



Diana Hernández Oaxaca

Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

✉ hoaxaca@ccg.unam.mx | ☎ 0000-0001-6218-8297 | 📱 DianaOaxaca

Soy estudiante de doctorado, próxima a titularme. Estudio la simbiosis especialista y generalista entre bacterias y sus hospederos: plantas o animales. Me apasiona estudiar microbiología, bioquímica y ciencias ómicas. Disfruto de aprender y enseñar, por eso participo activamente tomando, dando y apoyando en cursos y asesorías

Educación

Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

DOCTORADO EN CIENCIAS BIOQUÍMICAS

Cuernavaca, Morelos, MX

2019 - 2024

Instituto de Biotecnología, UNAM

M. EN C. BIOQUÍMICAS

Cuernavaca, Morelos, MX

2016-2018

Universidad Politécnica de Pachuca

ING. EN BIOTECNOLOGÍA

Zempoala, Hidalgo, MX

2010-2014

EGAL-EPRE, CENEVAL

LIC. EN EDUCACIÓN PREESCOLAR

Mexico City, MX

2012-2012

Normal Superior Pública del Estado de Hidalgo

LIC. EN EDUCACIÓN MEDIA SUPERIOR

Pachuca, Hidalgo, MX

2007-2010

Investigación

Inferencia funcional de microsimbiontes asociados a plantas y animales, simbiosis de Leguminosas-*Bradyrhizobium* y *Comadia redtenbacheri* -Microbioma intestinal

Doctorado en Ciencias Bioquímicas

2019 - 2024

PROGRAMA DE ECOLOGÍA GENÓMICA (CENTRO DE CIENCIAS GENÓMICAS, UNAM)

TUTORA: DRA. ESPERANZA MARTÍNEZ ROMERO

- Plantas y animales vivimos en simbiosis con una gran variedad de microorganismos que tienen un extenso papel en el desarrollo, funcionamiento y salud de sus hospederos. Durante el doctorado estudié la simbiosis específica y generalista abordada con dos modelos:

Inferencia funcional de microsimbiontes asociados a plantas y animales, simbiosis de Leguminosas-*Bradyrhizobium* y *Comadia redtenbacheri* -Microbioma intestinal

Doctorado en Ciencias Bioquímicas

2019 - 2023

PROGRAMA DE ECOLOGÍA GENÓMICA (CENTRO DE CIENCIAS GENÓMICAS, UNAM)

TUTORA: DRA. ESPERANZA MARTÍNEZ ROMERO

- Comadia redtenbacheri*-microbioma intestinal** mediante el análisis metagenómico de larvas de instar temprano y tardío, ensayos enzimáticos y genómica del hospedero. Proponemos que el microbioma coopera activamente en la degradación de azúcares complejos que el insecto no puede metabolizar, además de brindarle aminoácidos y vitaminas.
- Leguminosas-*Bradyrhizobium*** mediante genómica comparativa de *Bradyrhizobium* y ensayos de nodulación-crecimiento. Reportamos cinco genoma-especies que codifican genes relacionados con la nodulación, fijación de nitrógeno y sistemas de secreción tipo 3, estas funciones se encuentran diferenciadas entre cepas aisladas de diferentes Leguminosas. Reportamos 3 nuevos simbiontes que codifican genes relacionados a la especificidad por hospedero e islas simbióticas.

Diversidad de *Weissella confusa* en el pozol y su metabolismo de carbohidratos.

M. en C. Bioquímicas

2016-2018

LABORATORIO DE TECNOLOGÍA ENZIMÁTICA. (INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA, UNAM)

TUTOR: DR. AGUSTÍN LÓPEZ MUNGUÍA CANALES

- En este proyecto estudiamos el papel de *Weissella confusa* en la fermentación del *pozol*, mediante ensayos enzimáticos, genómica comparativa y secuenciación de amplicones. Reportamos que *W. confusa* se encuentra a lo largo de la fermentación en baja abundancia relativa, codifica para actividades enzimáticas secundarias en la degradación de azúcares disponibles en el maíz nixtamalizado. Además, utiliza la sacarosa disponible para sintetizar un polímero con potencial prebiótico y propiedades reológicas. Esta proteína se clonó y expresó de forma heteróloga para su purificación y descripción bioquímica.

LABORATORIO DE APROVECHAMIENTO INTEGRAL DE RECURSOS BIÓTICOS (UNIVERSIDAD POLITÉCNICA DE PACHUCA)

TUTORAS: DRA. YURIDIA MERCADO FLORES Y DRA. VIRGINIA MANDUJANO GONZÁLEZ

- Analicé la región promotora del gene *srx1*, que codifica para una β -xilanasa del hongo fitopatógeno de maíz, *Sporisorium reilianum*. Se encontraron sitios de unión a factores transcripcionales que regulan el desarrollo mediante nitrógeno. Por lo que se evaluó el crecimiento a diferentes concentraciones de fuente de nitrógeno y se encontró una correlación en el incremento de la actividad xilanolítica. Por otro lado, se hicieron ensayos para la construcción de una mutante nula de dicho gene.

Publicaciones

2024

Hernández-Oaxaca, D., Sánchez-Camargo V., Ángeles-Argáiz, R. E., Miranda-Perkins K. and Martínez-Romero, E. (2024). The genome of *Comadia redtenbacheri*, an Agave specialist phytophagous moth with cultural and food value. *Genome Biology and Evolution* (enviado).

González-Román P., **Hernández-Oaxaca D.**, Bustamante-Brito R. and Martínez-Romero E. (2024). The mycobiota from the carmine cochineal *Dactylopius coccus* have a role in digestion. *Insects* (aceptado).

Ángeles-Argáiz, R. E., Aguirre-Beltrán, L. F. L., **Hernández-Oaxaca, D.**, Quintero-Corralles, C., Trujillo-Roldán, M. A., Castillo-Ramírez, S., & Garibay-Orijel, R. (2024). Assembly collapsing versus heterozygosity oversizing: detection of **homokaryotic and heterokaryotic *Laccaria trichodermophora*** strains by **hybrid genome assembly**. *Microbial Genomics*, 10(3), 001218

Flores-Almaraz, V. S., Truong, C., **Hernández-Oaxaca, D.**, Reyes-Galindo, V., Mastretta-Yanes, A., Jaramillo-Correa, J. P., & Salas-Lizana, R. (2024). Foliar **mycobiome** remains unaltered under urban air-pollution but **differentially express** stress-related genes. *Microbial Ecology*, 87(1), 1-17

2023

Rosario Ramírez-Mendoza, Rodolfo Ángeles-Argáiz, Luis Lozano-Aguirre Beltrán, Juan Almaraz, **Diana Hernandez-Oaxaca**, Ivette Ortiz-Lopez, and Jesus Perez-Moreno. Whole-genome sequence of *Pseudomonas yamanorum* OLSAu1 isolated from the edible ectomycorrhizal mushroom *Lactarius* sp. section *Deliciosi*. MRA00843-23R1 (2023)

López-Sánchez, R., **Hernández-Oaxaca D.**, Escobar-Zepeda A., Ramos-Cerrillo, B, López-Munguía, A., Segovia-Forcella, L. “Analysing the dynamics of the bacterial community in *pozol*, a Mexican fermented corn dough.” *Microbiology* 169.7 (2023): 001355.

Hernández-Oaxaca, D., Claro-Mendoza, K. L., Rogel, M. A., Rosenblueth, Martínez-Romero J and Martínez-Romero, E. (2023). Novel symbiovars *ingae*, *lysilomae* and *lysilomaefficiens* in bradyrhizobia from tree-legume nodules. *Systematic and Applied Microbiology*. 46.4 (2023): 126433.

2022

Hernández-Oaxaca, D., Claro-Mendoza, K. L., Rogel, M. A., Rosenblueth, M., Velasco-Trejo, J. A., Alarcón-Gutiérrez, E., ... & Martínez-Romero, E. (2022). Genomic Diversity of *Bradyrhizobium* from the Tree Legumes *Inga* and *Lysiloma* (Caesalpinioideae-Mimosoid Clade). *Diversity*,14(7), 518.

2021

Hernández-Oaxaca, D., López-Sánchez, R., Lozano, L., Wachter-Rodarte, C., Segovia, L., & López Munguía, A. (2021). Diversity of *Weissella confusa* in *Pozol* and Its Carbohydrate Metabolism. *Frontiers in microbiology*, 12, 572.

Martínez-Romero, E., Aguirre-Noyola, J. L., Bustamante-Brito, R., González-Román, P., **Hernández-Oaxaca, D.**, Higareda-Alvear, V., ... & Servín-Garcidueñas, L. E. (2021). We and herbivores eat endophytes. *Microbial Biotechnology*, 14(4), 1282-1299.

Méritos

Phylogenomic data analysis and visualization using ETE Toolkit

ETESIAAB, UNIV. POLITÉCNICA DE MADRID, ESPAÑA

2023

- Curso, vuelo, viáticos y hospedaje.

Genome-centric metagenomics for bioremediation and resource recovery

INGEBI-CONICET BUENOS AIRES, ARGENTINA

2022

- Curso, vuelo, viáticos y hospedaje.

10th International Symbiosis Society Congress. Holobionts in the Anthropocene

CONGRESS CENTER LYON, FRANCE

2022

- Inscripción

Actualización en metagenómica bacteriana y viral.

CENAT-CENIBIOT SAN JOSÉ, COSTA RICA

2022

- Curso, vuelo, viáticos y hospedaje.

Mentorías

Licenciatura en nutrición

LIZBETH BERMUDEZ

- Efecto de la microbiota de C. redtenbacheri en modelos murinos con obesidad

Licenciatura en biología y medio ambiente

AXEL EMMANUEL PÉREZ ACUÑA

- Identificación de bacterias celulolíticas aisladas de intestinos de Comadia redtenbacheri

Licenciatura en biología y medio ambiente

MAYRA CAMPOS OJEDA

- Identificación de actividad pectinolítica en bacterias intestinales del gusano rojo de maguey: Comadia redtenbacheri

Licenciatura en biología

KAREN LIZBETH CLARO MENDOZA

- Predicción de islas genómicas, análisis filogenéticos y genómicos de una cepa de Bradyrhizobium aislada de los nódulos de Lysiloma sp.

Universidad Autónoma de Morelos

2024-actual

Universidad Guizay y Valencia

2022-actual

Universidad Guizay y Valencia

2022-2024

Facultad de Ciencias, UNAM

2021-2022

Enseñanza

Introducción a la bioinformática y análisis de metagenomas

VIRTUAL, SOCIEDAD MEXICANA DE BIOINFORMÁTICA

Minería Genómica Bacteriana

TALLERES INTERNACIONALES DE BIOINFORMÁTICA, NNB

Análisis de Metagenomas

INECOL

Hackeando las comunidades Microbianas

INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA, UNAM.

Curso Herramientas Bioinformáticas 2023

UNIDAD UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN MASIVA Y BIOINFORMÁTICA. IBT, UNAM.

Análisis de Metagenomas

INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA, UNAM.

Taller Internacional de Análisis Avanzados de Metagenomas

RED MEXICANA DE BIOINFORMÁTICA. CDSB CCG, UNAM.

Taller de Genómica Funcional de Hongos

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO, FACULTAD DE QUÍMICA. (VIRTUAL)

Curso Integral para el Análisis de datos de Genómica y Transcriptómica 2022

UNIDAD UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN MASIVA Y BIOINFORMÁTICA. IBT, UNAM.

Microbioma y efectos de la microbiota en hospederos

POSGRADO EN CIENCIAS BIOQUÍMICAS

Curso de Herramientas Bioinformáticas para el Análisis de Datos de Secuenciación Masiva

UNIDAD UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN MASIVA Y BIOINFORMÁTICA. IBT, UNAM.

Introducción a Linux

LABORATORIO DE ECOLOGÍA GENÓMICA. CCG, UNAM.

R for Metagenomics

SOFTWARE CARPENTRY, BETTERLAB

Curso de Herramientas Bioinformáticas para el Análisis de Datos de Secuenciación Masiva

UNIDAD UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN MASIVA Y BIOINFORMÁTICA. IBT, UNAM.

Herramientas Bioinformáticas para el Análisis de Datos de Secuenciación Masiva

UNIDAD UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN MASIVA Y BIOINFORMÁTICA. IBT, UNAM.

Análisis teórico de metagenomas

MICROMICS

Docente de Educación Preescolar

JARDÍN DE NIÑOS HONTORIA, SEP. PACHUCA, HIDALGO

Docente en Primaria Multigrado

PRIMARIA AMADO NERVO, SEP. ATOTONILCO, HIDALGO

Instructora

Agosto, 2024

Ayudante

Enero, 2024

Ayudante

Noviembre

Coordinadora/Profesora

Agosto-Noviembre, 2023

Ayudante

Junio, 2023

Ayudante

Enero, 2023

Ayudante

Agosto, 2022

Instructora

Junio, 2022

Ayudante

Enero, 2022

Coordinadora

Agosto-Diciembre, 2021

Ayudante

Agosto, 2021

Instructora

Enero-Mayo, 2021

Ayudante

Marzo, 2021

Ayudante

Enero, 2021

Ayudante

Octubre, 2020

Ponente

Septiembre, 2019

Docente

Feb, 2009 - Jul, 2016

Docente

2006-2007

Difusión y Divulgación

VIVIENDO DE AGUAMIEL, LA HISTORIA DEL GUSANO ROJO DE Maguey y su microbioma

INSTITUTO MORELENSE DE RADIO Y TELEVISIÓN

Enero, 2023

INFERENCIA FUNCIONAL DEL MICROBIOMA ASOCIADO A COMADIA REDTENBACHERI

SEMANA ACADÉMICA CCG, UNAM

Diciembre, 2022

UN PASEO POR LA METAGENÓMICA

BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR, MÉXICO

Septiembre, 2021

CO-ORGANIZACIÓN DEL PRIMER CLUB NACIONAL DE MICROBIOMAS

MICROBEMX JOURNAL CLUB

Enero-Diciembre, 2021

Congresos

2022	The gut microbiome of <i>Comadia redtenbacheri</i> contributes to the nutrition of its host 10th International Symbiosis Society Congress, (Congress Center Lyon, France)	Póster
2021	Microbial interaction in the gut <i>Comadia redtenbacheri</i> Programming for Evolutionary Biology Conference, (Freie Universität Berlin (Online))	Plática
2017	Secondary enzymatic activities in the <i>pozol</i> fermentation Congreso de Biotecnología, (Centro de Congresos Varadero, Cuba)	Póster
2013	Congreso Nacional de Control Biológico Centro de Convenciones, (Oaxaca)	Asistencia

Actualización

CURSO INTERMEDIO DE ANÁLISIS DE AMPLICONES MICROBIOMA-LAB	Diciembre, 2023
PHYLOGENOMIC DATA ANALYSIS AND VISUALIZATION USING ETE TOOLKIT ETESIAAB, UNIV. POLITÉCNICA DE MADRID, ESPAÑA	Noviembre, 2023
DIPLOMADO EN CIENCIA DE DATOS Y BIOINFORMÁTICA WBDS, ARGENTINA (VIRTUAL)	Enero - Abril, 2023
GENOME-CENTRIC METAGENOMICS FOR BIOREMEDIATION AND RESOURCE RECOVERY INGEBI-CONICET BUENOS AIRES, ARGENTINA	Noviembre, 2022
10TH INTERNATIONAL SYMBIOSIS SOCIETY CONGRESS. HOLOBIONTS IN THE ANTHROPOCENE CONGRESS CENTER LYON, FRANCE	Agosto, 2022
ACTUALIZACIÓN EN METAGENÓMICA BACTERIANA Y VIRAL. CENAT-CENIBIOT SAN JOSÉ, COSTA RICA	Julio, 2022
EXPLORING BIOLOGICAL DATA WITH PANDAS WBDS, ARGENTINA (VIRTUAL)	Septiembre, 2021
DESARROLLO DE FLUJOS EN R ENCUENTRO DE BIOINFORMÁTICA EN MÉXICO 2021, NNB Y CDSB	Agosto, 2021
ANÁLISIS DE AMPLICONES DEL GENE rDNA 16S ATGENOMICS	Agosto, 2020
SUPERCOMPUTO APLICADO AL ANÁLISIS MASIVO DE METAGENOMAS Y GENÓMICA COMPARADA SCAYLE LEÓN, ESPAÑA	Octubre, 2019
ANÁLISIS EXPLORATORIO DE DATOS BIOLÓGICOS USANDO R TALLERES INTERNACIONALES DE BIOINFORMÁTICA NODO NACIONAL DE BIOINFORMÁTICA Y CDSB	Julio, 2018
ROMATORGRAFÍA LÍQUIDA DE ALTA RESOLUCIÓN (HPLC) CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DE YUCATÁN (CICY)	Junio, 2018
ENSAMBLE Y ANOTACIÓN DE GENOMAS TALLERES INTERNACIONALES DE BIOINFORMÁTICA NODO NACIONAL DE BIOINFORMÁTICA	Julio, 2017
INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA TALLERES INTERNACIONALES DE BIOINFORMÁTICA NODO NACIONAL DE BIOINFORMÁTICA	Enero, 2017
HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS APLICADAS AL DISEÑO Y ANÁLISIS DE ADN RECOMBINANTE Y EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS GLOBAL AGRONOMICS	Diciembre, 2013
CURSO NACIONAL DE CONTROL BIOLÓGICO CONGRESO NACIONAL DE CONTROL BIOLÓGICO	Noviembre, 2013
AI SLAMIENTO Y SELECCIÓN DE RHIZOBACTERIAS UPP-INIFAP	Septiembre, 2013

Créditos

Revisiones en revistas

- Plant and Soil, Springer Nature. 2024

Habilidades

Laboratorio

- ☒ Extracción de ADN, PCR y Clonación
- ☒ Expresión Heteróloga

- ☒ Cultivos Microbianos y Fermentaciones
- ☒ Ensayos de Actividad Enzimática
- ☒ Geles de proteína y zimogramas
- ☒ Cromatografía

Lenguajes de Programación

- ☒ Bash
- ☒ Python
- ☒ R (Básico)

Last updated on September 2024.