km 11.5, C.P. 34126, Durango, Dgo. México

²Instituto de Investigación Científica, Avenida Universidad esq. con Volantín C.P. 34000, Durango, Dgo. México.

³Departamento de Ingenierías Química y Bioquímica, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Durango. Blvd. Felipe Pescador 1830 Ote. C.P. 34080, Durango, Dgo., México.

***Autor para correspondencia:** torresofia@gmail.com

Las poblaciones microbianas en el rumen desempeñan un papel clave en la nutrición y producción ganadera, variando según la composición de la dieta. La secuenciación masiva es una herramienta poderosa para estudiar estos cambios y mejorar los sistemas productivos. El objetivo fue evaluar la diversidad microbiana ruminal en bovinos bajo dos dietas diferentes mediante secuenciación masiva de amplicones de los genes 16S (bacterias) y mcrA (arqueas metanogénicas). Para ello, se extrajo ADN del líquido ruminal de bovinos sometidos a dos condiciones alimenticias: dieta 1 (D1), que consistió en pastoreo libre en praderas irrigadas sin suplementación, y dieta 2 (D2), que fue pastoreo libre con suplementación proteica no convencional. Posteriormente, el ADN obtenido se amplificó mediante PCR utilizando cebadores específicos: 341F/805R para la región hipervariable del gen bacteriano 16S, y mlas/mcrArev para la región del gen funcional mcrA, específico para arqueas metanogénicas. Los productos amplificados se emplearon para construir bibliotecas que fueron secuenciadas mediante Illumina MiSeq. Finalmente, se realizó un análisis bioinformático para determinar los perfiles taxonómicos de las comunidades microbianas presentes. El análisis del gen 16S reveló que *Xylanibacter*, involucrado en la degradación de polisacáridos, fue más abundante en la dieta sin suplementación (D1). En contraste, géneros como *Prevotella*, *Aristaella*, *Butyrivibrio*, *Ruminococcus*, *Treponema* y *Olsenella* fueron más abundantes en la dieta con suplementación (D2), indicando una adaptación a la mayor diversidad de nutrientes disponibles presentes en el concentrado. En cuanto al gen mcrA, *Methanobrevibacter*, género asociado a mayores producciones de metano fue mayor en D1. Por otro lado, arqueas metilótrofas como *Methanomethylophilus* y *Methanosphaera* se incrementaron en D2. Se concluye que la secuenciación masiva confirmó cambios significativos en las comunidades microbianas ruminales según la dieta suministrada. Esta metodología es efectiva para monitorear dichas modificaciones y puede contribuir al diseño de estrategias alimentarias que mejoren el rendimiento productivo del ganado.

DESARROLLO DE COMUNIDADES MICROBIANAS COMO HERRAMIENTA BIOTECNOLÓGICA PARA *Capsicum annuum* (CHILE POBLANO)

Ramsés Gallegos-Monterrosa^{1*}, Citlali Huerta-Barrón¹, Miguel Castañeda-Lucio¹,
David Pérez-Gutiérrez², Leoncio Domínguez-Medina², Tolin Cruz-Hernández³,
Eliseo García-Pérez³ y Minerva Romero-Sánchez³

¹Laboratorio de Genética Molecular Microbiana, Centro de Investigaciones en Ciencias
Microbiológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

²Ingeniera en Procesos Agroalimentarios, Universidad para el Bienestar Benito Juárez, sede
Chiautzingo, Puebla.

³Productor agrícola independiente, Chiautzingo, Puebla.

***Autor para correspondencia:** col432666@colaborador.buap.mx

El uso intensivo de agroquímicos en la producción agrícola moderna ha generado importantes problemas no previstos, como la degradación del suelo, la pérdida de biodiversidad y la resistencia a los plaguicidas. Ante el aumento de la demanda mundial de alimentos, existe una necesidad urgente de desarrollar prácticas agrícolas sostenibles que reduzcan la dependencia de los agroquímicos. Hoy en día, se reconoce que una microbiota saludable es necesaria para el correcto desarrollo de sus huéspedes. Los microorganismos que conforman la microbiota vegetal pueden mejorar la absorción de nutrientes, la resistencia a plagas y enfermedades, y la resistencia de los cultivos a la sequía. Por lo tanto, el estudio de la microbiota vegetal tiene el potencial de permitir el uso de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal y microbios de biocontrol en beneficio de la agricultura local. México tiene una importancia particular en la historia de la agricultura como la región del mundo donde se domesticaron plantas como el maíz, el frijol, el chile y la calabaza, todos alimentos básicos para la población mexicana moderna. Sin embargo, aún existe poco conocimiento sobre la microbiota de estas plantas y, en particular, sobre el papel que desempeñan en el desarrollo de sus huéspedes. En este trabajo, caracterizamos bacterias aisladas de la rizósfera de plantas de *Capsicum annuum* var. Poblano (chile poblano) cultivadas con prácticas agrícolas tradicionales. Estudiamos la capacidad de nuestros aislados para colonizar las raíces de las plantas mediante la formación de biopelículas y examinamos el impacto de estas bacterias en el desarrollo de la planta huésped. Estas investigaciones se están utilizando para desarrollar comunidades microbianas que podrían utilizarse para promover el crecimiento de los chiles poblanos, importantes para la cultura culinaria mexicana.

DETECCIÓN DE VIRUS EN CALABACITA (*Cucurbita pepo*) EN LA COSTA SUR DE JALISCO POR MEDIO DE SECUENCIACIÓN DE ALTO RENDIMIENTO (HTS)

José Jesús Márquez-Diego^{1*}, Candelario Ortega-Acosta², Cintya Ivette Rojas-Navarro¹
y Daniel Leobardo Ochoa-Martínez²

¹Departamento de Producción Agrícola, Centro Universitario de la Costa Sur - Universidad de Guadalajara, Av. Independencia Nacional #15, C.P. 48900, Autlán de Navarro, Jalisco, México.

²Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Km 36.5 Carretera México-Texcoco. Montecillo, Texcoco, Estado de México, CP 56264.

***Autor para correspondencia:** jose.marquez@academicos.udg.mx

En los 90's, la Costa Sur del estado de Jalisco fue una zona agrícola importante, con productores fuertes y orgullosos que formaban una base sólida económica regional. Existen pocos reportes, pero estos indican un aumento paulatino en las enfermedades de origen viral las cuales causaron un descenso de la producción de distintos cultivos principalmente las cucurbitáceas. El objetivo de esta investigación fue conocer los virus asociados al cultivo de calabacita en esta región. Se recolectaron hojas de plantas con síntomas de virosis en distintas huertas comerciales a partir de las cuales se extrajo ARN total el cual fue sometido a secuenciación de alto rendimiento (HTS). Después del análisis bioinformático, se encontraron a los siguientes virus; *Melon severe mosaic virus* (MSMV, género *Orthospovirus*), *Beet pseudo-yellows virus* (BPYV, género *Closterovirus*), *Papaya ringspot virus* (PRSV, género *Potyvirus*), *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV, género *Polerovirus*), *Papaya cytorhabdovirus* (PCRV, género *Cytorhabdovirus*), *Squash leaf curl virus* (SCLV, género *Begomovirus*) y *Tomato brown rugose fruit virus* (ToBRFV, género *Tobamovirus*). La detección de estos virus se confirmó por RT-PCR y secuenciación Sanger. Esta información ayudará a generar estrategias adecuadas para el manejo de virosis en plantaciones de cucurbitáceas en la costa sur del estado de Jalisco.

MICROBIOTA DEL FILOPLANO EN ÁRBOLES URBANOS BAJO DISTINTOS NIVELES DE TRÁFICO

Olivia Zapata-Martínez^{1*}, Ingrid Aileen O'connor-Sánchez¹, Mirbella del Rosario Cáceres-Farfán¹, Roberth Armando Us-Santamaria¹ y José Luis Andrade¹

¹Centro de Investigación Científica de Yucatán A.C. (CICY), Calle 43 No. 130, entre calles 32 y 34, Colonia Chuburná de Hidalgo, C.P. 97205, Mérida, Yucatán, México

***Autor para correspondencia:** olivi2803@gmail.com

Los microorganismos asociados al filocono desempeñan un papel clave en la salud de los árboles, ya que pueden modular respuestas de defensa y ayudar a mitigar el impacto de contaminantes atmosféricos. En ambientes urbanos, la microbiota podría ser un factor importante para la resiliencia del arbolado. En este estudio, se evaluó la diversidad microbiana del filocono de dos especies de árboles comunes en la ciudad de Mérida, *Albizia lebbbeck* y *Delonix regia*, bajo diferentes niveles de exposición al tráfico vehicular. Se seleccionaron cuatro sitios dentro de la zona metropolitana de Mérida, Yucatán, dos con alta congestión vehicular y dos con baja. En cada sitio se muestrearon de dos a tres individuos por especie. Se extrajo ADN metagenómico de la microbiota del filocono y se secuenció la región V4 del gen 16S rRNA mediante la plataforma de secuenciación masiva MiSeq. Posteriormente, los datos fueron sometidos a un proceso de control de calidad y ensamblaje de secuencias. Se estimaron métricas de diversidad alfa (como riqueza observada, índice Chao1, equidad y Shannon) y de diversidad beta. En todas las muestras, se encontró una riqueza de entre 330 y 725 especies. Los valores de equidad oscilaron entre 0.60 y 0.85, mientras que el índice de Shannon se ubicó entre 3.1 y 5.57. No se observaron diferencias aparentes en estas métricas, ni entre sitios ni entre especies de árboles. Las abundancias relativas y mapas de calor tampoco revelaron patrones claros de diferenciación. Sin embargo, el análisis de diversidad beta mediante coordenadas principales (PCoA) evidenció una separación tanto entre sitios con distintos niveles de congestión vehicular como entre las dos especies de árboles analizadas. Esto sugiere que, aunque la diversidad alfa de la microbiota del filocono permanece relativamente constante, la estructura comunitaria puede verse influenciada por el contexto urbano y la identidad del hospedero vegetal.

MICROBIOTA INTESTINAL EN 16 ESPECIES DE ABEJAS SIN AGUIJÓN EN MÉXICO (HYMENOPTERA: MELIPONINI)

María de Lourdes Ramírez-Ahuja¹, Kenzy I. Peña-Carrillo^{2*}, Mayra A. Gómez-Govea¹, Antonio Guzmán-Velasco³, José Ignacio González-Rojas³, Diana Reséndez-Pérez⁴
e Iram Pablo Rodríguez-Sánchez¹

¹Laboratorio de Fisiología Molecular y Estructural, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, San Nicolás de los Garza 64460, México.

²Campo Experimental General Terán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Km31 Carretera Montemorelos-China, General Terán 67400, México.

³Laboratorio de Conservación de Vida Silvestre y Desarrollo Sustentable, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, San Nicolás de los Garza 64460, México.

⁴Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León, San Nicolás de los Garza 66455, México.

***Autor para correspondencia:** kenzy.p@gmail.com

Los simbioses bacterianos desempeñan un papel importante en la supervivencia de los insectos, contribuyendo a funciones metabólicas y defensivas clave. La tribu Meliponini, comúnmente conocida como abejas sin aguijón, comprende más de 60 géneros y cientos de especies, entre ellas *Melipona*, *Trigona*, *Tetragonula*, y *Scaptotrigona*, y se distribuye por regiones tropicales y subtropicales de todo el mundo. En el Neotrópico, las abejas sin aguijón son polinizadores clave que contribuyen a la resiliencia de los ecosistemas y al mantenimiento de la biodiversidad. Las abejas sin aguijón albergan diversas comunidades microbianas, sus simbioses bacterianos principales han sido poco caracterizados. En este estudio, analizamos el microbiota intestinal de dieciséis especies de abejas sin aguijón recolectadas en diferentes regiones de México mediante la secuenciación del gen ARNr 16S en la plataforma Illumina® MiSeq™. Nuestros resultados revelaron que Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria son los filos bacterianos más abundantes en todas las especies. A nivel de género, *Lactobacillus* se encontró en todas las especies de abejas sin aguijón analizadas. El segundo género más abundante fue *Bifidobacterium*, que se detectó en la mayoría de las especies, excepto en *N. perilampoides*, *M. yucatanica* y *P. frontalis*. El tercer género más abundante fue *Weissella*, presente en la mayoría de las especies, excepto en *S. pectoralis*, *T. fulviventris*, *M. solani*, *N. perilampoides* y *F. nigra*. Estas bacterias son responsables del desarrollo de funciones bioquímicas en procesos metabólicos como la fermentación láctica y la biotransformación de compuestos orgánicos complejos en moléculas más fácilmente asimilables por las abejas. Este estudio ofrece una perspectiva novedosa sobre la diversidad y la composición prevista del microbiota intestinal en las abejas sin aguijón mexicanas. Al destacar las diferencias en las comunidades microbianas entre especies con distintos hábitos alimentarios, nuestros resultados enfatizan la importancia de preservar la biodiversidad microbiana en estos polinizadores.

COMPOSICIÓN BACTERIANA, CRECIMIENTO Y NUTRICIÓN DE PLÁNTULAS DE *Fraxinus uhdei* Wenz. Lingelsh

Juan Carlos Cuevas-Cruz^{1*} y Tomás Martínez-Trinidad²

¹Universidad Autónoma Chapingo. Centro Regional Universitario del Anáhuac. Carretera Federal México-Texcoco Km 38.5, Chapingo, Texcoco, Estado de México, México. C. P. 56230.

²Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Postgrado en Ciencias Forestales. Carretera Federal México-Texcoco Km 36.5, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. C. P. 56264.

***Autor para correspondencia:** jcuevas_chapingo@hotmail.com

La inoculación con rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (RPCV) involucra cambios en la composición bacteriana rizosférica. Se analizaron los efectos de cuatro cepas de *Azospirillum brasilense*, dos con capacidad de fijar nitrógeno N₂ (FN) y dos con capacidad de solubilizar fosfatos, sobre la rizosfera de *Fraxinus uhdei*. Se analizó la composición bacteriana, crecimiento y nutrición de plántulas de *Fraxinus uhdei*. Se extrajo ADN de suelo rizosférico y se secuenció la región V3–V4 del gen ARNr 16S. Los resultados indicaron que la rizosfera de fresno está integrada principalmente por siete phyla, siendo Proteobacteria el de mayor abundancia (54%). Los índices de riqueza Chao 1 y diversidad alfa Shannon Weaver, indican que la inoculación no generó cambios en la riqueza, pero si disminuyó la diversidad de especies. La inoculación con FN aumentó la abundancia del género *Azospirillum* siete veces con respecto a plantas sin inocular (Psi). El análisis de coordenadas principales, empleando la disimilaridad Bray-Curtis y el análisis de similitud, mostró separación de las comunidades bacterianas entre Psi y plantas inoculadas (diversidad beta). En cuanto al crecimiento, la prueba ANOVA y Tukey ($p \leq 0.05$), indicó que la inoculación con ambas cepas favoreció aumentos de 11.4 % a 36.9 % en las variables de crecimiento. Las cepas FN, registraron aumentos de 15 a 24 % en el contenido de macroelementos. Por tanto, las RPCV *A. brasilense* impulsan mecanismos que inciden en la abundancia de la comunidad bacteriana; además de favorecer el crecimiento y nutrición de plántulas de fresno.

ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD FÚNGICA EN SUPERFICIES DEL TRANSPORTE PÚBLICO DE LA CIUDAD DE CHIHUAHUA

Bárbara A. Bordon^{1*}, Said Niebla-Sáenz¹, Ma. Carmen E. Delgado-Gardea¹, Román González-Escobedo², Rocío Infante-Ramírez¹ y Zilia Y. Muñoz-Ramírez¹

¹Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Chihuahua, Campus II Circuito Universitario s/n, 31125 Chihuahua, Chih., México.

²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua, Perif. Francisco. R. Almada Km 1, Pavis Borunda, 31453 Chihuahua, Chih., México.

***Autor para correspondencia:** p330199@uach.mx

Los sistemas públicos dedicados al transporte de los miembros de una comunidad son un factor clave en el desarrollo de la misma. En la ciudad de Chihuahua, se estima que alrededor de 70,000 pasajeros dependen diariamente de este transporte público. Esta alta demanda ha generado el ambiente ideal para que los microorganismos presentes en ese entorno entren en contacto con los usuarios. Diversos estudios internacionales han identificado comunidades microbianas en superficies de alto contacto físico, destacando el rol en la diversidad microbiana urbana y posibles efectos en la salud humana. El presente estudio es el primer registro de caracterización micológica del sistema de transporte público. Se realizó un análisis de amplicones ITS a partir de muestras superficiales, recolectadas de los torniquetes en ocho estaciones de la ruta troncal, durante la hora de mayor afluencia de personas. El muestreo se realizó por triplicado en cada estación, obteniéndose un total de 24 muestras. Mediante secuenciación de nueva generación (Illumina MiSeq; en paired-end 2×250 bp), se obtuvieron 3,118,914 lecturas no quiméricas. Posteriormente, utilizando el pipeline de QIIME2, se realizó el filtrado de calidad, inferencia de secuencias y asignación taxonómica, obteniéndose un total de 3,069 ASVs. Estas fueron analizadas taxonómicamente, identificándose 312 géneros y 435 especies fúngicas. El género más abundante fue *Malassezia* (19,62%), seguido de *Blumeria* (5,89%), *Debaryomyces* (3,04%) y *Aureobasidium* (1,66%). Los índices de Faith y Chao1 no mostraron diferencias significativas entre las estaciones, lo que indica una riqueza general similar. Este estudio caracteriza por primera vez la diversidad micológica en el sistema de transporte público de la ciudad de Chihuahua. Los hallazgos subrayan la importancia de continuar investigando el microbioma en entornos públicos, con el fin de generar información útil para las estrategias de salud pública y contribuir a la planificación urbana sostenible.

EFFECTO DE LOS CDPs PRODUCIDOS POR *Pseudomonas aeruginosa* PA01 EN LA PERMEABILIDAD INTESTINAL EN UN MODELO DE DISBIOSIS ASOCIADA A OBESIDAD EN RATAS WISTAR

Marlene Estefanía Campos-Morales^{1*}, Lorena Martínez-Alcantar¹
y Asdrúbal Aguilera-Méndez²

¹Laboratorio de Biotecnología Microbiana, Instituto de Investigaciones Químico Biológicas de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia 58030, Michoacán, México.

²Laboratorio de Bioquímica y Genética de la Nutrición, Instituto de Investigaciones Químico Biológicas de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia 58030, Michoacán, México

*Autor para correspondencia: marlene.campos@umich.mx

Los ciclodipéptidos (CDPs) o 2,5-dicetopiperazinas, son péptidos cíclicos, formados por 2 aminoácidos ciclados y unidos por enlaces peptídicos, caracterizados por su alta estabilidad y una amplia gama de actividades biológicas, incluyendo propiedades antimicrobianas, antitumorales, antifúngicos, moduladores de la virulencia bacteriana y antiinflamatorios. Estos compuestos pueden obtenerse por síntesis química y biológica, siendo las bacterias las principales productoras. La bacteria *Pseudomonas aeruginosa* PA01 produce una mezcla de ciclodipéptidos compuesta por ciclo(L-Pro-L-Tyr), ciclo(L-Pro-L-Phe), ciclo(L-Pro-L-Val) y ciclo(L-Pro-L-Leu). En este trabajo se evaluó el efecto de la administración de CDPs en un modelo de disbiosis asociada a obesidad en ratas Wistar hembra con una administración durante 10 semanas y se determinó el contenido de unidades formadoras de colonia (UFC) de heces (excretadas y de colon) cultivadas a 37°C en condiciones aeróbicas, se realizó análisis histológico del colon ascendente con tinción de hematoxilina y eosina y se determinaron los niveles de las proteínas Claudina-2 y E-caderina mediante Western blot. Los resultados mostraron que la dosis administrada de los CDPs no modificó las UFC en las heces; sin embargo, se observaron cambios reparativos en el tejido colónico y un incremento en los niveles de Claudina-2. Estos hallazgos sugieren que esta dosis de CDPs bacterianos puede modular la permeabilidad intestinal en condiciones de disbiosis asociada a obesidad.

CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA BACTERIANO EN EL SISTEMA DE TRANSPORTE PÚBLICO DE LA CIUDAD DE CHIHUAHUA MEDIANTE ANÁLISIS DE AMPLICONES 16S rRNA

Said Niebla-Sáenz^{1*}, Bárbara A. Bordon¹, Alejandra Borrego-Loya¹,
Ma. Carmen González-Horta¹, Karina Ibara-Legarda¹, Román González-Escobedo²,
Ma. Carmen E. Delgado-Gardea¹, Zilia Y. Muñoz-Ramírez¹ y Rocío Infante-Ramírez¹

¹Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Chihuahua, Campus II Circuito Universitario s/n, 31125 Chihuahua, Chih., México.

²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua, Perif. Francisco. R. Almada Km 1, Pavis Borunda, 31453 Chihuahua, Chih., México.

***Autor para correspondencia:** p336009@uach.mx

El transporte público desempeña un papel importante en el desarrollo económico mundial y la urbanización. A medida que los seres humanos viajan, su microbiota los acompaña, incluyendo potencialmente microorganismos tanto inofensivos como patógenos. Estos microorganismos pueden propagarse por contacto con la superficie o inhalación de aerosoles dentro de las estaciones de pasajeros. Este estudio caracterizó la diversidad bacteriana presente en superficies del sistema de transporte público de la ciudad de Chihuahua. Se recolectaron muestras ambientales de fómites en ocho estaciones a lo largo de la ruta troncal del sistema, durante las horas de mayor afluencia de pasajeros. En cada estación se tomaron tres réplicas, obteniéndose un total de 24 muestras. El ADN de cada muestra fue extraído y secuenciado en plataforma Illumina MiSeq, dirigida al gen 16S rRNA (región V3–V4). Las lecturas de secuenciación se procesaron con QIIME2 y el algoritmo DADA2 para el filtrado de calidad y la generación de ASVs, y posteriormente se analizaron taxonómicamente utilizando la base de datos Greengenes2. Se obtuvieron 17,941 ASVs a partir de 2,852,664 lecturas de secuenciación, con géneros predominantes como *Cutibacterium* (9.07%), *Acinetobacter* (4.15%) y *Corynebacterium* (3.87%). En cuanto a los índices de diversidad alfa, Evenness mostró valores que oscilaron entre 0.72 y 0.91 (promedio = 0.83), mientras que Shannon presentó valores de 6.9 a 10.2 (promedio = 8.8). Las comparaciones estadísticas entre estaciones revelaron diferencias significativas ($p < 0.05$), indicando una diversidad bacteriana diferente entre los sitios. Los patrones de distribución microbiana probablemente están influenciados por una combinación de factores ambientales y la frecuencia de uso de las estaciones, lo que subraya la necesidad de un seguimiento continuo del microbioma urbano para comprender mejor los riesgos potenciales y optimizar las estrategias de salud pública.

COMPARACIÓN DEL CAMBIO DE LA MICROBIOTA DEL LÍQUIDO BILIAR EN PACIENTES CON COLELITIASIS Y COLANGITIS

Marco Antonio Vázquez-Ávila^{1*}, Mario Ángel López-Luis², Alfonso Méndez-Tenorio²,
Araceli Rojas-Bernabé¹ y Gabriela Ibáñez-Cervantes^{1*}

¹Sección de Estudios de Posgrado, Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional

²Laboratorio de Biotecnología y Bioinformática Genómica, Escuela Nacional de Ciencias
Biológicas, Instituto Politécnico Nacional

***Autores para correspondencia:** gabrielaibanezcervantes@gmail.com;
qfbmarco1357@gmail.com

La colestiasis se encuentra entre las principales causas de ingreso hospitalario a nivel nacional, presentándose de forma aguda en un 95% de los casos, tras la obstrucción completa y prolongada del cuello de la vesícula o del conducto cístico por cálculos, por procesos de isquemia, trastornos de la motilidad, infecciones o colagenopatías. El retraso en el tratamiento oportuno puede facilitar una infección secundaria y complicaciones como colangitis, absceso abdominal e incluso sepsis. Hasta el momento, se desconoce el papel de los cambios en la microbiota biliar y como estos están involucrados en el desarrollo de la colestiasis y colangitis. El objetivo fue identificar la disbiosis de la microbiota biliar y su asociación con el desarrollo de la colestiasis y colangitis mediante un estudio observacional, comparativo, prospectivo, transversal y tamaño de muestra por conveniencia. Se incluyeron 12 muestras de pacientes con colestiasis y 19 muestras de pacientes con colangitis. Se extrajo el DNA metagenómico por medio de kits de extracción y se prepararon para la amplificación y posterior secuenciación por la tecnología de Ion Torrent. El 55% de las muestras correspondieron al sexo femenino, el 55% de los pacientes presentaron sobrepeso y 13% obesidad, el 6% de los pacientes tenía diabetes, el 26% presentó hipertensión y el 68% de los pacientes correspondieron a un nivel socioeconómico bajo, el cual puede influir en el tipo de alimentación. Con respecto a la identificación de poblaciones microbianas, al comparar las condiciones clínicas de colangitis y colestiasis, se observó que los pacientes con colangitis presentaron una mayor abundancia de géneros potencialmente patógenos como *Pseudomonas*, *Streptococcus*, entre otros. Este hallazgo sugiere una disbiosis más severa en estos pacientes, probablemente relacionada con el proceso inflamatorio característico de la colangitis. En contraste, los pacientes con colestiasis mostraron una microbiota más equilibrada, lo que podría indicar un menor grado de alteración microbiana.

CARACTERIZACIÓN DE LA MICROBIOTA SANGUÍNEA DEL BISONTE AMERICANO (*Bison bison*) EN EL RANCHO EL UNO, CHIHUAHUA, MÉXICO

Juan Carlos Ontiveros-Chacón^{1*}, Cristina García-De la Peña¹,
Joel Domínguez-Viveros², Nelson Aguilar-Palma², Verónica Ávila-Rodríguez³
y Josué Raymundo Estrada-Arellano¹

¹Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Durango, México.

²Facultad de Zootecnia y Ecología. Universidad Autónoma de Chihuahua. Chihuahua, Chih., México.

³Laboratorio de Entomología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Durango, México.

***Autor para correspondencia:** jontiveros@uach.mx

Las especies clave como el bison, cumplen con funciones ecológicas importantes al influir en la estructura, la composición y la estabilidad de las comunidades vegetales y animales. La CITES, así como la UICN la clasifican como especie amenazada en México. La NOM-059-2001, clasificó al Bison americano como en peligro de extinción. En los últimos años se ha incrementado el estudio de la microbiota sanguínea gracias al acceso que se tiene a la secuenciación masiva en especies como ratones, gallinas, gatos, perros y bovinos. En el presente estudio se comparó la composición y diversidad de la microbiota bacteriana en sangre entre categorías de edad de bisontes de la manada de Rancho El Uno en Janos Chihuahua. Se colectó sangre de 24 bisontes en noviembre 2023; se extrajo el DNA con el kit Xpedition™, después se realizó secuenciación V3-V4 del gen 16S rRNA con NovaSeq 6000 en Novogene (USA-China). El análisis bioinformático se realizó en QIIME2 para filtrar y generar los ASV. Se obtuvieron los siguientes resultados. La riqueza de ASVs de los bisontes juveniles fue de 33 phyla, 69 clases, 195 órdenes, 333 familias, 704 géneros y 890 especies y 115 especies validadas, mientras que para los bisontes adultos se observaron 49 phyla, 99 clases, 293 órdenes, 583 familias, 1,439 géneros y 2,112 especies y 368 especies validadas. La disimilitud global fue del 86.95% y se observó diferencia significativa en 39 taxa. Estos resultados son consistentes con estudios previos que reportan un incremento en la diversidad con la edad en ganado y en cabras; estos cambios son atribuidos a factores como la transición de la dieta de leche líquida a una dieta sólida y el desarrollo del sistema inmune.

DESENTAÑANDO EL DIÁLOGO MICROBIANO: IMPACTO DEL ESTIÉRCOL Y LA ARVENSE *Amaranthus hybridus* L. EN EL MICROBIOMA DEL SUELO

Jesús Vázquez-Arroyo^{1,2*}, América Palacios-López¹, Getzemani Morones-Rocha²,
Erika Nava-Reyna³, Alejandra Cabrera-Rodríguez², Luis Manuel Valenzuela-Núñez⁴,
Gerardo Zapata-Sifuentes² y Cristina García-De la Peña⁴

¹Universidad Juárez del Estado de Durango. Facultad de Ciencias Químicas Unidad Gómez Palacio. Av. Artículo 123 s/n Colonia. Filadelfia. CP 35010. Gómez Palacio, Dgo. México.

²Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro Unidad Torreón. Departamento de Agroecología. Periférico Raúl López Sánchez Km 2.0. Col. Valle Verde. CP 27057. Torreón, Coah. México.

³Centro Nacional de Investigación Disciplinaria Relación Agua-Suelo-Planta-Atmósfera. km 6.5, Margen Derecho Canal de Sacramento. CP 35079 Gómez Palacio, Dgo. México.

⁴Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Juárez del Estado de Durango (UJED). Avenida Universidad s/n, Colonia Filadelfia. 34010 Gómez Palacio, Durango, México.

***Autor para correspondencia:** jesus.vazquez@ujed.mx

El microbioma del suelo es esencial para la salud del ecosistema agrícola, participando en la descomposición de materia orgánica y el ciclo de nutrientes. Las arvenses, por otro lado, compiten por los recursos, impactando negativamente la productividad del agroecosistema. Este estudio exploró el efecto de la aplicación de 20 Mg ha⁻¹ de estiércol en la estructura y composición del microbioma del suelo, su interacción con la presencia de *A. hybridus*. Se tomaron muestras en el campo experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Unidad Torreón, analizando propiedades fisicoquímicas del suelo, materia orgánica y micronutrientes. Se muestreó suelo (T1), suelo a los 11 días post-estiércol (T2) y raíces de *A. hybridus* (T3). Tras la extracción de ADN y amplificación de la región V3-V4 del gen 16S rRNA, se realizó la secuenciación Illumina y el análisis bioinformático con QIIME2-DADA2. El análisis de componentes principales (PCA) reveló diferencias significativas entre los tratamientos. Los phyla dominantes fueron Actinobacteriota (T1: 48.6%, T2: 30.8%, T3: 19.3%) y Proteobacteria (T1: 17.6%, T2: 30.1%, T3: 35.6%). A nivel de género, *Nocardioides*, *Solirubrobacter* y *Pseudonocardia* predominaron en T1; *Cellvibrio*, *Aliidiomarina* y *Planococcus* en T2, y *Sphingomicrobium*, *Longimicrobium* y *Microvirga* en T3. La diversidad beta, medida con Bray-Curtis y Unweighted Unifrac, mostró diferencias altamente significativas (PERMANOVA, $p < 0.001$). Estos resultados sugieren que la adición de estiércol y la presencia de *A. hybridus* modifican la estructura y composición del microbioma del suelo, lo que podría tener implicaciones para la gestión agrícola y la salud del suelo.

ÁCIDOS GRASOS LIBRES ALTERAN EL MICROBIOMA DEL DINOFLAGELADO *Gymnodinium catenatum* FORMADOR DE FLORECIMIENTOS ALGALES NOCIVOS

Martín Fernando Encinas-Yáñez¹, Christine Johanna Band-Schmidt¹, Bárbara González-Acosta¹,
Blanca Estela Romero-López², César Salvador Cardona-Félix³
y Claudia Judith Hernández-Guerrero¹

¹Instituto Politécnico Nacional. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas (IPN-CICIMAR), Av.
Instituto Politécnico Nacional s/n, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, Baja California Sur, 23096,
México

²Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), Mar Bermejo 195, Col. Playa Palo de
Santa Rita, La Paz, Baja California Sur, 23096, México

³Secretaría de Ciencias, Humanidades, Tecnología e Innovación - Centro de Investigaciones Biológicas
del Noroeste (SECIHTI-CIBNOR), Col. Playa Palo de Santa Rita, Baja California Sur, 23096, México

*Autor para correspondencia: mfencinasy@gmail.com

El dinoflagelado productor de toxinas paralizantes *Gymnodinium catenatum* está implicado en florecimientos algales nocivos (FAN). Estos son fenómenos naturales de creciente interés debido a sus impactos negativos sobre ambientes costeros, la salud humana y animal. Un factor biológico importante en la regulación de los FAN son las interacciones bioquímicas, algunas especies producen y liberan metabolitos capaces de inhibir el crecimiento de sus competidores. Los ácidos grasos libres han sido sugeridos como sustancias con potencial inhibitorio sobre *G. catenatum*. Se conoce poco acerca de los mecanismos que intervienen en estas interacciones y de su efecto sobre las comunidades bacterianas en asociación directa con estas microalgas. Se ha demostrado que las especies formadoras de FAN presentan interacciones estrechas con bacterias, que pueden influir significativamente en su estado fisiológico y ciclo de vida. El presente estudio evalúa la respuesta fisiológica de *G. catenatum* y los cambios en su comunidad bacteriana asociada, tras la exposición al ácido palmítico (16:0). Se caracterizó el efecto inhibitorio del 16:0 sobre *G. catenatum* en condiciones de laboratorio, analizando la actividad de marcadores relacionados a procesos de muerte celular programada y se seleccionó una concentración intermedia (10 mg L⁻¹, 48 h) para el análisis de los cambios en la comunidad bacteriana asociada. Los análisis de amplicones de la región V3-V4 del 16S rRNA mostraron una disminución significativa de la diversidad bacteriana tras exposición al 16:0, causando la pérdida de la mitad de los filotipos bacterianos. El filotipo asignado al género *Bermanella* (Oceanospirillales) fue el único que presentó un aumento significativo de su abundancia relativa (~5 a >90%) en presencia del ácido graso. Los resultados del análisis de predicción funcional sugieren que este cambio drástico estuvo acompañado de un mayor potencial de vías metabólicas relacionadas con la degradación de carbohidratos, ácidos grasos y la biosíntesis de biotina y aminoácidos.

ESTUDIO DEL SISTEMA CRISPR-Cas9 EN *Azotobacter vinelandii*

Valeria Abigail Mendiola-Cobo¹, Miguel Castañeda-Lucio¹ y Liliana López-Pliego¹

¹Laboratorio de Genética Molecular Microbiana, Instituto de Investigaciones Microbiológicas,
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Avenida San Claudio, Edificio IC11, Colonia Ciudad
Universitaria, C.P. 72592, Puebla, Pue.

***Autor para correspondencia:** valeria.cobo2811@gmail.com

Azotobacter vinelandii es una bacteria perteneciente a la familia Pseudomonadaceae. Ha sido ampliamente estudiada por su capacidad de fijar nitrógeno en presencia de oxígeno, su capacidad de producir polímeros de interés industrial como los alginatos o el poli-β-hidroxibutirato¹. Así mismo, *A. vinelandii*, ha sido estudiado por su capacidad de promover el crecimiento vegetal (PGPR) puesto que produce fitohormonas, sideróforos, ácidos orgánicos, mineralización de nutrientes, etc. La producción de alginato por este microorganismo es una de las características que permite la producción de amonio molecular en presencia de oxígeno, esto permite que exista un ambiente de microaerobiosis para que se pueda llevar a cabo la función de la nitrogenasa. Se han realizado diversos estudios que han permitido saber la función de genes implicados en la función de la nitrogenasa, así como los factores que han permitido la protección a ésta, como la producción de alginato (gen *algD* clave en la producción). Las estrategias utilizadas hasta este momento han sido estrategias de genética clásica. Con el objetivo de realizar la generación de cepas que puedan tener funciones mejoradas en la promoción del crecimiento vegetal, se ha propuesto realizar una evaluación de un sistema de modificación genética de nueva generación, el sistema CRISPR-Cas tipo II, que se ha utilizado de forma eficiente para la modificación de genes endógenos en una amplia gama de células y organismos, incluidas bacterias, plantas, insectos y células humanas. Se realizó la correcta integración del sistema CRISPR-Cas9 en *Azotobacter vinelandii* y se evaluó el funcionamiento del mismo sobre un gen esencial para la producción de alginato en la bacteria, el gen *algD*, lo que nos permitió dilucidar la viabilidad del uso de esta técnica en genes involucrados en la fijación de nitrógeno, producción de sideróforos, entre otras cualidades relacionadas directamente con el crecimiento de las plantas.

IMPPLICACIONES DE LA CRÍA EN LABORATORIO EN EL ESTUDIO DE MICROBIOTA ASOCIADA A RESISTENCIA A INSECTICIDAS EN *Aedes aegypti*

Alejandro Mejía-Muñoz^{1*}, Ana María Mejía-Jaramillo¹, Carl Lowenberger²,
Karla Saavedra-Rodríguez³ y Omar Triana-Chávez¹

¹Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas – BCEI, Universidad de Antioquia, UdeA, Medellín, Colombia.

²Centre for Cell Biology, Development and Disease, Department of Biological Sciences, Simon Fraser University, Canada.

³Colorado State University, Department of Microbiology, Immunology and Pathology, Center of Vector-borne and Infectious Diseases, Fort Collins, Colorado, United States of America.

***Autor para correspondencia:** alejo323mejia@gmail.com

La resistencia a insecticidas es un problema tanto para la seguridad alimentaria como para la salud pública. Este fenómeno es especialmente relevante en el mosquito *Aedes aegypti*, vector del dengue, debido a que cada vez se requieren de concentraciones más altas para efectuar su control efectivo. Los mecanismos de resistencia que más se han estudiado son los genéticos o metabólicos; sin embargo, basarse únicamente en estos mecanismos no ha permitido explicar por completo el fenotipo de resistencia observado en la mayoría de los estudios. Otro mecanismo que modula este fenómeno corresponde a la microbiota. De esta manera, bacterias asociadas al mosquito pueden ser sinérgicas y metabolizar o degradar el insecticida a compuestos menos tóxicos. A diferencia de las mutaciones genéticas, la resistencia mediada por bacterias puede ocurrir mucho más rápido, ya que los microbios pueden adquirirse a través del ambiente o por medio de transferencia horizontal. Sin embargo, aún se sabe poco sobre el comportamiento de las comunidades microbianas de mosquitos de campo comparados con los criados en laboratorio. Por esta razón, entender estas dinámicas permite dilucidar los mecanismos por los cuales los insectos adquieren o mantienen resistencia. Es así como en este estudio realizamos metabarcoding 16S rRNA de la microbiota del intestino medio de *Ae. aegypti* de una población de campo, la comparamos con la misma población criada en condiciones de laboratorio y realizamos un experimento de presión con los piretroides lambda-cyhalotrina y permetrina, con el objetivo de caracterizar su microbiota. Encontramos dos grupos bacterianos claramente diferenciados entre las poblaciones de campo y laboratorio, con características fundamentales que pueden responder a su fenotipo. Adicionalmente, detectamos alta abundancia de *Delftia* en los insectos resistentes a permetrina, pero ausentes en la población susceptible y en la población de campo, lo que sugiere un papel importante en la resistencia.

EFFECTO DE LA SUPLEMENTACIÓN CON PROBIÓTICOS EN LA MICROBIOTA DE LARVAS DEL HUACHINANGO DEL PACÍFICO *Lutjanus peru*

Raquel Abigail García-Castillo^{1*}, Silvie Dumas¹, César Salvador Cardona-Félix²
y Ulises Amador-Marrero²

¹Instituto Politécnico Nacional. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas (IPN-CICIMAR), Av. Instituto Politécnico Nacional s/n, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, Baja California Sur, 23096, México.

²Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), Mar Bermejo 195, Col. Playa Palo de Santa Rita, La Paz, Baja California Sur, 23096, México.

***Autor para correspondencia:** raquelagc7@gmail.com

La alta mortalidad de larvas de peces en acuicultura se relaciona en parte con interacciones negativas entre hospederos y comunidades microbianas presentes en el agua de cultivo, que incluyen bacterias patógenas oportunistas capaces de colonizar el tracto digestivo y alterar funciones metabólicas del hospedero. Aunque los antibióticos se han empleado tradicionalmente para el control bacteriano, su uso conlleva riesgos asociados a la generación de cepas resistentes. Como alternativa, los probióticos han mostrado efectos positivos al mejorar la funcionalidad intestinal, inhibir patógenos, producir compuestos antimicrobianos y enzimas digestivas, así como favorecer el crecimiento y la supervivencia del hospedero. El objetivo de la presente investigación fue evaluar el efecto de la suplementación con probióticos en larvas de huachinango del Pacífico (*Lutjanus peru*). Se llevó a cabo un cultivo larvario de 9 días con un tratamiento con probióticos (106 UFC/mL) y un control sin probióticos, adicionando diariamente los probióticos a través del alimento. El consorcio probiótico estuvo compuesto por las bacterias *Bacillus subtilis*, *B. paralyticiformis*, *Lactobacillus casei*, *L. plantarum*, y la levadura *Saccharomyces boulardii*. La comunidad bacteriana de las larvas se analizó al inicio y al final del cultivo en cada grupo experimental mediante secuenciación masiva de la región V3–V4 del 16S ARNr. Los resultados mostraron una predominancia del filo Proteobacteria en todos los grupos (40–90%). Además, se encontró una mayor abundancia de las familias Halieaceae y Methylophagaceae en el tratamiento con probióticos. Asimismo, se detectaron cambios significativos en la composición bacteriana entre el primer y el último día de cultivo (ANOSIM, <0.05), así como diferencias en la homogeneidad de las comunidades entre el tratamiento con probióticos y el control (Kruskal–Wallis, $q < 0.05$). En conclusión, la suplementación con probióticos modificó la estructura microbiana asociada a las larvas, lo que sugiere un potencial efecto modulador sobre su microbiota durante el desarrollo temprano.

ANÁLISIS METATRANSCRIPTÓMICO DE CARACOLES TERRESTRES NATIVOS E INVASIVOS EN AUSTRALIA

Berenice Talamantes-Becerra^{1,2*}, Wei-Shan Chang², Michelle Michie², Mike Hodda³, Mariana Hopper⁴ y Valerie Caron³

¹Australian e-Health Research Centre, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Acton, ACT 2601, Australia

²Health and Biosecurity, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Acton, ACT 2601, Australia

³National Collections and Marine Infrastructure, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Acton, ACT 2601, Australia

⁴Health and Biosecurity, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Floreat, WA 6024, Australia

*Autor para correspondencia: berenicetalamantes@yahoo.fr

Los caracoles son especies que pueden recorrer largas distancias adheridos a superficies como contenedores marinos, y son organismos comúnmente interceptados en las fronteras del país. Los caracoles son miembros ubicuos del ecosistema y pueden fungir como vectores de parásitos y patógenos. A pesar de su relevancia ecológica y su posible impacto negativo en la biodiversidad y la agricultura, se conoce poco sobre el microbioma y parasitoma de estos moluscos. En este proyecto, utilizamos la secuenciación metatranscriptómica para estudiar los perfiles microbianos activos y de transcripción en diversas especies de caracoles recolectadas en entornos urbanos y periurbanos de Australia. Se recolectaron un total de 710 caracoles y una babosa en varios estados de Australia, y se interceptaron 22 caracoles en las fronteras australianas. Los especímenes se mantuvieron vivos hasta que se colocaron en un congelador a -80 °C. Todas las especies de caracoles fueron identificadas morfológicamente por un experto en taxonomía. Se extrajo ARN a partir de caracoles completos y se secuenció utilizando la tecnología Illumina NextSeq utilizando una configuración de 150 ciclos. Los extractos de ARN se agruparon por especie y sitio de recolección, con un promedio de cinco caracoles por grupo, lo que resultó en 111 bibliotecas para secuenciación. En el análisis bioinformático se compararon dos métodos: 1) KMA como alineador de secuencias con CCmetagen para la clasificación taxonómica, y 2) BLAST + como alineador de secuencias y códigos de Python personalizados para la selección y el filtrado de secuencias. Utilizamos bases de datos especializadas y una base de datos de amplio rango para eliminar falsos positivos. Se identificaron 38 especies de caracoles, de las cuales 23 eran introducidas y 5 nativas. La secuenciación generó un promedio de al menos 56 millones de lecturas por biblioteca. Los resultados mostraron que las bacterias fueron las más abundantes en todas las muestras, con proporciones variables de hongos, nematodos, trematodos y protozoarios detectadas según la ubicación de muestreo y la especie de caracol. Se identificaron varios taxa de relevancia médica, como *Angiostrongylus*, *Acanthamoeba*, *Strongyloides* y *Schistosoma*, así como secuencias virales y fúngicas con posible fitopatogenicidad. En este estudio mostramos la utilidad de la metatranscriptómica basada en tecnologías de secuenciación masiva para el perfilado de la microbiota activa de caracoles terrestres. Nuestros resultados enfatizan el rol de los caracoles como posibles vectores de organismos patógenos y resaltan la importancia de incluir tanto especies nativas como invasoras en las iniciativas de biovigilancia. De igual manera, desarrollamos un método bioinformático escalable para estudios ecológicos y de monitoreo.

EFFECTO DE LOS ANTIDEPRESIVOS SOBRE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PERSONAS CON DEPRESIÓN: REVISIÓN SISTEMÁTICA

Elda Robles-Sierra^{1*}, Azucena González-Horta¹, Dvorak Montiel-Condado¹,
María Quiroz-Vázquez¹ y Brenda González-Hernández¹

¹Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Ciencias Genómicas.

***Autor para correspondencia:** elda.roblessr@uanl.edu.mx

Actualmente a nivel mundial se estima que 360 millones de personas sufren depresión mayor y se ha convertido en una causa importante de discapacidad a nivel global. Aunque los antidepresivos, particularmente los inhibidores selectivos de la recaptación de serotonina (tratamientos de primera línea) y los inhibidores de la recaptación de serotonina y noradrenalina, aún se tienen dudas sobre su mecanismo completo y su eficacia en todos los pacientes. Evidencia emergente señala que la microbiota intestinal, a través del eje intestino-cerebro, podría desempeñar un papel en la fisiopatología de la depresión y en la posible respuesta a los antidepresivos. El objetivo fue evaluar, mediante una revisión sistemática, si los tratamientos antidepresivos modifican la composición y funcionalidad de la microbiota intestinal en personas con depresión mayor. La búsqueda sistemática se realizó en PubMed y Europe PMC desde su inicio hasta Julio de 2025, siguiendo la metodología PRISMA 2020. Se emplearon estrategias específicas que incluyen nombres genéricos de antidepresivos, términos relacionados con microbiota y depresión, y filtros para estudios en humanos, excluyendo otras patologías que pueden ser tratadas con antidepresivos. Se incluyeron estudios clínicos que evalúen cambios en la microbiota antes y después del tratamiento o en comparación con controles. Para el análisis se registrará el diseño del estudio, características de la población, tipo y duración del tratamiento, técnicas de análisis microbiano y resultados principales. La búsqueda inicial en las bases de datos seleccionadas identificó un total de 146 registros. Tras la eliminación de 3 duplicados, se procedió al cribado por título y resumen, aplicando los criterios de inclusión y exclusión previamente definidos. Como resultado de esta etapa, se seleccionaron 11 artículos para su evaluación a texto completo. Concluyendo que los antidepresivos si tienen un impacto en la microbiota intestinal influyendo en la eficacia terapéutica.

ORGANISMOS ASOCIADOS A LA SINTOMATOLOGÍA DE PROLIFERACIÓN DE JILOTES DEL MAÍZ

José Jesús Márquez-Diego^{1*}, Candelario Ortega-Acosta², Adelaida Stephany Hernández-Valencia², Carmen Zúñiga-Romano², Cintya Ivette Rojas-Navarro¹
y Daniel Leobardo Ochoa-Martínez²

¹Departamento de Producción Agrícola, Centro Universitario de la Costa Sur – Universidad de Guadalajara, Av. Independencia Nacional #15, C.P. 48900, Autlán de Navarro, Jalisco, México.

²Posgrado en Fitosanidad-Fitopatología. Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Km 36.5 Carretera México-Texcoco. Montecillo, Texcoco, Estado de México, CP 56264.

***Autor para correspondencia:** jose.marquez@academicos.udg.mx

En el cultivo de maíz existe un síntoma de proliferación múltiple de jilotes la cual ataca directamente la producción de grano, tiene distribución nacional y se desconoce su etiología. El objetivo del presente trabajo fue conocer a los organismos asociados a esta enfermedad mediante secuenciación de alto rendimiento (High-throughput sequencing, HTS, por sus siglas en inglés). Se recolectaron plantas con síntomas en diversos estados de la República Mexicana a las cuales se les extrajo RNA total, mismo que se sometió a secuenciación de alto rendimiento (150pb PE). La calidad de las secuencias se evaluó con el programa FastQC y el ensamble *de novo* se realizó con el programa SPAdes. Las secuencias obtenidas se compararon con la base de datos GenBank del NCBI. Después del análisis bioinformático se encontraron los siguientes virus: *Sugarcane mosaic virus*, *Barley virus G*, *Maize yellow mosaic virus*, *Maize dwarf mosaic V*, *Aphid lethal paralysis virus*, *Iranian Johnsongrass mosaic virus* y *Switchgrass mosaic virus*. Asimismo, se encontraron los fitoplasmas *Candidatus Phytoplasma solani*, *Candidatus Phytoplasma asteris*, *Maize bushy stunt phytoplasma*, *Dalbulus elimatus phytoplasma*, *Candidatus Phytoplasma meliae*, *Candidatus Phytoplasma pruni* y *Cacopsylla pruni* isolate y los espiroplasmas *Gemmataceae bacterium* isolate, *Gossypium anomalum* isolate, *Staphylococcus aureus*, *Clostridium botulinum*, *Spiroplasma kunkelii* y *Spiroplasma clarkii*. Es necesario realizar pruebas de patogenicidad para conocer si alguno(s) de ellos es(son) el(los) agente(s) causal(es) de esta sintomatología.

CARACTERIZACIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL DE *Apis mellifera* BAJO DIFERENTES GRADOS DE INFESTACIÓN DE *Varroa destructor*

Nayeli Almazán-Maldonado^{1*}, Ariadne Hernández-Pérez¹, Jesús Alejandro Zamora-Briseño²
y Ricardo Anguiano-Baez¹

¹Departamento de Medicina y Zootecnia de Abejas, Conejos y Organismos Acuáticos. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México.

²Instituto de Ecología. Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación.

***Autor para correspondencia:** nayelialmazan@fmvz.unam.mx

A nivel mundial existen más de 21,000 especies de abejas, de las cuales aproximadamente 2,100 habitan en México. Entre ellas, la abeja melífera occidental, *Apis mellifera* L., es la principal especie utilizada en la apicultura en el mundo y juega un papel esencial en la polinización de plantas silvestres y cultivos, contribuyendo a la producción de alimentos y productos apícolas como miel y polen. En la apicultura, las colonias enfrentan amenazas, siendo *Varroa destructor* un ácaro ectoparásito que provoca la enfermedad conocida como varroasis, principal problema sanitario en la apicultura mundial. Este ácaro afecta a abejas adultas y pupas, y actúa como vector de virus y bacterias. Este estudio investiga el efecto de distintos niveles de infestación por *V. destructor* en la microbiota intestinal de abejas melíferas en el Área Natural Protegida Ajusco, Ciudad de México. Las colonias se clasificaron según el método de David de Jong en infestación baja (<3%), intermedia (5-10%) y alta (>20%). Se tomaron muestras estériles del aparato digestivo de abejas adultas para analizar su microbiota mediante secuenciación masiva del gen 16S rRNA con la plataforma Illumina MiSeq y análisis bioinformáticos. Los resultados parciales muestran diferencias significativas en la estructura microbiana entre abejas con infestación baja contra las de infestación intermedia y alta, sin diferencias entre estas últimas. La microbiota está dominada por *Snodgrassella alvi*, *Gilliamella apicola*, *Lactobacillus* (Firm4 y Firm5) y *Bifidobacterium*, bacterias clave en digestión, modulación inmune y metabolismo energético. Estos hallazgos enfatizan la importancia de estudiar la microbiota intestinal de las abejas para generar información que permita plantear estrategias apícolas que mejoren la salud, adaptabilidad o resistencia de las colonias.

COLECCIÓN DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE MUESTRA DE SUELO DE QUINTANA ROO PARA ESTUDIOS DE BIOPROSPECCIÓN

Raúl Rodríguez-Guerra^{1*}, J. Isabel López-Arroyo¹, Raúl Asael Rodríguez-Villarreal²,
Isidro Humberto Almeyda-León¹ y Kenzy Iveth Peña-Carrillo¹

¹INIFAP-Campo Experimental General Terán.

²UANL-Facultad de Ciencias Biológicas.

***Autor para correspondencia:** rodriguez.raul@inifap.gob.mx

La búsqueda de microorganismos de interés en diferentes áreas como salud, diversas industrias y agrícola, ha permitido seleccionar especies para los fines requeridos. El suelo es la mayor fuente de diversidad de microorganismos, y en México son escasos los suelos analizados. En esta investigación se realizó el aislamiento de microorganismos mediante la técnica de dilución en placa a partir de un suelo del estado de Quintana Roo (20.86000, -87.12694), México. Se utilizó el medio de cultivo agar nutritivo para el aislamiento de bacterias y actinobacterias, y el medio papa dextrosa agar acidificado (200 µL de ácido láctico al 85% L⁻¹ agregado antes de vaciar a cajas Petri) para hongos. A las 24 a 72 h se aislaron microcolonias de los microorganismos. Ciento setenta y un microcolonias fueron obtenidas en los primeros tres de días. Los aislados fueron agrupados por morfotipos (cepa o cepas que posee un conjunto de características macroscópicas únicas). Veintiocho cepas fueron bacterias, 48 de hongos y 95 de actinobacterias, de las cuales se determinaron 20, 43 y 82 morfotipos distintos, respectivamente. Algunas cepas compartieron el mismo morfotipo. Adicionalmente, se realizó una prueba preliminar con el banco de bacterias y cinco de los morfotipos de hongos para determinar su capacidad de inhibir la germinación de conidios de cuatro cepas de *Fusarium oxysporum* y una de *F. verticillioides*. Ninguna bacteria inhibió la germinación de conidios de *Fusarium*. Sin embargo, un morfotipo de hongo inhibió la germinación de conidios de las cinco cepas de *Fusarium*. Los resultados demuestran gran diversidad de microorganismos en la muestra de suelo analizada del estado de Quintana Roo, México, sobresaliendo la diversidad de actinobacterias. Estos microorganismos serán evaluados por su capacidad antagónica contra otras especies de fitopatógenos, y se realizarán estudios adicionales con el hongo que mostró antagonismo contra las capas de *Fusarium*.

PRESENCIA DE BACTERIAS POTENCIALMENTE PATÓGENAS EN MUESTRAS SANGUÍNEAS DE BISONTE AMERICANO (*Bison bison*) EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA DE JANOS, CHIHUAHUA

Juan Carlos Ontiveros-Chacón^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Joel Domínguez-Viveros², Nelson Aguilar-Palma², Verónica Ávila-Rodríguez¹ y Josué Raymundo Estrada-Arellano¹

¹Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Durango, México.

²Facultad de Zootecnia y Ecología. Universidad Autónoma de Chihuahua. Chihuahua, Chihuahua, México.

***Autor para correspondencia:** jontiveros@uach.mx

El bisonte americano (*Bison bison*) ocupaba extensos territorios desde Canadá, Estados Unidos y México, sin embargo, estuvieron al borde de la extinción en el siglo XIX. En México, la NOM-059-2001 clasificó al bisonte americano en peligro de extinción. El objetivo del presente estudio fue determinar las bacterias con potencial patógenas en sangre de bisontes juveniles y adultos de la manada de Rancho El Uno en la reserva de la biosfera de Janos Chihuahua. Se colectó sangre de 24 bisontes en noviembre 2023; se extrajo el DNA y se realizó la secuenciación V3-V4 gen 16S rRNA con NovaSeq 6000 en Novogene (USA-China). El análisis bioinformático se realizó en QIIME2 para filtrar y generar los ASV; posteriormente, las bacterias con nombre latinizado que se encontraron como patógenos potenciales se corroboraron en el NCBI mediante la herramienta BLAST considerando un 98% de identidad. En bisontes juveniles se registraron cinco patógenos potenciales (*Mycoplasma wenyonii*, *M. ovis*, *Ureaplasma diversum*, *Acinetobacter radioresistens* y *Clostridium perfringens*); para los bisontes adultos se observaron ocho patógenos potenciales (*M. wenyonii*, *M. ovis*, *Prevotella melaninogenica*, *Fusobacterium necrogenes*, *Corynebacterium kroppenstedtii*, *C. amycolatum*, *Staphylococcus sacharolyticus* y *C. perfringens*). Estos resultados representan una referencia bacteriológica que será de utilidad para un manejo sanitario preventivo y correctivo más eficaz.

MICROBIOTA DEL SUELO PRESENTE EN AGROECOSISTEMAS CON DIVERSOS MANEJOS AGRONÓMICOS

Erika Nava-Reyna¹, Alejandra Cabrera-Rodríguez^{2*}, Cristina García-De la Peña³,
Ricardo Trejo-Calzada⁴, César A. Meza-Herrera⁴ y Mónica M. Collavino⁵

¹Centro Nacional de Investigación Disciplinaria Relación Agua-Suelo-Planta-Atmósfera.

²Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Unidad Torreón. Departamento de Agroecología.

³Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Juárez del Estado de Durango (UJED).

⁴Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas, Universidad Autónoma Chapingo.

⁵Instituto de Botánica del Nordeste, Facultad de Ciencia Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste-
CONICET.

***Autor para correspondencia:** agroecologale@gmail.com

Los microorganismos del suelo son fundamentales en los procesos de descomposición de la materia orgánica y el ciclo de nutrientes. En este sentido, la estructura y metabolismo de las comunidades bacterianas del suelo están influenciados por el manejo agronómico y las condiciones climáticas del agroecosistema. Se determinó la composición y abundancia de los taxa bacterianos presentes en suelo con manejo agronómico orgánico y convencional, de agroecosistemas semiáridos (producción de nogal) y tropicales (producción de café). Tras la extracción del ADN del microbiota del suelo, se amplificó la región V3-V4 del ARN ribosómico 16S y se secuenció (Illumina). Los resultados se analizaron con QIIME basándose en la referencia EzBioCloud. Los phyla más abundantes en el agroecosistema semiárido en ambos manejos fueron: Proteobacteria, Actinobacteria y Planctomycetes, presentando distintos valores, excepto Planctomycetes. A nivel género: *Tepidisphaera*, *Sphingomonas* y *Gemmata*, fueron más abundantes en ambos manejos. Respecto al agroecosistema tropical, los phyla más representativos fueron: Proteobacteria, Acidobacteria y Planctomycetes, presentando distintos valores, excepto Planctomycetes. A nivel género: *Pseudolabrys*, *Rhodoplanes* y *Solibacter*, fueron más abundantes en ambos manejos. El análisis de la microbiota bacteriana de suelos permitió clasificar grupos taxonómicos más abundantes, los cuales fueron distintos en los diversos agroecosistemas. Lo anterior sugiere que el manejo agronómico y las condiciones climáticas, influyen en la estructura y posiblemente el metabolismo de las comunidades bacterianas, mismas que es fundamental conocer para preservar el estado óptimo del suelo y mantener la productividad de los agroecosistemas.

MICROBIOTA NATIVA DEL QUESILLO ARTESANAL DE OAXACA Y SUS BENEFICIOS A LA SALUD

Danae Alicia Martínez-Martínez^{1*}, Diana Matías-Pérez¹, Iván Antonio García-Montalvo¹,
Alma Dolores Pérez-Santiago¹ y Marco Antonio Sánchez-Medina¹

¹Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, División de Estudios de Posgrado e Investigación/ Doctorado en Ciencias en Desarrollo Regional y Tecnológico/ Oaxaca, México, CP 68033.

***Autor para correspondencia:** dnamtz31@gmail.com

El quesillo artesanal de Oaxaca, es un alimento tradicional elaborado con leche cruda de bovino que le confiere una microbiota nativa diversa, integrada principalmente por bacterias ácido lácticas (BAL), las cuales desempeñan un papel fundamental en la fermentación espontánea, aportando atributos sensoriales distintivos, además de conferir propiedades funcionales con relevancia en la salud humana como la probiótica, dado a su capacidad de sobrevivir a condiciones gastrointestinales adversas, adherirse a células epiteliales intestinales y modular la respuesta inmune. Adicionalmente, se han identificado efectos benéficos asociados al consumo de quesos artesanales fermentados, tales como reducción del riesgo de enfermedades gastrointestinales, regulación del metabolismo lipídico y fortalecimiento del sistema inmunológico. Este estudio tiene como objetivo evaluar las propiedades probióticas de las bacterias ácido lácticas presentes en Quesillo artesanal de Oaxaca, se evaluó la capacidad de resistir condiciones similares al tracto digestivo en cepas de BAL, sometiénolas a medio ácido (pH 3.0), sales biliares (0.3%) y ambos factores (pH 3.0 y 0.3% de bilis), durante 3 h a 37°C. Se obtuvo que el 45% de las cepas evaluadas presentaron tolerancia a crecer en medio ácido (pH3.0); 60% a sales biliares 0.3%, y el 45% toleraron ambas condiciones (pH3.0, sal biliar 0.3%). Para la selección de cepas probióticas los microorganismos deben ser capaces de sobrevivir al paso por el tracto digestivo y proliferar en el intestino, presentando tolerancia a jugos gástricos de pH 3.0 y crecer en presencia de bilis 0.03%. Este estudio proporciona conocimientos importantes sobre la microbiota nativa del quesillo artesanal de Oaxaca, principalmente las bacterias ácido lácticas. Lo que representa un campo de interés tanto científico como tecnológico, que permite valorar un alimento patrimonial no solo desde su dimensión cultural y económica, sino también como un vehículo de microorganismos con potencial funcional de beneficio a la salud.

PRIMER ACERCAMIENTO PARA CONOCER EL PERFIL BACTERIANO EN SANGRE DE LA TORTUGA DE BISAGRA (*Terrapene coahuila*)

Sara Isabel Valenzuela-Ceballos^{1*}, Juan Miguel Borja-Jiménez¹, Cristina García-De la Peña²
y Ricardo Canales-Del Castillo³

¹Laboratorio de Herpetología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango.

²Laboratorio de Medicina de la Conservación Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango.

³Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León

***Autor para correspondencia:** sara.valenzuela@ujed.mx

La tortuga de bisagra (*Terrapene coahuila*) es una especie semiacuática y microendémica del sistema de humedales del valle desértico de Cuatro Ciénegas en el estado de Coahuila en el norte de México. La pérdida de hábitat por sobreexplotación del agua para uso agrícola, ha provocado una reducción alarmante en las poblaciones de la especie, por lo que actualmente está considerada como en Peligro de extinción de acuerdo a evaluaciones nacionales e internacionales. La especie es además el emblema de la reserva, sin embargo, a pesar de esto, se conoce poco sobre otras posibles amenazas que puede enfrentar la tortuga, así como su estado de salud. En el presente estudio se analizó la diversidad de bacterias presentes en tres muestras de sangre colectadas de tortugas en vida libre a través de la amplificación del gen 16S rRNA. Se identificaron 127 familias, 335 géneros y 436 especies de bacterias presentes en las tres muestras. Entre los géneros identificados resaltan *Streptococcus*, *Treponema*, *Prevotella*, *Desulfovibrio*, *Clostridium*, *Acinetobacter*, *Campylobacter*, *Helicobacter*, *Corynebacterium*, *Cutibacterium* y *Parabacteroides* por su potencial patógeno tanto en animales como en personas. No obstante, no se identificaron bacterias exclusivamente patógenas ni evidencia de infecciones activas en los individuos muestreados, lo que sugiere que la microbiota de *T. coahuila* podría estar compuesta mayoritariamente por bacterias comensales con presencia ocasional de potenciales patógenos. Estos resultados constituyen un primer acercamiento al conocimiento de la microbiota bacteriana de la especie, proporcionando información básica que puede ser útil para futuras estrategias de conservación y manejo sanitario, así como para evaluar riesgos de zoonosis en poblaciones silvestres y cautivas de tortugas y otros animales de Cuatro Ciénegas.

COMUNIDADES BACTERIANAS EN NÓDULOS DE FRIJOL MEJORADO DE LA REGIÓN DE DURANGO, MÉXICO

Cinthy Judith Ortega-Esparza¹, Erika Nava-Reyna^{2*}, Ricardo Trejo-Calzada¹,
Oscar Martin Antúñez-Ocampo³, María del Rosario Jacobo-Salcedo²
y Aurelio Pedroza-Sandoval¹

¹Unidad Regional Universitaria de Zonas Áridas de la Universidad Autónoma Chapingo, (URUZA-UCh), Bermejillo, Dgo., México.

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en relación Agua, Suelo, Planta, Atmósfera (INIFAP CENID-RASPA), Gómez Palacio, Dgo., México.

³Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Centro de Investigación Regional Pacífico Sur (CIRPAS), Campo Experimental Iguala, Guerrero, México.

***Autor para correspondencia:** nava.erika@inifap.gob.mx

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) constituye uno de los cultivos de mayor relevancia agrícola y social en México, donde se siembra en prácticamente todas las regiones productoras. Como otras leguminosas, forma nódulos radicales que albergan comunidades bacterianas con funciones clave como la fijación biológica de nitrógeno, la promoción del crecimiento vegetal y la protección frente a patógenos. El conocimiento detallado de la diversidad microbiana asociada a estas estructuras es esencial para comprender los mecanismos que favorecen la productividad y la sostenibilidad del cultivo. El objetivo de este estudio fue caracterizar la composición taxonómica de bacterias presentes en nódulos de variedades mejoradas de frijol cultivadas en la región de Durango, México. Las muestras se obtuvieron de tres variedades de frijol mejorado (Pinto Bravo, Jamapa y NOD1). La región V3-V4 del gen 16S rRNA se amplificó y secuenció siguiendo el protocolo de Illumina. Las secuencias fueron analizadas mediante el pipeline QIIME2, utilizando DADA2 para el control de calidad y conformación de ASVs. La asignación taxonómica se realizó con la base de datos Greengenes2. Se obtuvieron en total 2,233,696 lecturas distribuidas entre las tres variedades. En todas las variedades predominó la familia Rhizobiaceae (62.6–82.1%), reconocida por su papel en la fijación de nitrógeno, seguida de Marinilabiliaceae (14.9–28.6%), grupo poco reportado en nódulos y asociado previamente a ambientes marinos y ricos en nutrientes. Más del 90% de la diversidad total se concentró en estas dos familias. Los resultados evidencian una fuerte dominancia microbiana en los nódulos de frijol, resaltando la importancia de Rhizobiaceae como simbiote principal y sugiriendo la posible participación de Marinilabiliaceae como cohabitante con funciones metabólicas complementarias aún por dilucidar. Este estudio aporta información clave sobre el bacterioma nodular y establece bases para futuras aplicaciones biotecnológicas orientadas al mejoramiento y sostenibilidad del cultivo de frijol.

DIVERSIDAD BACTERIANA DE SANGRE DE CABRAS CRIOLLAS ESTABULADAS Y DE LIBRE PASTOREO EN LA COMARCA LAGUNERA, MÉXICO

Judith Correa-Gómez^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Juan Carlos Herrera-Salazar¹, Sergio Iván Barraza-Guerrero², Ramiro González-Ávalos² y Jesús Vázquez-Arroyo³

¹Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Dgo. México.

²Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Unidad Laguna, Torreón, Coah., México

³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Dgo. México.

***Autor para correspondencia:** gomezj93@hotmail.com

La diversidad bacteriana sanguínea constituye un indicador clave de la salud animal y es un reflejo de la interacción entre factores ambientales y fisiológicos que rodean a los individuos. En México, las cabras criollas representan un recurso zoogenético de gran importancia productiva y cultural, particularmente en la Comarca Lagunera, donde coexisten sistemas de estabulación intensiva y de libre pastoreo. El presente estudio tuvo como objetivo conocer y comparar la diversidad bacteriana en muestras de sangre de cabras criollas mantenidas bajo ambos sistemas de manejo utilizando secuenciación de siguiente generación. En abril del presente año se recolectaron 7 muestras sanguíneas directamente de la vena yugular de hembras clínicamente sanas en la localidad de La Ventana y Bermejillo, Durango. Se aisló y purificó el DNA de acuerdo a las instrucciones del kit ZymoBiomix. Se amplificaron las regiones V3-V4 del gen 16s rRNA en Novogene; se realizó un análisis de datos en QIIME2 y se asignó la taxonomía utilizando la base de datos Greengenes2. Se identificaron 30 phylum provenientes de cabras estabuladas y 48 en libre pastoreo, siendo Firmicutes y Krumholzibacteriota los más abundantes. A nivel familia se identificaron 317 para cabras estabuladas y 471 para las de libre pastoreo, siendo los más abundantes Lachnospiraceae y Mycoplasmoidaceae. El presente trabajo presenta los primeros datos acerca microbiota sanguínea en cabras, los cuales ayudarán a comprender la relación entre prácticas de manejo, microbiota sanguínea y potenciales implicaciones en la salud y productividad caprina en la región.

MICROBIOTA BACTERIANA DEL MOSQUITO *Culex quinquefasciatus* EN MADRIGUERAS DE LA TORTUGA *Gopherus flavomarginatus* EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA MAPIMÍ

Norma Alicia Salas-Muro^{1*} y Cristina García-De la Peña²

¹Universidad Iberoamericana Torreón. Calz. Iberoamericana 2255, Torreón, Coahuila.

²Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Durango, México.

***Autor para correspondencia:** biologanasm@gmail.com

Se caracterizó la microbiota intestinal bacteriana del mosquito *Culex quinquefasciatus* recolectado en madrigueras de la tortuga del bolsón (*Gopherus flavomarginatus*) dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí, México. La composición microbiana de los vectores constituye un indicador relevante de la salud tanto de los propios insectos como de sus hospederos presentes y futuros. Por ello, su monitoreo periódico puede integrarse como una herramienta útil en los planes de manejo y conservación de especies clave, como la tortuga del bolsón, cuya supervivencia es prioritaria en este ecosistema. Las muestras se analizaron mediante secuenciación masiva de nueva generación, amplificando la región V3–V4 del gen 16S rRNA con tecnología Illumina. El procesamiento bioinformático se realizó en QIIME. Se identificaron 12 filos, 20 clases, 32 órdenes, 46 familias y 77 géneros bacterianos. El género *Chelonobacter* resultó ser el más abundante, reconocido por su asociación con el tracto intestinal de tortugas y otros reptiles, aunque también se ha relacionado con enfermedades respiratorias en distintas especies de quelonios. A nivel de filos, Firmicutes y Proteobacteria fueron los grupos dominantes, comúnmente vinculados a comunidades intestinales saludables, dietas ricas en proteína y al fortalecimiento del sistema inmune. Asimismo, se detectaron bacterias provenientes del suelo, del agua y del propio hospedero. Este estudio resalta la importancia de incluir el análisis de la microbiota de vectores como el mosquito *C. quinquefasciatus* en las estrategias de conservación a largo plazo de *G. flavomarginatus*, aportando información clave sobre las interacciones ecológicas y de salud que ocurren en la Reserva de la Biosfera Mapimí.

MICROBIOTA BACTERIANA DE LA GARRAPATA CAFÉ DEL PERRO (*Rhipicephalus sanguineus*) EN LA COMARCA LAGUNERA DE DURANGO, MÉXICO

Annely Zamudio-López^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Sergio I. Barraza-Guerrero², Ernesto Martínez-Aranda², Quetzaly K. Siller-Rodríguez¹, Verónica Ávila-Rodríguez¹, Jesús Vásquez-Arroyo³, Luis Manuel Valenzuela-Núñez¹ y Juan Carlos Herrera-Salazar¹

¹Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio 35010, México.

²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Torreón 27054, México.

³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio 35010, México.

***Autor para correspondencia:** annely_zamudio02@hotmail.com

En México, la garrapata café del perro (*Rhipicephalus sanguineus* sensu lato) constituye un problema de salud pública, especialmente en el noreste de Durango. En dicho estado no existen estudios formales sobre esta garrapata, a pesar de que se han documentado casos de picaduras en humanos con desenlaces fatales. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue determinar la microbiota bacteriana completa de *R. sanguineus* en la Comarca Lagunera de Durango, lo cual se realizó mediante secuenciación masiva de tercera generación (PacBio, región V1–V9 del gen 16S rRNA); asimismo, se identificaron bacterias con potencial patógeno que se transmiten por salivación y aquellas que pueden transmitirse por regurgitación accidental del parásito. En 2024, se examinaron 60 perros en busca de garrapatas no alimentadas; posteriormente, se formaron 15 grupos de garrapatas hembras y 15 grupos de garrapatas machos, cada uno integrado por 30 individuos. Se extrajo el ADN de cada grupo y se amplificó el gen completo 16S rRNA (PacBio). El análisis bioinformático se realizó en QIIME2 (Quantitative Insights into Microbial Ecology) para obtener variantes de secuencia de amplicones (ASVs). Los taxa bacterianos se clasificaron en 21 filos, 24 clases, 81 órdenes, 137 familias, 339 géneros y 565 especies. Las especies más abundantes encontradas tanto en hembras como en machos fueron *Coxiella burnetii* (promedio hembras = 70.85%, promedio machos = 54.50%) y *Staphylococcus pseudintermedius* (promedio hembras = 9.86%, promedio machos = 16.33%). Se detectaron los patógenos *Ehrlichia canis* y *Anaplasma platys*, así como 75 taxa de patógenos potenciales registrados en esta garrapata que podrían ingresar al hospedero en caso de regurgitación accidental del parásito (por ejemplo, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Acinetobacter*, *Corynebacterium*, *Proteus*, *Clostridium*, *Klebsiella*, *Bacillus*, *Escherichia*, *Fusobacterium* y *Pasteurella*). Es necesario continuar analizando la microbiota de las garrapatas mediante secuenciación masiva en beneficio de la salud pública y con el fin de establecer nuevas alternativas para el control de estos parásitos.

COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE LA MICROBIOTA BACTERIANA DEL MOSQUITO DEL DENGUE (*Aedes aegypti*) EN UNA POBLACIÓN EN CAUTIVERIO EN GÓMEZ PALACIO, DURANGO

Dannia Itzel Orozco-López^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Verónica Ávila-Rodríguez² y Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez¹

¹Laboratorio Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Av. Universidad s/n Fracc. Filadelfia C.P. 35010 Gómez Palacio, Durango.

²Laboratorio de Entomología molecular. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Av. Universidad s/n Fracc. Filadelfia C.P. 35010 Gómez Palacio, Durango.

*Autor para correspondencia: dannia.orozco00@gmail.com

Los mosquitos son uno de los vectores más importantes de enfermedades humanas, ya que pueden ocasionar epidemias de Dengue, Chikunguya y Zika. *Aedes aegypti* presenta características biológicas que lo convierten en un vector importante en el ciclo de transmisión de diferentes patógenos. Actualmente el control de la población de mosquitos es la única estrategia disponible para prevenir enfermedades causadas por los mismos, por lo que se han estado implementando nuevas estrategias como la paratransgenesis, la cual es la modificación genética de la microbiota para expresar y transmitir moléculas antipatógenas para reducir la transmisión vectorial. El objetivo del trabajo fue el analizar la composición taxonómica de la microbiota bacteriana del mosquito *A. aegypti* por sexos en cautiverio, así como establecer bacterias con posible potencial paratransgénico. Se colectaron ejemplares de la unidad de bioensayos de la Jurisdicción Sanitaria #2, se analizó la microbiota de estos mediante la secuenciación de siguiente generación (V3-V4 16S rRNA; NovaSeq) para conocer los taxa bacterianos y su abundancia relativa, y así establecer taxa endosimbiontes con posible potencial paratransgénico. El análisis de datos se realizó con QIIME2, mientras que el análisis taxonómico se realizó utilizando la base de datos de Greengenes2 y NCBI. Se encontraron 16 phyla en machos y 20 en hembras; 23 clases en machos y 35 en hembras; 77 órdenes en machos y 103 en hembras; 108 familias en machos y 156 en hembras; 164 géneros en machos y 302 en hembras, así como 201 especies en machos y 369 en hembras. En cuanto a los géneros endosimbiontes con potencial paratransgénico se registraron cinco de los cuales solo uno estuvo presente en hembras (*Enterobacter*).

PERFIL MICROBIANO DE LA LECHE DE VACAS HOLSTEIN EN UN ESTABLO CERTIFICADO DE LA COMARCA LAGUNERA: ENFOQUE EN BACTERIAS CAUSANTES DE MASTITIS

Alexandra Monserrat Arellano-Correa^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Verónica Ávila-Rodríguez², Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez¹ y Juan Carlos Ontiveros-Chacón¹

¹Laboratorio Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, Durango.

²Laboratorio de Entomología Molecular. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, Durango.

***Autor para correspondencia:** alexxa.arellano19@gmail.com

La Comarca Lagunera es una de las principales industrias lecheras productoras en México; sin embargo, se desconoce la microbiota bacteriana que habita en la leche de las vacas de esta región. Se requiere tener una base bacteriológica de referencia de la composición de la microbiota en una vaca sana y productiva sujeta a los altos estándares de calidad, con el fin de identificar aquellas bacterias que no forman parte de una microbiota común y que pudieran estar actuando como patógenos. El objetivo del trabajo fue determinar la diversidad y abundancia de la microbiota bacteriana de la leche en un establo con certificación internacional en la Comarca, utilizando secuenciación masiva de siguiente generación. Se colectó leche de ocho vacas de un establo certificado, la cual se centrifugó y se tomó el sedimento para extracción de DNA. Se secuenció la región V3-V4 16S rRNA en Novogene; el análisis de datos se realizó con QIIME2 y la base taxonómica de Greengenes2 y NCBI. Se obtuvo un total de 1,863 especies de bacterias donde las más abundantes fueron *Faecousia* sp. y *Atopostipes suicloacalis*. Las especies reportadas con potencial de causar mastitis clínica fueron *Staphylococcus aureus aureus*, *Streptococcus dysgalactiae* y *Listeria monocytogenes* (también de importancia zoonótica). De importancia subclínica fueron *Staphylococcus epidermidis*, *S. warneri*, *Streptococcus equinus* y *Mycobacterium smegmatis*. Este es el primer trabajo que busca establecer una referencia bacteriológica de microbiota de leche bovina para hacer comparaciones con establos que no cuenten con certificación y poder apoyar en el diagnóstico y tratamiento oportuno de la mastitis.

METABARCODING PARA EVALUAR EL PERFIL BACTERIANO DE LA GARRAPATA MARRÓN DEL PERRO *Rhipicephalus sanguineus* EN EL SUROESTE DE COAHUILA, MÉXICO

Sergio Iván Barraza-Guerrero^{1*}, César Alberto Meza-Herrera², Cristina García-De la Peña³, Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez³, Jesús Vásquez-Arroyo⁴, María Guadalupe Sánchez-Loera¹, Annely Zamudio-López³, Edén Arely Luna-Zapién⁴ y Luis Manuel Valenzuela-Núñez³

¹Departamento de Salud e Higiene, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Torreón, Coahuila, México. CP 27054.

²Universidad Autónoma Chapingo, Unidad Universitaria Regional de Zonas Áridas, Bermejillo, Durango, México, C.P. 35230.

³Departamento de Medicina de Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, Durango, México. CP 35010.

⁴Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, México. CP 35010.

***Autor para correspondencia:** sergiokun.barraza@gmail.com

Las garrapatas representan un grupo esencial de ectoparásitos con alto impacto en salud animal y humana debido a su capacidad para transmitir múltiples patógenos. En particular, *Rhipicephalus sanguineus* ha sido reconocida como uno de los vectores más importantes en animales domésticos, y su papel en zoonosis está siendo cada vez más investigado. Para realizar estas investigaciones que revelan la microbiota general de las garrapatas se han utilizado técnicas moleculares como la secuenciación masiva de siguiente generación. El objetivo del presente estudio fue caracterizar la comunidad bacteriana de garrapatas *R. sanguineus* mediante secuenciación masiva de siguiente generación. Se conformaron diez pools, cada una integrada por las vísceras de cinco garrapatas adultas (cinco hembras y cinco machos). El DNA fue extraído y la región V3-V4 del gen 16S rRNA fue amplificada y secuenciada utilizando la plataforma MiSeq Illumina, empleándose Greengenes2 como base de datos de referencia taxonómica. La riqueza de ASVs en el grupo de hembras fue de siete phyla, ocho clases, 33 órdenes, 52 familias, 68 géneros y 80 especies. En el grupo de los machos resultaron ocho phyla, nueve clases, 38 órdenes, 59 familias, 79 géneros y 84 especies. Con respecto a la abundancia relativa a nivel de especie *Coxiella mudrowiae* fue la más abundante (media = 41.79%), seguido por *Acinetobacter* sp. (media = 24.10%) y *Ehrlichia canis* (media = 9.72%) para las hembras. Por otra parte, los machos obtuvieron *Coxiella mudrowiae* como el taxón más abundante (media = 82.58%), seguido por una bacteria desconocida (media = 8.42%) y *Ehrlichia canis* (media = 2.83%). En conclusión, la alta abundancia de especies potencialmente patógenas como *C. mudrowiae* y *E. canis* subraya la necesidad de profundizar en estudios moleculares y epidemiológicos sobre enfermedades transmitidas por garrapatas en la región, dada la posible amenaza para la salud humana y animal.

DIVERSIDAD BACTERIANA DE LECHE DE CABRAS CRIOLLAS ESTABULADAS Y DE LIBRE PASTOREO EN LA COMARCA LAGUNERA

Judith Correa-Gómez^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Juan Carlos Herrera-Salazar¹, Sergio Iván Barraza-Guerrero², Ramiro González-Ávalos² y Jesús Vázquez-Arroyo³

¹Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Dgo. México.

²Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Unidad Laguna, Torreón, Coah., México

³Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Juárez del Estado de Durango. Gómez Palacio, Dgo. México.

***Autor para correspondencia:** gomezj93@hotmail.com

Los productos derivados de la cabra doméstica representan una fuente importante de ingresos y son parte integral de la dieta y las actividades agrícolas de la Comarca Lagunera debido a su capacidad de adaptación a condiciones ambientales adversas y la facilidad con la que producen leche y carne. Hasta la fecha no se tiene registro acerca de la composición de la microbiota en leche de cabras en México, por lo cual el presente estudio se realizó con el objetivo de conocer y comparar la diversidad bacteriana en muestras de leche de cabras criollas mantenidas bajo un sistema de producción estabulado y en libre pastoreo. Se tomaron muestras directamente de la ubre de 7 cabras domésticas productoras de leche clínicamente sanas de cada sistema productivo, pertenecientes al municipio de La Ventana y Bermejillo, Coahuila. Las muestras se colocaron en fueron procesadas con disruptor celular, posteriormente se centrifugaron y se tomó el sedimento para aislar y purificar el DNA de acuerdo a las instrucciones del kit ZymoBiomix. Se amplificaron las regiones V3-V4 del gen 16s rRNA en Novogene; se realizó un análisis de datos en QIIME2 y se asignó la taxonomía utilizando la base de datos Greengenes2. Se identificaron 39 phylum provenientes de cabras estabuladas y de libre pastoreo, siendo Firmicutes el más abundante. A nivel familia se identificaron 361 para cabras estabuladas y 444 para las de libre pastoreo, siendo los más abundantes Oscillosporidae y una familia proveniente de la clase Clostridia. El presente estudio establece los primeros registros acerca de la microbiota en leche de cabras la Comarca Lagunera, proveyendo información que ayude para asegurar la calidad y seguridad del producto y monitorear la salud del ganado.

PERFIL MICROBIANO DE SANGRE DE VACAS HOLSTEIN EN UN ESTABLO CERTIFICADO DE LA COMARCA LAGUNERA

Alexandra Monserrat Arellano-Correa^{1*}, Cristina García-De la Peña¹, Verónica Ávila-Rodríguez², Quetzaly Karmy Siller-Rodríguez¹ y Juan Carlos Ontiveros-Chacón¹

¹Laboratorio Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, Durango.

²Laboratorio de Entomología Molecular. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, Durango.

***Autor para correspondencia:** alexsa.arellano19@gmail.com

La ubre de la vaca está conformada por una compleja red de venas, arterias, vasos sanguíneos y linfáticos. Los vasos sanguíneos son esenciales para el suministro de nutrientes y oxígeno a la glándula mamaria; sin embargo, también pueden transportar bacterias que actúan como nichos biológicos válidos o como habitantes transitorios. Diversos expertos sugieren que la presencia de bacterias en la sangre puede deberse a la translocación desde otros sitios del organismo. Resulta fundamental contar con una base bacteriológica de referencia sobre la composición de la microbiota en sangre de vacas sanas y productivas bajo altos estándares de calidad. Esto permite identificar aquellas bacterias que no forman parte de la microbiota común y que podrían desempeñar un papel patógeno. El objetivo de este estudio fue caracterizar la microbiota bacteriana presente en la sangre de vacas de un establo certificado mediante secuenciación masiva de siguiente generación, con el fin de establecer un perfil de referencia y contribuir a un diagnóstico más preciso. Se colectaron muestras de sangre de ocho vacas de un establo certificado y se extrajo su DNA. La región V3-V4 del gen 16S rRNA fue secuenciada en Novogene y el análisis bioinformático se efectuó con QIIME2 utilizando las bases taxonómicas Greengenes2 y NCBI. Se identificaron 1,651 especies bacterianas siendo las más abundantes *Mycoplasma haematobovis* y *Comamonas* sp. También destacaron especies asociadas a mastitis clínica como *Staphylococcus warneri* y *Streptococcus dysgalactiae*. Asimismo, se detectaron bacterias vinculadas a mastitis subclínica, como *Staphylococcus xylosus*, *S. equorum* y *Klebsiella pneumoniae*, esta última con relevancia zoonótica. Los resultados de este trabajo buscan establecer una referencia bacteriológica de la microbiota sanguínea bovina que sirva como base comparativa frente a establos no certificados, contribuyendo así al diagnóstico y tratamiento oportuno de la mastitis.

MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DEL TORDO CABEZA AMARILLA (*Xanthocephalus xanthocephalus*): COMPOSICIÓN, DIVERSIDAD Y POTENCIAL ZONÓTICO EN LA COMARCA LAGUNERA, MÉXICO

Jorge Luis Cortinas-Salazar^{1*}, Cristina García de la Peña¹ y Omar Suárez-García²

¹Laboratorio de Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Juárez del Estado de Durango. Av. Universidad s/n, Fracc. Filadelfia, C.P. 35010 Gómez Palacio Durango, México.

²Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Leyes de Reforma 1a Sección, Alcaldía Iztapalapa, Ciudad de México.

*Autor para correspondencia: doc_jlcs08@outlook.com

El tordo o mirlo cabeza amarilla (*Xanthocephalus xanthocephalus*) es un migrante de invierno que en México y en la Comarca Lagunera de Coahuila y Durango, forma parvadas numerosas para descansar en áreas urbanizadas, principalmente sitios arboledados como los parques y jardines, lo que acarrea problemas por acumulación de heces. Debido a su dieta y a su comportamiento migratorio, la microbiota intestinal de estas aves puede albergar una diversidad de bacterias, algunas de las cuales podrían ser patógenos potenciales para el ser humano; sin embargo, esto aún es desconocido en México y en la región. Es importante comprender la estructura y función de esta microbiota para evaluar los riesgos en la salud pública y desarrollar estrategias de prevención y control de posibles enfermedades transmitidas por estos animales. El objetivo de este estudio fue analizar la composición, diversidad y el potencial zoonótico de la microbiota fecal del tordo cabeza amarilla (*X. xanthocephalus*) en la Comarca Lagunera. Se colectaron muestras fecales en parques y plazas, las cuales fueron procesadas para extraer el DNA, posteriormente, se amplificó la región V3-V4 (16S rRNA) y se realizó secuenciación de siguiente generación con tecnología Illumina. Los datos obtenidos se analizaron bioinformáticamente para determinar la composición y diversidad de las comunidades bacterianas presentes en las heces de los tordos. Se identificaron aquellos taxa bacterianos que podrían estar asociados a enfermedades zoonóticas. Se registró un total de 40 phyla, 216 familias, 382 géneros y 292 especies confirmadas por el NCBI. Con respecto a los taxa bacterianos con potencial zoonótico, se registraron 60. Los resultados sugieren la importancia de los tordos como reservorios de patógenos potenciales y resaltan la necesidad de implementar medidas de control y prevención para minimizar el riesgo de transmisión de enfermedades zoonóticas a la población humana.

PLANTACIONES FORESTALES Y SU INFLUENCIA EN LA ESTRUCTURA MICROBIANA DE SUELOS DEGRADADOS

Erika Nava-Reyna^{1*}, Judith A. Sánchez-Ledesma², Erickson Basave-Villalobos³, Vicenta Constante-García¹ y María del Rosario Jacobo-Salcedo¹

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Relación Agua, Suelo, Planta (CENID-RASPA), Margen Derecho del Canal de Sacramento km 6.5, Gómez Palacio, Durango, México. CP. 3514.

²Tecnológico Nacional de México, campus Instituto Tecnológico de Torreón. Carr. Torreón-San Pedro km 7.5, Ejido Ana. Torreón, Coahuila, México C.P. 27170.

³INIFAP-CIRNOC - Campo Experimental Valle del Guadiana, Kilómetro 4.5 Carretera Durango-El Mezquital, Durango, Dgo. C.P. 34170,

*Autor para correspondencia: nava.erika@inifap.gob.mx

La degradación de los bosques tropicales por el avance de la agricultura convencional representa una de las principales amenazas a la biodiversidad y al equilibrio funcional de los ecosistemas. En este contexto, las plantaciones forestales se han promovido como una estrategia de restauración, especialmente cuando se emplean especies nativas, pues contribuyen a la recuperación de la diversidad genética y de procesos ecológicos clave. Sin embargo, los efectos de estas prácticas sobre la calidad biológica del suelo, particularmente sobre las comunidades microbianas, siguen siendo poco estudiados. El objetivo de este trabajo fue evaluar el impacto a largo plazo de una plantación comercial de *Pinus greggii* sobre las comunidades bacterianas del suelo, 18 años después de su establecimiento. Se compararon dos condiciones: un área degradada por agricultura convencional (AG) y un área con plantación forestal (PF). El análisis metagenómico se realizó mediante secuenciación Illumina del gen 16S rRNA (regiones V3-V4), con procesamiento en QIIME2 (DADA2) y asignación taxonómica con Greengenes2. Se obtuvieron en promedio 207,184 lecturas de alta calidad. Los resultados mostraron que Actinobacteriota fue el filo dominante en ambos sitios. Sin embargo, en suelos de PF se registró mayor abundancia de Firmicutes_D y Gemmatimonadota, mientras que Chloroflexota predominó en AG. Estos cambios reflejan un impacto positivo de la plantación forestal sobre la estructura bacteriana del suelo, favoreciendo grupos asociados a procesos de reciclaje de nutrientes y resiliencia del ecosistema. En conclusión, el establecimiento de *Pinus greggii* contribuyó a modificar y diversificar las comunidades microbianas respecto a suelos degradados por agricultura. Esto sugiere que las plantaciones forestales pueden ser una alternativa eficaz para mejorar la calidad biológica del suelo y apoyar la restauración ecológica en zonas impactadas por actividades agrícolas intensivas.

COMPARACIÓN DE LA MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DEL BISONTE AMERICANO (*Bison bison*) EN DOS ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS EN EL NORTE DE MÉXICO

Rodolfo Frutos-Ríos^{1*}, Irene Pacheco-Torres¹, Luis Antonio Tarángo-Arámbula², Juan Carlos Ontiveros-Chacón¹ y Cristina García-De la Peña¹

¹Laboratorio Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez de Durango, AV. Universidad S/N Fracc. Filadelfia Código postal: 35010, Gómez palacio, Durango.

²Colegio de Postgraduados, Campus San Luis Potosí, C. de Iturbide No. 73, San Agustín, Salinas de Hidalgo, S.L.P.

*Autor para correspondencia: rodolfofr11@gmail.com

El bisonte americano (*Bison bison*) es una especie clave para la restauración ecológica de pastizales y está catalogado como "en peligro de extinción" (NOM-059-SEMARNAT-2010) en México. El país alberga dos poblaciones silvestres reintroducidas: 23 bisontes en la RB Janos (Chihuahua) desde 2009, y 19 en la ANP Maderas del Carmen (Coahuila) desde 2019. El estudio de la microbiota bacteriana fecal es esencial para evaluar la salud, nutrición y adaptación de estas poblaciones. El objetivo de esta investigación fue comparar la composición y diversidad de la microbiota entre los bisontes de Janos y Maderas del Carmen. Se recolectaron cinco muestras fecales por población. El DNA se extrajo y se amplificó la región V3-V4 16S rRNA para la secuenciación de siguiente generación (Novaseq 6000). El análisis bioinformático (QIIME2) reveló claras diferencias en la riqueza bacteriana: en RB Janos se determinaron 610 especies y en ANP Maderas el Carmen se registraron 221 especies. La población de Janos presentó una riqueza y diversidad significativamente mayor que la de Maderas del Carmen. A nivel Phylum, ambas poblaciones compartieron su microbiota principal dominada por Firmicutes, Bacteroidota y Verrumicrobiota. Sin embargo, a nivel género las diferencias fueron evidentes. Janos se caracterizó por una mayor abundancia de *Faecousia* y *Cryptobacteroides*, mientras que Maderas del Carmen mostró una abundancia de *Akkermansia* y *Faecousia*.

ENDOLYSIN GENE ANALYSIS OF BACTERIOPHAGE ISOLATED FROM BEANS RHIZOSPHERE FROM SINALOA

Juan José Morales-Aguilar^{1*}, Erika Camacho-Beltrán², Melina López-Meyer², Gabriel Rincón-Enríquez³ and Evangelina Esmeralda Quiñones-Aguilar³

¹Universidad Autónoma de Occidente, Unidad Regional Guasave. Avenida Universidad S/N Colonia Villa Universidad, Guasave. Sinaloa, México.

²Instituto Politécnico Nacional, Centro Interdisciplinario de Investigación, para el Desarrollo Integral Regional. (CIIDIR-Unidad Sinaloa), Juan de Dios Bátiz Paredes 250, Guasave, Sinaloa, México.

³Laboratorio de Fitopatología, Unidad de Biotecnología Vegetal, Centro de investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, Zapopan, Jalisco, México.

***Correspondence author:** moralesagjj@gmail.com

Bacteriophages are the most abundant biological entities on Earth, and their genome analysis enables a wide range of biotechnological applications. Within lytic bacteriophage genomes, endolysin proteins play a crucial role in the bacterial lysis cycle. A bacteriophage isolated from the bean rhizosphere was de novo assembled and annotated. Endolysins represent important biotechnological targets, as they are key factors in the phage lytic process, and chimeric proteins incorporating endolysins have potential as biocontrol agents in various industries. The objective of this study was to analyze the endolysin protein sequences obtained from a de novo-assembled bacteriophage through next-generation sequencing (NGS). Bacteriophage genomes were obtained from NCBI, and the presence of endolysin genes was manually confirmed. Protein identification was carried out using InterPro. BLAST analysis of the endolysin protein revealed that the endolysin from phage Honk is the most closely related, sharing 71.13% amino acid identity. Multiple sequence alignment of the endolysin gene with those from several *Microbacterium* phages available in NCBI showed several conserved regions among *Microbacterium* bacteriophage endolysins. **Conclusion:** The endolysin of phiMiGM15 differs from other endolysin proteins encoded by *Microbacterium* bacteriophages, suggesting potential structural and functional uniqueness with possible biotechnological implications.

FUNCTIONAL METAGENOMIC ANALYSIS REVEALS DIVERGENT NUTRIENT CYCLING STRATEGIES IN ORGANIC AND CONVENTIONAL SOIL MANAGEMENT

Juan José Morales-Aguilar^{1*}, Erika Camacho-Beltrán², Rocío Crystabel López-González³ and Esther Adriana Ceniceros-Ojeda⁴

¹Universidad Autónoma de Occidente, Unidad Regional Guasave. Avenida Universidad S/N Colonia Villa Universidad, Guasave, Sinaloa, México.

² Instituto Politécnico Nacional, Centro Interdisciplinario de Investigación, para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR-Unidad Sinaloa), Juan de Dios Bátiz Paredes 250, Guasave, Sinaloa, México.

³Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Ciudad Valles, Carretera al Ingenio Plan de Ayala Vista Hermosa, CP. 79010 Ciudad. Valles, San Luis Potosí.

⁴Agrotech Consultores. San Juan CP. 23085 La Paz, B. C. S

*Correspondence author: moralesagjj@gmail.com

Soil Ecological Management (SEM) is increasingly advocated for its benefits to soil and plant health, particularly in mitigating environmental stressors like drought and promoting beneficial biological interactions with soil microorganisms (SM). To assess the effects of SEM practices, Next-Generation Sequencing (NGS) methods were applied to analyze the soil microbiome. Three soil samples from grass fields were analyzed: Soil 1 employed traditional chemical management, while Soil 2 and Soil 3 utilized distinct organic management approaches. Taxonomic analysis of the million reads per sample was performed using Kraken and Krona. Of the 235 microbial families detected, a subset of microorganisms exceeding 5,000 reads was further analyzed. Despite an initial appearance of balance, a closer examination revealed key differences in family-level abundance. A stable microbial core, composed of the dominant genera *Streptomyces*, *Pseudomonas*, and *Bradyrhizobium*, was equally represented across all samples. However, the genus *Micromonospora* was found in higher relative abundance in the SEM samples (S2 and S3), suggesting its utility as a positive bioindicator of ecological practices due to its crucial role in organic matter decomposition. Functional metabolic analysis, conducted using a custom protein database and BLASTp, demonstrated significant divergences in metabolic potential. The Ecological Management soils (S2 and S3) exhibited higher relative abundances of functional genes associated with nitrogen fixation, phosphorus solubilization, hemicellulose degradation, and carbohydrate transport, indicating a greater reliance on biological nutrient cycling and healthy soil functions. Conversely, the Conventional soil (S1) showed a functional profile linked to external, inorganic nutrient inputs. These results clearly establish that SEM induces quantifiable differences in microbial abundance and associated functional genes critical for soil health, demonstrating a direct functional relationship between ecological and conventional management practices.

UNVEILING THE TAXONOMIC PROFILES OF THE FECAL MICROBIOTA OF MULE DEER (*Odocoileus hemionus crooki*) IN THE SIERRA DEL CARMEN, MEXICO

Irene Pacheco-Torres¹, David Hernández-Sánchez^{1*}, Cristina García-De la Peña², Luis A. Tarango-Arámbula³, María M. Crosby-Galván¹ and Paulino Sánchez-Santillán⁴

¹Programa de Ganadería, Colegio de Postgraduados, Texcoco 56264, México.

²Colegio de Postgraduados, Campus San Luis Potosí, Salinas de Hidalgo 78620, México.

³Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio 35010, México.

⁴Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia N°2, Universidad Autónoma de Guerrero, Cuajinicuilapa 41940, México.

***Correspondence author:** sanchezd@colpos.mx

The gastrointestinal microbiota plays an essential role in herbivore health, nutrition, and ecological adaptation. Investigating the gut microbial composition of the mule deer (*Odocoileus hemionus crooki*) in the arid regions of northern Mexico is essential for understanding its physiological adaptation and overall well-being. This study presents the first characterization of the fecal bacterial microbiota of mule deer populations inhabiting the Sierra del Carmen, Mexico. DNA was extracted from six fecal samples, and the V3–V4 regions of the 16S rRNA gene were sequenced using the Illumina MiSeq platform. Bioinformatic analysis in QIIME2 revealed 965 amplicon sequence variants (ASVs). The dominant bacterial taxa belonged to the phyla Firmicutes_A, Bacteroidota, Campylobacterota, and Verrucomicrobia; the families Bacteroidaceae, Lachnospiraceae, CAG-508, and Acutalibacteraceae; and the genus *Bacteroides_H*. These taxa are known to contribute to digestion, energy metabolism, and immune function, and are typically associated with a healthy gastrointestinal ecosystem in herbivorous mammals. Species such as *Bacteroides uniformis* and *B. thetaiotaomicron* may enhance gut health by modulating inflammation, supporting immune homeostasis, and facilitating the degradation of complex plant polysaccharides. The observed microbial composition and structure suggest physiological adaptations that enable efficient energy extraction from fibrous, low-protein diets typical of xeric environments. This baseline description provides valuable insights into host–microbe–environment interactions under natural conditions and represents the first reference dataset for *O. hemionus crooki* in Mexico. The findings establish a foundation for future comparative and longitudinal studies aimed at assessing environmental influences, dietary shifts, and health dynamics in wild populations, thereby supporting conservation and management strategies for this ecologically important subspecies.

PRELIMINARY ASSESSMENT OF FECAL MICROBIOTA DIVERSITY IN BIGHORN SHEEP (*Ovis canadensis mexicana*) IN SIERRA DEL CARMEN, COAHUILA, MEXICO

Irene Pacheco-Torres^{1*}, Luis A. Tarango-Arámbula², Cristina García-De la Peña³, David Hernández-Sánchez¹, María M. Crosby-Galván¹, Paulino Sánchez-Santillán⁴ and Judith A. Sánchez-Ledesma⁵

¹Programa de Ganadería, Colegio de Postgraduados, Texcoco 56264, México.

²Colegio de Postgraduados, Campus San Luis Potosí, Salinas de Hidalgo 78620, México.

³Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio 35010, México.

⁴Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia N°2, Universidad Autónoma de Guerrero, Cuajinicuilapa 41940, México.

⁵Tecnológico Nacional de México, campus Instituto Tecnológico de Torreón. Carr. Torreón-San Pedro km 7.5, Ejido Ana. Torreón, Coahuila, México C.P. 27170.

***Correspondence author:** irenepacheco.t@gmail.com

The desert bighorn sheep (*Ovis canadensis mexicana*) is a subspecies native to the arid regions of northern Mexico and the southwestern United States, adapted to survive in mountainous desert environments characterized by extreme temperatures, scarce water availability, and limited vegetation. This species plays a key ecological role in maintaining ecosystem balance by influencing vegetation dynamics, soil structure, and predator-prey interactions. This preliminary study provides the first description of the fecal bacterial diversity of desert bighorn sheep inhabiting the Sierra del Carmen, Coahuila, Mexico, using high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene. A total of six fecal samples were analyzed, yielding an average of 30,343 clean sequences per sample and 1,863 amplicon sequence variants (ASVs). Twenty-one bacterial phyla were identified, with Firmicutes_A (56%), Bacteroidota (24.9%), and Proteobacteria (6.3%) dominating the microbial community and collectively representing 87% of the total microbiota. At the family level, Lachnospiraceae, Bacteroidaceae, and Oscillospiraceae were the most abundant groups known for their roles in plant fiber fermentation and short-chain fatty acid production—processes fundamental to intestinal health and host nutrition. The bacterial composition was relatively homogeneous among individuals, with minor variations, such as a higher abundance of Enterobacteriaceae in one sample. The detection of unclassified bacterial taxa at lower taxonomic levels suggests the presence of endemic or poorly characterized microorganisms, highlighting the uniqueness of the gut microbiome in this desert-adapted subspecies. These findings provide an essential baseline for understanding the microbial ecology and physiological adaptations of the desert bighorn sheep to arid environments and serve as a foundation for future research aimed at conservation and management in the face of environmental change.

FECAL BACTERIAL PROFILE OF THE MEXICAN TURKEY (*Meleagris gallopavo*) UNDER WILD AND CAPTIVE MANAGEMENT CONDITIONS

Irene Pacheco-Torres¹, Luis A. Tarango-Arámbula^{2*}, Cristina García-De la Peña³, Genaro Olmos-Oropeza², Judith A. Sánchez-Ledesma⁴ and Quetzaly K. Siller-Rodríguez³

¹Programa de Ganadería, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Km. 36.5 Carretera México-
Texcoco, Montecillo, México. CP. 56230

² San Luis Potosí Campus, Colegio de Postgraduados, Salinas de Hidalgo 78620, México.

³Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez del Estado de Durango, Av. Universidad s/n, Fracc.
Filadelfia, Gómez Palacio, Durango, México. CP. 35010

⁴Tecnológico Nacional de México, campus Instituto Tecnológico de Torreón. Carr. Torreón-San Pedro
km 7.5, Ejido Ana. Torreón, Coahuila, México C.P. 27170.

*Correspondence author: ltarango@colpos.mx

The Mexican turkey (*Meleagris gallopavo*) is an emblematic species distributed from Mexico to the southeastern United States and Canada. Its intestinal microbiota forms a complex community that influences physiology, metabolism, and immune function. In birds, these microbes are essential for nutrient acquisition, detoxification, and pathogen defense. Studies indicate that wild and domestic birds differ in microbiome composition, with wild individuals showing higher diversity and lower pathogen loads, while factors such as diet, selective breeding, and intensive management can reduce microbial diversity. In this study, we characterized the fecal bacterial microbiota of the Mexican turkey using high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene (V3–V4 region). Fecal samples were collected from birds maintained under two contrasting conditions: zoological captivity and wild conditions within a game-breeding ranch, representing distinct dietary and environmental regimes. Sequencing analyses revealed a highly diverse microbial community dominated by the phyla Firmicutes_D, Proteobacteria, and unknown phyla. Although alpha and beta diversity metrics did not differ significantly between groups, clear variations were observed at the family and genus levels. Captive turkeys were dominated by Enterococcaceae and *Enterococcus_E*, whereas wild turkeys had higher abundances of Unknown families and genera, reflecting differences in microbial composition. The prevalence of captive-associated genera likely reflects dietary and environmental influences, while the dominance of *Ligilactobacillus* and unknown taxa in wild turkeys suggests adaptation to natural diets and ecological niches, supporting gut health. These differences indicate microbial adaptations to environmental and dietary conditions, highlighting how management and habitat influence gut microbiota composition. Overall, this study offers valuable insights into the gut microbial ecology of *M. gallopavo*, highlighting notable differences between captive and wild populations. The findings establish a baseline for future investigations, inform conservation and management strategies, and contribute to a better understanding of the relationship between gut microbiota and host health in this species.