



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 - 2023

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 - 2023

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:
- 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 simbiotes 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.

Estudio Molecular y Bioinformático del gene *srx1* del hongo fitopatógeno de maíz *Sporisorium reilianum*

Ing. en Biotecnología

2010-2014

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 -xilanasasa 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

2023

Rodolfo Enrique Ángeles-Argáiz; **Diana Hernández-Oaxaca**; Luis Fernando Lozano Aguirre-Beltrán; Christian Quintero-Corrales; Mauricio Trujillo-Roldán; Santiago Castillo-Ramírez; Roberto Garibay. (2023). *Microbial Genomics*. MGEN-D-23-00296 (Enviado)

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) (In press)

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

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 biología y medio ambiente

MAYRA CAMPOS OJEDA

Universidad Guizay y Valencia

2022-actual

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

Licenciatura en biología y medio ambiente

AXEL EMMANUEL PÉREZ ACUÑA

Universidad Guizay y Valencia

2022-actual

- Identificación de bacterias celulolíticas aisladas de intestinos de *Comadia redtenbacheri*

Licenciatura en biología

KAREN LIZBETH CLARO MENDOZA

Facultad de Ciencias, UNAM

2021-2022

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

Enseñanza

Análisis de Metagenomas

INECOL

Ayudante

Noviembre

Hackeando las comunidades Microbianas

INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA, UNAM.

Coordinadora

Agosto-Noviembre, 2023

Curso Herramientas Bioinformáticas 2023

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

Ayudante

Junio, 2023

Análisis de Metagenomas

INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA, UNAM.

Ayudante

Enero, 2023

Taller Internacional de Análisis Avanzados de Metagenomas

RED MEXICANA DE BIOINFORMÁTICA. CDSB CCG, UNAM.

Ayudante

Agosto, 2022

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

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

BICHOS BAJO LA LUPA: EL UNIVERSO DENTRO DE UN INSECTO

1ER PUERTAS ABIERTAS CCG, UNAM

Octubre, 2019

PROBIÓTICOS Y PREBIÓTICOS: MICROBIOTA FELIZ, INTESTINOS SANOS.

PUERTAS ABIERTAS IBT, UNAM

Abril, 2018

Congresos

2022 **The gut microbiome of *Comadia redtenbacheri* contributes to the nutrition of its host**

Póster

10th International Symbiosis Society Congress, (Congress Center Lyon, France)

2021 **Microbial interaction in the gut *Comadia redtenbacheri***

Plática

Programming for Evolutionary Biology Conference, (Freie Universität Berlin (Online))

2017 **Secondary enzymatic activities in the *pozol* fermentation**

Póster

Congreso de Biotecnología, (Centro de Congresos Varadero, Cuba)

2013 **Congreso Nacional de Control Biológico**

Asistencia

Centro de Convenciones, (Oaxaca)

Actualización

DIPLOMADO EN CIENCIA DE DATOS Y BIOINFORMÁTICA

WBDS, ARGENTINA (VIRTUAL)

Enero - Abril

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 ÁMPLICONES 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

CROMATOGRAFÍA 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

ASISLAMIENTO Y SELECCIÓN DE RHIZOBACTERIAS

UPP-INIFAP

Septiembre, 2013

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 November 2023.