

Listado Investigadores

Carlos Ernesto Martinez

31-Agosto-2023

Presentación

La idea de este documento es hacer una revisión de las páginas de cuatro áreas de conocimiento que ofrecen estudios de Doctorado en la UNAM

1. Filosofía de la Ciencia
2. Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
3. Ciencias Biomédicas
4. Ciencias Genómicas
5. Biotecnología

Información personal y redes sociales

- Página personal
- Twitter
- LinkedIn

Investigadores

Ernesto Pérez Rueda

Página personal

María del Consuelo Gómez García

Página personal

Ignacio Eduardo Maldonado Mendoza

Página personal

Enrique Merino Pérez

Página personal y (<https://orcid.org/0000-0002-0374-0640>)

Investigador

Líneas Investigación

- Bioinformática aplicada a las ciencias ómicas
- Biología de sistemas
- Biología sintética
- Metagenómica ambiental
- Regulación génica en bacterias

Logros Obtenidos

- Nivel D del PRIDE
- Nivel III del SNI

Grado Académico

- Doctorado, en Biotecnología, Colegio de Ciencias y Humanidades-CEINGEBI-IBt-UNAM, 1993
- Maestría, en Investigación Biomedica Basica, Colegio de Ciencias y Humanidades-CEINGEBI-UNAM (1988)
- Licenciatura, Ingeniería Civil, Fac. de Ingeniería-UNAM (1982)

Grupo del Dr. Enrique Merino

Descripción

La aplicación de nuevas metodologías de secuenciación automatizada de DNA ha permitido determinar la secuencia nucleotídica de un gran número de genes, por lo que en la última década, la información contenida en las bases de secuencias nucleotídicas y de aminoácidos ha tenido un crecimiento exponencial. A la fecha, se ha determinado la secuencia nucleotídica de cerca de ochenta mil millones de pares de bases, de donde se ha deducido la secuencia de aminoácidos de más de sesenta millones de péptidos y se calcula que en cinco años, el tamaño de dichas bases sea diez veces mayor. Aunado a lo anterior, se han secuenciado en su totalidad más de ochocientos genomas en los que se incluyen organismos del reino Eubacteria, Archaeabacteria y Eucaria. Recientemente, la secuenciación del Genoma Humano constituye un punto de referencia importante en la actual era pos-genómica. En este sentido, el objetivo de nuestro grupo es el de entender el significado biológico de la información contenida en los genomas y de cómo dicha información se genera, evoluciona y expresa. A partir de esa información y del empleo de métodos de análisis cuantitativo, elaborar modelos biológicos que nos permitan generar hipótesis verificables que guíen la experimentación a nivel genómico para profundizar en nuestro conocimiento de los procesos moleculares y celulares de los organismos. A continuación se mencionan las principales líneas de investigación de nuestro grupo.

Análisis de la conservación de señales de regulación transcripcional en genes ortólogos. Como se mencionó anteriormente, la secuenciación de diversos genomas totales, constituye hoy en día, un punto de referencia importante en la actual era pos-genómica y abre la posibilidad de generar conocimiento mediante el análisis simultáneo de diferentes organismos, dentro de una nueva disciplina de las Ciencias Biológicas a la que se le ha llamado Genómica Comparativa. Dentro de esta área, el estudio de la regulación genética es un elemento fundamental para elucidar el funcionamiento de cualquier sistema biológico. En este sentido, la caracterización de los elementos de regulación en su conjunto, han permitido establecer redes de regulación de la expresión genética que representan los diferentes elementos por lo que los genes de una célula son transcritos en la cantidad y tiempo requeridos para contender con los estímulos externos o en base a un programa de desarrollo predeterminado. Con el objetivo de identificar dichos elementos de regulación en los diferentes genomas hemos iniciado una línea de estudio en donde se considera las regiones potenciales de regulación en el conjunto de más de 4,000 familias de genes ortólogos agrupadas dentro de la base de datos COG. Para cada una de estas familias de genes identificamos los motivos estadísticamente sobre-representados en la región 5' inmediatamente anterior a los mismos. Hemos considerado tres tipos de señales:

- aquellas que dependen de la curvatura intrínseca del DNA,
- aquellas que dependen de la estructura secundaria del RNA transcrito
- aquellas que dependen de la secuencia primaria del DNA.

La evaluación de la curvatura estática del DNA fue realizada en base al algoritmo propuesto por Goodsell y Dickerson e implementada por nuestro grupo para realizar el análisis de varios miles de secuencias de manera eficiente. En este sentido, cabe mencionar que el papel de la curvatura del DNA en la regulación de la transcripción ha sido caracterizado puntualmente en un grupo reducido de genes, como aquellos que codifican para las proteínas H-NS, IHF y HU, o algunos genes transcritos por sigmas o sigma⁵⁴, pero ninguno de dichos estudios, a nuestro entender, ha sido conducido bajo un enfoque de genómica comparativa que permita incluir el análisis de todas las regiones de DNA de los genomas totalmente secuenciados que sean potencialmente blancos de la regulación transcripcional. Nuestro estudio *in silico* mostró que la curvatura estática del DNA es un elemento de regulación que puede ser compartido en diferentes grupos de genes ortólogos, entre los cuales se encuentran los previamente caracterizados, H-NS, IHF y HU, así como otros grupos para los cuales no existía una clara descripción, como los son algunas familias de genes involucrados en división celular, biosíntesis de flagelo y motilidad. En paralelo al análisis *in silico*, nuestro grupo lleva a cabo experimentos de mutación sitio específico sobre algunas de las regiones de DNA curvo para verificar en el laboratorio algunos de nuestros modelos teóricos más importantes.

Referente a la identificación de señales que dependen de la estructura secundaria del RNA, hemos realizado programas de cómputo que nos permiten identificar atenuadores transcripcionales en los genomas bacterianos. Dicha identificación es realizada primordialmente con base a la energía libre del conjunto de estructuras secundarias del RNA que pueden ser formadas en la región líder del RNA mensajero y algunas de sus propiedades en términos de distancia y composición de la secuencia, entre otras. Nuestro análisis identificó la gran mayoría de los atenuadores reportados en las literaturas incluyendo a genes regulados por riboswitches y genes de biosíntesis de aminoácidos, así como un gran número de nuevos atenuadores conservados en distintas familias de genes ortólogos.

Finalmente, la identificación de las regiones de DNA con secuencia primaria conservada fueron realizadas con los

programas de cómputo MEME y MAST. A pesar de que dichos programas han sido utilizados previamente en la identificación de señales de regulación, nuestro enfoque de genómica comparativa nos ha permitido identificar señales de regulación previamente caracterizadas como los riboswitches de tiamina, riboflavina y vitamina B12, así como los elementos T-box que regulan a los genes que codifican a ciertas aminoacil tRNA sintetasas de bacterias Gram positivas. Adicionalmente a las anteriores señales, hemos identificado elementos conservados en familias de genes que codifican para DNA polimerasas, proteínas ribosomales, factores de elongación, activadores transcripcionales, y ciertos tipos de transportadores. Actualmente realizamos la verificación experimental de nuestras predicciones teóricas.

Cabe mencionar que en esta línea hemos empezado un nuevo proyecto de investigación relacionado a la regulación de la expresión genética en bacterias Gram-positivas por el riboswitch T-box. El riboswitch T-box modula la expresión de muchos genes relacionados al metabolismo de aminoácidos en las bacterias Gram-positivas, especialmente miembros del Firmicutes. La T-box sensa los niveles de tRNA descargado mediante interacciones de puentes de hidrógeno. Dichas interacciones promueven la estabilización de una estructura de antiterminación, favoreciendo la transcripción del operón regulado, vías de la horquilla, de un adaptador transcriptivo intrínseco, o de un antiterminator competente de la transcripción. En este nuevo proyecto hemos realizado búsquedas computacionales exhaustivas para identificar este elemento de regulación en todos los genomas totalmente secuenciados en nuestros días. Las relaciones bioquímicas de los productos peptídicos de los genes regulados dentro de las diferentes rutas metabólicas, es analizado. Paralelamente a los estudios realizados sobre las secuencias nucleotídicas, nuestro grupo también realizó proyectos de investigación relacionados al análisis la estructura-función de proteínas. Experimentos de desnaturalización y naturalización han demostraron que existen proteínas que después de ser desnaturalizadas pueden recuperar su plegado activo y éste ser indistinguible de su forma nativa. No obstante, este fenómeno de autoplegamiento no ocurre en otras proteínas en donde la conformación final no está determinada exclusivamente por su secuencia polipeptídica, si no que existen otros factores que determinan el proceso de plegamiento. Se ha pensado que uno de estos factores pudiera ser la velocidad de síntesis protéica. Actualmente estamos analizando esta hipótesis mediante el análisis estadístico de la distribución de codones raros en distintos conjuntos de secuencias de proteínas homólogas

En el período correspondiente, se iniciaron cuatro nuevas líneas de análisis. La primera de ellas concierne a entender los mecanismos moleculares de la regulación de los operones de biosíntesis de triptofano en bacterias Gram positivas. La segunda de ellas contempla la definición de grupos de genes ortólogos dentro de la base de datos COG (Tatusov RL, Koonin EV, Lipman DJ: A genomic perspective on protein families. Science 1997, 278:631-637). Las dos últimas líneas de investigación corresponden a análisis genómicos en organismos eucariotes y contemplan la identificación de splicing alternativo del mRNA y el desarrollo de nuevos algoritmos para la predicción de promotores eucariontes. En el período reportado, se inició el proyecto 'Desarrollo de una nueva alternativa metodológica para la identificación de proteínas involucradas en el proceso de infección de *Helicobacter pylori* y su uso potencial para desarrollo de una vacuna para la prevención de cáncer gástrico'. Mediante algoritmos computacionales que involucraron la construcción de modelos de Markov escondidos, fue posible identificar genes que potencialmente pudieran participar en la jeringa molecular utilizada por *H. pylori* para iniciar su proceso infeccioso. Se identificaron tres genes con características similares a virB2 y tres genes candidatos a ser homólogos de virB5. Cada uno de los seis genes antes mencionados, fueron amplificados del genoma y clonados para su posterior manipulación. Con el objeto de analizar el fenotipo en cada uno de los genes de interés, estos fueron interrumpidos con un marcador de selección para su posterior integración por recombinación homóloga en el genoma de *H. pylori*. Adicionalmente a lo anterior, los genes antes mencionados fueron clonados en vehículos de expresión que permiten la purificación del producto proteico mediante la adición de residuos de histidina. Esperamos que las construcciones obtenidas nos permitan la purificación de las correspondientes proteínas para la producción de anticuerpos específicos con los que se podrá determinar mediante inmunolocalización, cuales de los genes identificados bioinformáticamente, participó en la construcción de la jeringa molecular. Esta información será vital para el desarrollo de una vacuna para la prevención de cáncer gástrico.

Dentro de la línea de investigación PREDICCIONES DE REDES DE REGULACION MEDIANTE GENOMICA COMPARATIVA.

Estudio de la regulación de la transcripción en organismos procariotes. Se inició el análisis de dos organismos modelo, *Escherichia coli* y *Bacillus subtilis*. Se inició con la construcción de la red de regulación transcripcional de *Bacillus subtilis* y la construcción de un modelo epigenético, el cual será comparado con los resultados obtenidos previamente para la bacteria Gram negativa *Escherichia coli*. En el caso de *B. subtilis*, continuaremos con el análisis de consistencia utilizando la información recabada para la bacteria Gram positiva *B. subtilis* en la base de datos

de DBTDS (<http://dbtbs.hgc.jp/>), que comprende información sobre factores de transcripción, factores sigma y sus genes regulados. Como se pretende hacer un modelo que describa de la manera más precisa posible las relaciones entre los factores transcripcionales y sus reguladores, seguiremos colectando información relacionada con la función de cada regulador como activador, represor o dual y el mecanismo que lo hace cambiar de conformación activa a inactiva. Hemos extraído también de la base de datos RegTransBase (<http://regtransbase.lbl.gov/cgi-bin/regtransbase?page=main>) algunos de los metabolitos asociados a factores transcripcionales de *Bacillus subtilis* sobre los cuales se ha iniciado un análisis de consistencia, verificando que la molécula efectora reportada en la base de datos, en efecto reconozca directamente al factor de transcripción al cual se le a asociado. Del mismo modo, continuaremos colectando información para cada regulador con metabolitos reportados en la literatura responsable del cambio de conformación. En este mismo campo, con una variante propuesta en nuestro grupo trataremos de identificar a través de proteínas ortólogas de las cuales se conoce el metabolito efector, los dominios en reguladores de *B. subtilis* que sean compartidos por otros factores de transcripción previamente caracterizados experimentalmente. Con estos datos probaremos el modelo generado para *E. coli* en *B. subtilis*, tomando de las bases de datos públicas experimentos de expresión global que nos permitan evaluar, la congruencia entre los resultados de nuestro modelo y la red de regulación construida. Por otro lado, con la red de regulación construida en *Bacillus subtilis*, realizaremos análisis topológicos iguales a los generados previamente para *E. coli* en Resendis O. et al 2006 y en Gutierrez-Rios RM et al 2007, en la que el análisis topológico de la red se realiza en la subred generada como consecuencia de la expresión global de genes en una condición determinada obtenida de experimentos de microarreglos. Para aquellos casos como el del estímulo de glucosa, los resultados entre la subred de *B. subtilis* y *E. coli* serán comparados dado que las condiciones experimentales fueron iguales.

Predicción de operones bacterianos de forma sencilla y precisa. Un operón es un conjunto de genes bacterianos que se co-transcriben en una misma molécula de RNA. Debido a la importancia biológica de los operones en coordinar la expresión de genes que se encuentran metabólica o funcionalmente relacionados, distintos protocolos de cómputo han sido ideados para su identificación in silico. En principio, los genes que pertenecen a un operón podrían ser definidos si los elementos de regulación que delimitan el inicio (promotor) y el final de la transcripción (terminator) de las unidades transcripcionales pudieran ser identificados. No obstante, la capacidad actual para determinar computacionalmente promotores y terminadores transcripcionales de manera precisa está restringida a elementos canónicos, por lo que otras características genómicas han tenido que ser consideradas para la identificación in silico de operones, entre las que se encuentran:

- i) la dirección de transcripción de los genes,
- ii) las distancias intergénica de genes contiguos,
- iii) el patrón de expresión génica evaluados a partir del análisis de microarreglos,
- iv) relaciones funcionales de las proteínas codificadas por los genes del operón,
- v) conservación de vecindad genética y
- vi) perfiles filogenéticos.

A pesar de este gran conjunto de variables utilizadas en la predicción in silico de operones y a las diferentes mejoras en los métodos matemáticos empleados en dichos análisis, la capacidad predictiva de operones en *E. coli*, el organismo bacteriano mejor caracterizado, es del orden de 93% y decrece entre 10% y 30% en la predicción de operones de otros organismos. En nuestro grupo hemos desarrollado una metodología de sencilla aplicación que solamente considera dos parámetros, la distancia intergénica de los genes y el valor de la relación funcional entre grupos de proteínas ortólogas definidas en la base de datos STRING (Jensen et al., 2009) para determinar con una precisión la estructura de operones en genomas bacterianos. La precisión alcanzada por nuestro método es del 95% para operones de *Escherichia coli* y 93% para operones de *Bacillus subtilis*. Hasta donde sabemos, esta es la precisión más grande lograda en la predicción de operones por métodos bioinformáticos. Los resultados de esta nueva metodología de predicción de operones constituyeron un artículo que fue recientemente sometido para su publicación. Estudiando la regulación de la transcripción de una manera global. Una de las líneas de interés en las que nuestro ha trabajado recientemente versa en la construcción de modelos de regulación transcripcional en diferentes organismos modelo. Para tal fin, hemos empleado la llamada Teoría de Redes que nos permite entender a las diferentes relaciones entre los factores transcripcionales y sus genes regulados, como una compleja red de interacciones cuya estructura topológica nos permite elucidar algunas de las propiedades de la fisiología del organismo de estudio. En una primera instancia, nuestro trabajo se ha enfocado al estudio de las redes de regulación de *Escherichia coli* y *Bacillus subtilis*, organismos modelo representantes de las bacterias Gram negativas y Gram positivas, respectivamente. Nuestro estudio realizado en *Bacillus subtilis*, consideró una sección de la red de regulación transcripcional que responde a cambios en la fuente de carbono, tomando como base los resultados de la expresión de los genes en medio LB enriquecido con glucosa, cuantificados mediante microarreglos. Desde el punto de vista de la Teoría de Redes, el

análisis de la subred construida mostró que está posee propiedades libres de escala, presentando una organización jerárquico-modular, compuesta por 9 módulos discretos funcionalmente relacionados con procesos celulares tales como la represión catabólica, esporulación, reparación del DNA, sistema SOS y competencia, entre otros. Los resultados de *B. subtilis*, fueron comparados con nuestro trabajo previo en *Escherichia coli*, en donde encontramos 8 módulos también funcionalmente relacionados. La comparación demostró que la respuesta regulatoria a glucosa está parcialmente conservada en funciones generales como transcripción, traducción y replicación, así como en genes relacionados con el metabolismo central (Vázquez-Hernández C, 2009). Siguiendo esta misma línea de trabajo, y en base a los datos reportados en la literatura, nos dimos a la tarea estudiar la red de factores transcripcionales de *Bacillus subtilis* y definir sus propiedades topológicas. Los resultados mostraron una red jerárquico modular con 9 módulos funcionalmente relacionados cuyos elementos pudieran estar regulados de manera redundante. Los módulos mostraron además no ser totalmente independientes ni completamente homogéneos, lo que es el reflejo de la manera en que los componentes de la célula están conectados y de cómo una función tiene influencia sobre otra (Manjarrez-Casas A. 2009). Empleando el enfoque de descomposición natural recientemente propuesto por Freyre-González (2008) se hizo un análisis de la red completa conocida para *Bacillus subtilis*. Nuestros resultados muestran que a pesar de su distancia filogenética, *Bacillus subtilis* posee la misma arquitectura jerárquico-modular no piramidal revelada para *Escherichia coli*, compuesta por 19 factores de transcripción globales gobernando a 90 módulos independientes cuyas respuestas se integran a nivel promotor por 42 genes intermodulares. Al igual que en el caso de *Escherichia coli*, mediante una metodología matemática conocida como valor kappa, se identificó a los factores de transcripción globales, recuperando así 6 previamente descritos en la literatura, 8 de 14 factores sigma, más 5 predicciones. Además, se identificó y clasificó a los factores de transcripción de acuerdo a su jerarquía dentro de la red. Finalmente, se ha iniciado el análisis de la red de regulación transcripcional de levadura. Los resultados de análisis topológicos sugieren que esta red exhibe propiedades que aparentemente permiten catalogarla como jerárquico-modular. Sin embargo, la presencia de un bajo valor de agrupamiento en nodos participando en pocas interacciones regulatorias indica que esta red puede seguir principios de organización diferentes a aquellos gobernando a las redes de regulación de procariontes.

Consorcio de Investigación del Golfo de México

Descripción

Líder Institucional: Dra. Liliana Pardo López

Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca Morelos, MEXICO

Teléfono: 52 777 3291777 ext 38137 ó 38125

Correo: lpardo@cigom.org ó liliana@ibt.unam.mx

Línea 4: Degradación de Hidrocarburos

Página web: www.cigom.info

En el 2014 se creó el Consorcio de investigación del Golfo de México (CIGoM) conformado por aproximadamente 100 investigadores del país. Juntos oceanógrafos, biólogos, físicos, químicos e ingenieros de las instituciones nacionales mas reconocidas, se imponen el reto de llevar a cabo el mas grande proyecto de investigación realizado en el Golfo de México. La meta a lograr es que México cuente con herramientas de observación, desarrollo biotecnológico y modelos numéricos que permitan establecer planes de contingencia y actividades de mitigación en caso de ocurrir derrames de hidrocarburos a gran escala en el Golfo de México, así como información para evaluar su impacto ambiental. Sabemos que el Golfo de México es un sistema complejo que alberga una gran cantidad de microorganismos capaces de la degradación de hidrocarburos y otras capacidades metabólicas que aun no han sido explorados extensamente y que ayudarían a contender con un desastre petrolero.

El Instituto de Biotecnología es un participante clave dentro del macro-consorcio, ya que cuenta con la experiencia en áreas como la microbiología, la metagenómica y la bioquímica, indispensables en el estudio de las bacterias degradadoras de hidrocarburos. Actualmente realizamos estudios metagenómicos y de diversidad bacteriana, empleando las técnicas mas actuales y de frontera que nos permiten obtener los ácidos nucleicos de diversos ambientes como agua y sedimento marino de aguas profundas, para posteriormente por una técnica novedosa como lo es la secuenciación masiva obtener los genomas completos de las bacterias que habitan el mar. También estamos caracterizando los microorganismos cultivables que viven cerca de las plataformas de extracción de petróleo, esto nos permitirá la búsqueda de nuevos genes y enzimas que estén involucrados en la degradación de hidrocarburos así como generar herramientas y estrategias de control y prevención contra posibles derrames de crudo.

Dra. Blanca Itzelt Taboada Ramirez

Página personal

Dr. Enrique Hernández Lemus

Página personal

OSBALDO RESENDIS ANTONIO

Página personal y (<https://resendislab.github.io/>)

Gabriel Del Río Guerra

Página personal y (<https://www.researchgate.net/profile/Gabriel-Del-Rio>)

Santiago Castillo Ramírez

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas

Contacto: iago@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (55) 56 22 78 16

Sitio web: <http://www.ccg.unam.mx/santiago-castillo-ramirez/>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?hl=en&user=mcDvoD0AAAAJ>

ORCID: 0000-0003-3922-7088

Campos de conocimiento

- Ecología y biología evolutiva
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Filogeografía de *Borrelia burgdoferi* y evolución molecular de *Staphylococcus aureus*
- Filogeografía y evolución genómica del *Acinetobacter baumannii*
- Genómica evolutiva de bacterias patógenas
- "One Health" y genes de resistencia

Miguel Angel Carlos Cevallos Gaos

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: mac@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 31 14 663

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=O3RCjqEAAAAJ&hl=en>

ORCID: 0000-0002-0447-812X

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Plásmidos, quorum sensing. Genómica de patógenos bacterianos

Pedro Julio Collado Vides

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: collado@ccg.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 3132063

Sitio web: <http://www.ccg.unam.mx/pedro-julio-collado-vides/>

Google scholar: https://scholar.google.com.mx/citations?user=wND_6nwAAAAJ&hl=en

ORCID: 0000-0001-8780-7664

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Bioinformática
- Bioinformática de la regulación genética microbiana
- Elixir, están promoviendo a nivel mundial en una visión de ciencia abierta y que nos permitirán seguir actualizados en nuestro trabajo científico a nivel mundial.
- expansión de RegulonDB al incorporar colecciones de datos con métodos genómicos de alto rendimiento
- Genómica computacional

Genómica Computacional Investigador

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: collado@ccg.unam.mx

Teléfono de contacto: (777) 3132063

Sitio web: <http://www.ccg.unam.mx/pedro-julio-collado-vides/>

Google scholar: https://scholar.google.com.mx/citations?user=wND_6nwAAAAJ&hl=en

ORCID: 0000-0001-8780-7664

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de investigación

- Bioinformática
- Bioinformática de la regulación genética microbiana
- Elixir, están promoviendo a nivel mundial en una visión de ciencia abierta y que nos permitirán seguir actualizados en nuestro trabajo científico a nivel mundial.
- Expansión de RegulonDB al incorporar colecciones de datos con métodos genómicos de alto rendimiento
- Genómica computacional

Inv. Emérito

Semblanza

El Dr. Julio Collado realizó sus estudios de licenciatura, maestría y doctorado en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); tras una estancia posdoctoral de tres años en el Massachusetts Institute of Technology (MIT) en Boston, se incorpora a la UNAM donde ha hecho su carrera desde que regresó en 1992.

El Dr. Collado contribuido a la creación y fortalecimiento de instituciones científicas mexicanas en la bioinformática y genómica. Asimismo, es referencia nacional y latinoamericana, reconocido a nivel mundial en la bioinformática, disciplina de creciente relevancia en las ciencias genómicas. Los logros fundamentales de su carrera científica son los siguientes:

Pionero e impulsor de la bioinformática y la genómica en México.

Se incorpora a la UNAM en 1992 siendo el primer investigador dedicado a la bioinformática en nuestro país. En el 2000 logra el reconocimiento de su laboratorio en la UNAM como el Nodo Nacional de Bioinformática dentro de la agrupación internacional EMBNET. En colaboración con colegas experimentalistas, se conforma un equipo de trabajo que publica el primer genoma completo secuenciado en nuestro país, el de la bacteria *Rhizobium etli* fijadora de nitrógeno, gracias a un donativo de 2.4 millones de dólares de Conacyt del cual funge como responsable. Este trabajo marca el inicio de la participación de México en la Genómica, contribuyendo en forma central a la creación de la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) en 2003 y a la gestación del Centro de Ciencias Genómicas (CCG) en 2005. Funda la Sociedad Mexicana de Ciencias Genómicas (2001-2004) y es designado Director del Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM (2005-2009), tomando la responsabilidad del período inicial de una de las instituciones pioneras de la genómica y la bioinformática en nuestro país. Siendo director arranca los seminarios “Frontiers in Genomics” (<http://www.lcg.unam.mx/frontiers/>) los cuales se siguen realizando a la fecha enriqueciendo la cultura genómica tanto de los alumnos de la LCG, como de diversas instituciones de investigación y docencia en el país vía señal digital en vivo. Fue Presidente fundador de la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática en 2009. En años recientes ha incursionado en actividades de innovación en la relación hombre-conocimiento al romper la separación entre difusión, educación y comunicación entre expertos, con Conogasi (www.conogasi.org) una red social de conocimiento ordenado por niveles de entendimiento.

Docencia y divulgación innovadora. El Dr. Collado y personal ligado a su laboratorio han impartido los cursos de bioinformática y computación de la LCG desde su inicio. La LCG es un pilar fundamental para el futuro de la bioinformática y las ciencias genómicas en nuestro país, con egresados ya reconocidos en las mejores instituciones del mundo en el área. Ha dirigido a 12 posdoctorales, 13 alumnos de posgrado (10 de doctorado, 3 de maestría) y 7 de licenciatura. En México egresados de su laboratorio son investigadores en la UNAM: en el Instituto de Biotecnología, en el Centro de Ciencias Genómicas, en el Laboratorio Internacional sobre el Genoma Humano en Querétaro y en el Instituto de Matemáticas Aplicadas y Sistemas en Mérida. Así como en el Instituto Nal. de Enfermedades Respiratorias (INER), LANGEPIO, INMEGEN y CINVESTAV. Más allá de nuestras fronteras, egresados de su laboratorio son o han sido investigadores en Canadá, Francia, España y Cuba. Participó en el diseño de la Licenciatura en Tecnologías para la Información en Ciencias de la UNAM-Morelia. El Nodo Nacional de Bioinformática a su cargo ha organizado los “Talleres Internacionales de Bioinformática” por varios años, siendo ésta la actividad docente extracurricular de bioinformática de mayor impacto y envergadura que se realiza desde hace años en el país, en beneficio a la fecha de más de 670 inscritos (alumnos, académicos, posdocs e incluso investigadores) con 7 talleres impartidos a la fecha (<http://www.nnb.unam.mx/>). Las contribuciones académicas del Dr. Julio Collado se han realizado predominantemente en México. Adicionalmente ha generado con su equipo el sitio [conogasi.org](http://www.conogasi.org) de divulgación del conocimiento en que busca conectar textos para expertos con textos equivalentes de divulgación del conocimiento.

Obra original altamente citada. La obra del Dr. Collado se caracteriza por su gran originalidad desde el inicio de su carrera, con contribuciones pioneras en la bioinformática de la genómica microbiana. El modelo gramatical de la regulación genética producto de su doctorado, se fundamenta en el posdoctorado con la demostración matemática, sentando la base teórica para algoritmos genómicos novedosos que desarrolla a su regreso en México. Hace la primer recopilación integrativa de promotores microbianos en un trabajo ya clásico altamente citado, el cual constituye la semilla de las bases de datos RegulonDB y EcoCyc, ambas referencia internacional en el tema, las cuales aglomeran más citas a la fecha que las bases de datos de otros modelos genómicos como la levadura, *C.elegans* y *Drosophila*. Nace así la bioinformática de la regulación genómica microbiana, con predicciones y análisis del genoma completo de *Escherichia coli*, con la publicación en Science en 1997 del genoma de dicha bacteria, del cual es coautor. Dicho artículo es el más citado en la primer década posterior a su publicación. No es de sorprender que la obra del Dr. Collado, con más de 130 publicaciones internacionales a la fecha, tenga (Fuente: Scopus) 15,657 citas (14,393 sin autocitas), con un índice H de 45 ((Total de citas: 25,494 con índice H =56; fuente: Google Scholar). Por ejemplo, un artículo en la revista Nature en el 2008 cita siete distintos trabajos del Dr. Collado.

El Dr. Collado ha generado y sigue generando cambios conceptuales y nuevos métodos en la forma de modelar y concebir la regulación microbiana: el enfoque “sintáctico” o modular de la regulación es ya un concepto establecido en la regulación microbiana y de organismos superiores; la visión de sitios próximos y remotos publicada en 1992,

mantiene su validez a la fecha; el análisis genómico pionero en *Escherichia coli* de la regulación genética es ya rutina en las ciencias genómicas; RegulonDB es fundamental para la biología de sistemas y la regulación microbiana, así como para generar y evaluar nuevos conceptos y métodos bioinformáticos a nivel genómico de redes de regulación. Su laboratorio acuñó el concepto de “genetic sensory-response units” con dos publicaciones al respecto. Recientemente publicó una redefinición de los conceptos básicos de la regulación microbiana en *Nature Reviews Genetics* (2020).

Reconocimiento de prestigio nacional e internacional.

La elevada calidad de su trabajo le ha granjeado reconocimientos de gran prestigio nacional e internacional desde temprana edad, como son el Premio Universidad Nacional por Investigación en Ciencias Naturales a sus 48 años, (2004) y el Premio Nacional en Ciencias y Artes (2011) en el área de Ciencias Físico-matemáticas y Naturales, en “bioinformática” como se mencionara en la entrega del premio. Es miembro del Sistema Nacional de Investigadores desde 1992 y designado nivel 3 desde 2001 (a sus 44 años). A nivel internacional fue becario de la Fundación John Simon Guggenheim (1992); fue Robert F. Kennedy Visiting Professorship de la Universidad de Harvard (2007), reconocimiento otorgado a muy pocos científicos latinoamericanos, y el Premio Scopus de Elsevier en el 2007. Ha sido reconocido como “ISCB Distinguished Fellow Class 2015” (único latinoamericano actualmente) de la International Society for Computational Biology” (<http://www.iscb.org/iscb-fellows>) y más recientemente reconocido entre los científicos más citados en el mundo durante el 2015 por Thomson Reuters. Ver: <http://stateofinnovation.thomsonreuters.com/worlds-most-influential-scientific-minds-report-2015>. Es de los pocos con donativos de los Institutos Nacionales de Salud de EU (NIH por sus siglas en inglés) como investigador principal/responsable en nuestro país. Ha obtenido donativos de NIH en cuatro ciclos: 2000-04; 2004-08; 2008-12 y 2015-18. Asimismo es miembro permanente del “Genomics, Computational Biology and Technology” Study Section del NIH, comité evaluador de donativos del NIH. Fue miembro del Board of Directors de la International Society for Computational Biology y desde 2018 es Profesor Adjunto del Departamento de Bioingeniería de la Universidad de Boston.

El Dr. Collado es el científico mexicano de mayor prestigio nacional e internacional en bioinformática, con una obra original, altamente citada, pionera y ahora clásica; pilar del surgimiento de la bioinformática y las ciencias genómicas en nuestro país.

Ligas

Scopus

Teléfono: (777) 3139877

Correo: colladojulio@gmail.com

Diego Claudio Cortez Quezada

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM.

Contacto: dcortez@cgc.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 3134152

Sitio web: <http://www.cgc.unam.mx/diego-cortez-quezada/>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?hl=es&user=f9okZH4AAAAJ>

ORCID: 0000-0003-0654-6349

Campos de conocimiento

- Ecología y biología evolutiva
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Cromosomas sexuales en Reptiles, Aves y Mamíferos
- Determinación del sexo y transiciones de sistemas sexuales en Reptiles, Aves y Mamíferos
- Genómica Evolutiva de Reptiles, Aves y Mamíferos
- Transcriptómica funcional en Reptiles, Aves y Mamíferos

Michael Frederick Dunn**Entidad:** Centro de Ciencias Genómicas**Adscripción:** Centro de Ciencias Genómicas, UNAM**Contacto:** mike@ccg.unam.mx **Telefono Contacto:** (777) 1204773**Sitio web:** <https://www.researchgate.net/profile/Michael-Dunn-35>**Google scholar:** <https://scholar.google.com/citations?user=HJjWgLMAAAAJ&hl=en&oi=sra>**ORCID:** 0000-0002-8657-0375**Campos de conocimiento**

- Biología molecular
- Bioquímica, biofísica y biología estructural
- Ecología y biología evolutiva
- Fisiología
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Bioquímica y genética de la biosíntesis de poliaminas en *Sinorhizobium meliloti*
- Caracterización de la detección de poliaminas en *Sinorhizobium meliloti* por un módulo de señalización que regula los niveles del segundo mensajero di-GMP-c
- Definición del transportema de poliaminas de *Sinorhizobium meliloti* y su papel potencial en la percepción de las poliaminas ambientales como señales químicas
- Systematic characterization of plant growth-promoting traits in *Klebsiella variicola* strain F2R9.

Sergio Manuel Encarnacion Guevara**Entidad:** Centro de Ciencias Genómicas**Adscripción:** Centro de Ciencias Genómicas, UNAM**Contacto:** encarnac@ccg.unam.mx**Telefono Contacto:** (777) 32 91 899**Google scholar:** <https://scholar.google.com.mx/citations?user=PSB9NrUAAAAJ&hl=es>**Campos de conocimiento**

- Biología molecular
- Fisiología
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Estequiometría de la acetilación y ubiquitinación en cáncer
- Estudio de las proteínas sin función asignada del cromosoma 19
- Genómica funcional del cáncer

Damien Jean René Formey de Saint Louvent**Entidad:** Centro de Ciencias Genómicas**Adscripción:** Centro de Ciencias Genómicas, UNAM**Contacto:** formey@ccg.unam.mx**Telefono Contacto:** (777) 220 9660**Sitio web:** <http://www.ccg.unam.mx/damien-jean-rene-formey-de-saint-louvent/>**Google scholar:** <https://scholar.google.com/citations?user=hPh3YhgAAAAJ>

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Ecología y biología evolutiva
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Palabras claves: Argonauta, degradoma, fijación de nitrógeno, frijol (*Phaseolus vulgaris*), genómica funcional, leguminosas, miRNA, microRNA, nodulación, phasiRNA, plantas, regulación postranscripcional, simbiosis, small RNA, sRNA, transcriptómica.
1. Papel regulador de los ARN pequeños, sus blancos y las proteínas argonautas en las interacciones plantas-microorganismos.
 2. El papel de las argonautas y el análisis de su asociación con los ARN pequeños en el contexto la simbiosis leguminosas/rizobios
 3. Caracterización de los micropéptidos codificados por los precursores de microRNA (miPEPs) en el contexto de las interacciones planta/microorganismo
 4. Caracterización de las regulaciones endógenas y trans-reinos realizadas por los ARN pequeños en la interacción entre *Arabidopsis thaliana* y el hongo *Piriformospora indica*

Línea principal:

- La caracterización y el análisis de la evolución de los ARN pequeños involucrados en las interacciones planta-microorganismos. Utilizando el modelo de interacción *Phaseolus vulgaris* / *Rhizobium*, el proyecto se enfoca en los microARN y phasiARN involucrados en la regulación de la fijación simbiótica de nitrógeno, desde el intercambio de factores difusibles hasta la senescencia de los órganos simbióticos llamados nódulos.

Julio Augusto Freyre Gonzalez

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas

Contacto: jfreyre@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 329-1777 Ext. 38483

Sitio web: <http://freyrelab.org>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?user=OXTN6MAAAAAJ&hl=es>

ORCID: 0000-0001-7061-7637

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Desarrollo de técnicas para biología comparativa y funcional de sistemas
- Desarrollo de técnicas y herramientas computacionales, así como aplicaciones web, para el análisis big-data de redes biológicas complejas empleando datos experimentales a gran escala y en una amplia diversidad de condiciones
- Estudio de la arquitectura de un modelo integral de la regulación celular que incorpore las distintas capas de control y sus interfaces
- Estudio de los principios organizacionales y dinámicos gobernando la biología de sistemas de redes complejas (regulación, metabolismo, proteína-proteína, señalización)
- Evolución de redes biológicas complejas
- Predicción masiva de redes de regulación
- Reconstrucción de redes de regulación

Biología de Sistemas Investigador

Inv. Tit. A T.C. Interino

Semblanza

Julio A. Freyre-González estudió la Ingeniería en Sistemas Computacionales en el Instituto Tecnológico de Veracruz (ITVer) y la Maestría en Ciencias de la Computación (Aprendizaje Computacional) en el Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey (ITESM). Obtuvo el grado de Doctor en Ciencias Bioquímicas (Genómica Computacional) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) en 2009.

Durante sus estudios de maestría desarrolló una metodología bayesiana para la clonación conductista, el cual es un método para construir sistemas automatizados de control para tareas complejas mediante capturar y reproducir las habilidades subcognitivas humanas en un programa de computadora. Tras ser impresionado por los problemas en genómica y biología de sistemas, decidió profundizar en el campo estudiando un doctorado en ciencias bioquímicas. Entonces volteó su atención a la aplicación de la teoría de grafos para estudiar las propiedades topológicas y la organización modular y jerárquica de la red regulatoria transcripcional de *Escherichia coli*. Su trabajo fue una contribución fundamental al primer análisis modular de una red regulatoria bacteriana. Durante su investigación doctoral, desarrolló los fundamentos del enfoque de descomposición natural, un marco de trabajo biológico-matemático que aprovecha las propiedades estructurales de las redes regulatorias para brindar criterios objetivos que permiten su descomposición y la identificación de sus componentes a nivel de sistemas.

Actualmente, su laboratorio tiene como objetivo desarrollar técnicas y métodos novedosos para contribuir a develar los principios a nivel de sistemas gobernando la organización y evolución de la circuitería biológica a escala global. El objetivo a largo plazo es develar los principios evolutivos y de sistemas que gobiernan las redes biológicas complejas y usar este conocimiento para desarrollar nuevas estrategias en biología sintética. Para lograr estos objetivos, integra datos masivos y distintas bases de datos combinando conocimiento de biología molecular, teoría de grafos, ciencias de la computación, estadística, matemáticas e inteligencia artificial.

A Julio Freyre le han sido otorgados diversos premios desde que era un estudiante de licenciatura, siendo algunos de ellos el I Premio Nacional de Software Juvenil por la Fundación Arturo Rosenblueth en 1992, el XIII Premio Joven Talento en Ciencias de la Vida (XIII Prêmio Jovem Talento em Ciências da Vida) por la Sociedad Brasileña de Bioquímica y Biología Molecular (SBBq) y GE Healthcare Life Sciences en 2009, y el Reconocimiento al Mérito Estatal de Investigación por el Estado de Morelos en 2010.

Él es además responsable de los planes de estudios e impartición de cursos en ciencias de la computación (“Principios de Programación” y “Computo Científico”). Esto además incluye cursos en biología de sistemas, y un taller en esta área contando con un enfoque de docencia/investigación en la frontera de las ciencias biológicas. Todos estos cursos son impartidos para el Programa de Licenciatura en Ciencias Genómicas. Además, impartimos cursos a nivel de posgrado en las mismas áreas para el Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas y el Posgrado de Ciencias Bioquímicas, entre otros.

Ligas

- <http://freyrelab.org>
- Google Scholar
- <http://orcid.org/0000-0001-7061-7637>
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Freyre-Gonz%C3%A1lez+JA%5BAuthor%5D>
- https://arxiv.org/a/freyregonzalez_j_1.html
- ResearchGate
- <https://unam.academia.edu/jfreyre>
- <https://publons.com/author/633264/julio-augusto-freyre-gonzalez>
- <https://www.linkedin.com/in/jfreyreg>
- Thomson Reuters ResearcherID
- OrcID
- Scopus

Publicaciones selectas

- Freyre-Gonzalez, J.A.*, Escorcia-Rodríguez, J.M., Gutiérrez-Mondragón, L.F., Martí-Vértiz, J. Torres-Franco C.N. y Zorro-Aranda, A. System principles governing the organization, architecture, dynamics, and evolution of gene regulatory networks. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 10 (2022) Artículo sometido por invitación a la edición especial sobre “Insights in Synthetic Biology 2021: Novel Developments, Current Challenges, and Future Perspectives” doi: 10.3389/fbioe.2022.888732.
- Zorro-Aranda, A., Escorcia-Rodríguez, J.M., González-Kise, J.K., Freyre-González, J.A.* Curation, inference, and assessment of a globally reconstructed gene regulatory network for *Streptomyces coelicolor*. *Scientific reports* 12(1):2840 (2022) doi: 10.1038/s41598-022-06658-x.
- Escorcia-Rodríguez, J.M., Tauch, A., y Freyre-González, J.A.* *Corynebacterium glutamicum* regulation beyond transcription: Organizing principles and reconstruction of an extended regulatory network incorporating regulations mediated by small RNA and protein-protein interactions. *Microorganisms* 9(7):1395 (2021) Artículo sometido por invitación a la edición especial sobre “Genetics and Physiology of *Corynebacteria*”. doi: 10.3390/microorganisms9071395.
- Escorcia-Rodríguez, J.M., Tauch, A., y Freyre-González, J.A.* Abasy Atlas v2.2: The most comprehensive and up-to-date inventory of meta-curated, historical, bacterial regulatory networks, their completeness and system-level characterization. *Computational and Structural Biotechnology Journal* 18:1228-1237 (2020) doi: 10.1016/j.csbj.2020.05.015.
- Campos-González, A.I. y Freyre-González, J.A.* Evolutionary constraints on the complexity of genetic regulatory networks allow predictions of the total number of genetic interactions. *Scientific Reports* 9(1):3618 (2019) doi: 10.1038/s41598-019-39866-z.
- Freyre-González, J.A.*, Treviño-Quintanilla, L.G., Valtierra-Gutiérrez, I., Gutierrez-Ríos, R.M., y Alonso-Pavón, J.A. Prokaryotic regulatory systems biology: Common principles governing the functional architectures of *Bacillus Subtilis* and *Escherichia coli* unveiled by the natural decomposition approach. *J. Biotechnol.* 161(3):278-286 (2012) doi: 10.1016/j.jbiotec.2012.03.028.
- Freyre-Gonzalez, J.A.* y Trevino-Quintanilla, L.G. Analyzing regulatory networks in bacteria. *Nature Education* 3(9):24 (2010) <http://www.nature.com/scitable/topicpage/analyzing-regulatory-networks-in-bacteria-14426192>.

Teléfono: (777) 3291777 Ext. 38483

Correo: jfreyre@ccg.unam.mx

Jesus Ulises Garza Ramos Martinez

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Instituto Nacional de Salud Pública

Contacto: ulises.garza@insp.mx

Telefono Contacto: (777) 32 93 000 Ext. 2117

Sitio web: <https://mlstkv.insp.mx>

Google scholar: Scholar Ulises Garza-Ramos

ORCID: 0000-0002-5013-3050

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Biología Molecular de la Resistencia Bacteriana
- Epidemiología Molecular
- Genética de la Resistencia Bacteriana
- Genómica Comparativa de Bacterias Patógenas

Otto Geiger

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: otto@cgc.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 32 90 815

Sitio web: <https://www.cgc.unam.mx/en/otto-geiger/>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=VQkyVa4AAAAJ&hl=en>

ORCID: 0000-0002-7794-1568

Campos de conocimiento

- Bioquímica, biofísica y biología estructural
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Biosíntesis, degradación, recambio y función de lípidos de membrana en bacterias.

Posgrado en Ciencias Biomédicas

Federico Ávila Moreno

Entidad: Facultad de Estudios Superiores Iztacala

Adscripción: UNAM., FES-Iztacala, Laboratorio 12 de Enfermedades Pulmonares y Epigenómica Funcional del Cáncer

Contacto: f.avila@unam.mx

Teléfono (55) 56 23 13 33 Ext. 39808

Sitio web: <https://m.facebook.com/LungCancerandEpigenomicsLaboratory/>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?hl=en&tzom=360&user=SQUftkIAAAAJ>

ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-0252-7899>

Campos de conocimiento

- Cáncer
- Genética, genómica y bioinformática
- Inmunología y enfermedades infecciosas

Líneas de investigación

- Estudio funcional del epigenoma en la progresión del cáncer pulmonar
- Estudio pre-clínico de biomarcadores tumorales y respuesta a la terapia oncológica
- Regulación Transcripcional y Epigenética en Enfermedades Pulmonares

Rafael Peña Miller

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: rpm@cgc.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 31 34 152

Sitio web: <http://www.penamiller.com/>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?user=Cs7yRQ8AAAAJ&hl=en>

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Biología de sistemas
- Modelos matemáticos y experimentales para estudiar evolución microbiana

Fidel Alejandro Sanchez Flores

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología

Contacto: alexsf@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 3291864

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- BIOINFORMATICA
- GENOMICA
- METAGENOMICA
- TRANSCRIPTOMICA

María De Lourdes Girard Cuesy

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: girard@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 3291777 Ext. 38492

Google scholar: z35RdckAAAAJ

ORCID: 0000-0003-0004-9106

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Genómica funcional de la regulación genética en bacterias

Victor Manuel González Zuñiga

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: vgonzal@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 31 33 881

Sitio web: <https://www.ccg.unam.mx/victor-manuel-gonzalez-zuniga/>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?user=votx36oAAAAJ&hl=es>

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Genómica y evolución bacteriana
- Genómica y evolución de bacteriófagos

Georgina Hernández Delgado

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: gina@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 90 864

Sitio web: <http://www.ccg.unam.mx/es/FunctionalGenomicsOfEukaryotes>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?user=emBIDQQAAAAJ&hl=es>

ORCID: 0000-0001-6214-311X

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Genética y genómica funcional del frijol (*Phaseolus vulgaris*) para descifrar el control de la simbiosis fijadora de N con rhizobia

Jesús Martínez Barnetche

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas

Contacto: jmbarnet@insp.mx

Telefono Contacto: (777) 32 93 000 Ext. 2364

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=z65l7QAAAAJ&hl=en>

ORCID: 0000-0002-5228-3554

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática
- Inmunología y enfermedades infecciosas

Líneas de Investigación:

- Bases biológicas de la memoria inmunológica
- Bases biológicas de la producción de anticuerpos neutralizantes
- Co-evolución patógeno-huésped
- Mecanismos de generación de la diversidad de receptores de antígeno
- Respuesta inmune en insectos vectores

Eria Alaide Rebollar Caudillo

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: ea.rebollar@gmail.com

Telefono Contacto: (55) 74742771

Sitio web: www.erialab.com

Google scholar: <https://scholar.google.ca/citations?user=7vT8HwQAAAAJ&hl=es>

Campos de conocimiento

- Ecología y biología evolutiva
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Analizar el papel de las comunidades microbianas simbiotes (microbios) en anfibios desde una perspectiva ecológica y evolutiva
- Interacciones entre las comunidades microbianas y el hospedero con el objetivo de entender a mayor profundidad la naturaleza de esta simbiosis así como sus implicaciones evolutivas.

David Rene Romero Camarena

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: dromero@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 31 75 867

Sitio web: <https://www.ccg.unam.mx/david-rene-romero-camarena/>

Google scholar: http://scholar.google.com.mx/citations?user=0CDRs_4AAAAJ&hl=es

ORCID: 0000-0002-1685-4305

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Caracterización de genes esenciales en plásmidos de *Rhizobium*
- División celular en bacterias
- Mecanismos de la conversión génica en el genoma de *Rhizobium*
- Modificación genética bacteriana usando CRISPR-Cas
- Regulación de la transferencia conjugativa en plásmidos
- Sistemas basados en recombinación homóloga y sitio-específica para ingeniería genómica

Mario Alberto Serrano Ortega

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: serrano@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 31 15 164 Ext. 27689

Sitio web: <http://www.ccg.unam.mx/mario-alberto-serrano-ortega/>

Google scholar: <https://scholar.google.es/citations?user=r1n8degAAAAJ&hl=en>

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Análisis de la regulación de genes de respuesta temprana
- Caracterización de la inmunidad innata vegetal
- Estudio de los eventos tempranos en la interacción entre las plantas y los fitopatógenos

- Identificación y caracterización molecular de bioestimulantes

Dr. Alejandro Angel Garciarrubio Granados

Investigador

Líneas Investigación

- Redes neuronales, y aprendizaje profundo, aplicado a la bioinformática

Logros Obtenidos

- Nivel B del PRIDE

Grado Académico

- Doctorado, en Investigación Biomedica Basica, Instituto de Investigaciones Biomedicas (1986)
- Maestría, en Investigación Biomedica Basica, Instituto de Investigaciones Biomedicas (1984)
- Licenciatura, en Investigación Biomedica Basica, Instituto de Investigaciones Biomedicas (1982)

Grupo del Dr. Lorenzo Segovia

Descripción

Una de las metas de la biotecnología moderna es diseñar enzimas adecuadas a condiciones particulares. La ingeniería de proteínas es uno de los métodos usados para modificar las propiedades cinéticas y fisicoquímicas. Sin embargo, se necesita de mucha información a priori para poder diseñar los cambios requeridos. Una alternativa ha sido el desarrollo de enfoques basados en la evolución dirigida donde por barrido de bancos de mutaciones al azar se seleccionan clonas con las características deseadas o usando la ingeniería de consensos donde se ha mostrado que una proteína con una secuencia consenso a una familia tiene propiedades de estabilidad y catalíticas incrementadas respecto a las secuencias existentes. Recientemente se desarrolló un método estadístico, llamado SCA, el cual detecta los residuos que covarían en alineamientos múltiples de familias de proteínas homólogas. Estos residuos coevolucionados están organizados espacialmente dentro de canales físicamente conectados, uniendo sitios distantes funcionales de gran relevancia para el proceso de plegamiento y la actividad de la proteína. Por otro lado, se sabe que uno de los mecanismos evolutivos principales de generación de actividades nuevas ha sido mezclar dominios estructurales asociados a una función. Tal es el caso de las deshidrogenasas donde se observa que comparten un dominio Rossmann, el cual confiere la capacidad catalítica, fusionado a dominios de especificidad distintos. Estamos explorando este camino generando quimeras de proteínas homólogas a la Shikimate deshidrogenasa (SDH) donde se intercambien los dominios Rossmann. El análisis de SCA nos permite ver cuáles son las redes de interacción dentro de estas proteínas y en su caso diseñar mutaciones que permiten el acoplamiento entre los dominios quiméricos. Estamos estudiando la interrelación que existe entre las posiciones estadísticamente acopladas reveladas utilizando el algoritmo de SCA con los efectos observados en la estabilización y cambio de capacidades catalíticas de proteínas consenso. Esto permitirá entender cuáles son las posiciones que verdaderamente contribuyen a la estabilización o a la función para el diseño de enzimas con propiedades mejoradas. Estos conocimientos serán de gran utilidad para poder diseñar y construir posteriormente quimeras de novo buscando actividades no existentes en la naturaleza.

Otra área importante del grupo es el estudio bioinformático de la distribución filogenética de factores de transcripción. Hemos estado analizando la presencia e identidad de factores de transcripción en distintos grupos filogenéticos tanto de Eubacteria como de Arquea. Hemos observado que ambos dominios comparten familias de reguladores. Sin embargo estas familias tienen distintas abundancias. Hemos observado que existe una correlación en la abundancia de los factores sigma y los factores de transcripción aunque con una correlación de un décimo entre ambos tipos de proteínas. Estamos utilizando teoría de grafos para estudiar la evolución de las vías metabólicas tanto entre Eubacteria y Arquea y dentro un grupo filogenético cerrado, los Bacillus. Estamos desarrollando algoritmos genéticos para poder hacer alineamientos de vías metabólicas. Adicionalmente estamos llevando a cabo varios proyectos utilizando teoría de grafos para analizar la evolución de genomas en la familia de las proteobacterias buscando definir cuáles son las propiedades de conectividad de funciones del metabolismo que se ganan o pierden. De un modo similar estamos analizando cual es la distribución filogenética de enzimas involucradas en las biosíntesis de lípidos y metabolismo de ácidos nucleicos. Estos dos tipos de metabolismo parecen presentar una discordancia evolutiva con el árbol de la vida planteado hasta ahora. La búsqueda de homólogos, análogos y alternólogos no permitirá presentar una hipótesis sobre esta discordancia.

Dr. Fidel Alejandro Sanchez Flores

Investigador

Líneas Investigación

- Bioinformática aplicada a las ciencias ómicas
- Genómica y transcriptómica de patógenos y parásitos
- Microbiología Ambiental

Logros Obtenidos

Grado Académico

- Doctorado, Ciencias Bioquímicas, IBT-UNAM (2007) con especialidad en Bioinformática
- Licenciatura, Investigación Biomédica Básica, IIB-UNAM (2001)

Mashaal Sohail

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas

Contacto: mashaal@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (55) 5579709431

Sitio web: <https://www.sohaillab.com>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=zvVquTQAAAAJ&hl=en>

ORCID: 0000-0002-6586-4403

Campos de conocimiento

- Ecología y biología evolutiva
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Analisis de asociación de genoma completo de rasgos antropométricos, metabolicos y serologicos en el biobanco mexicano
- Contribuciones relativas a la arquitectura de rasgos complejos de elementos que se originan en múltiples escalas de tiempo evolutivas
- Historia genética de los paquistaníes contemporáneos con implicaciones para la arquitectura de rasgos y enfermedades complejos
- Historia genética y arquitectura de rasgos complejos y enfermedades en 6000 genomas mexicanas (El Biobanco Mexicano)
- Investigando la historia genética poblacional de ascendencias asiáticas en México y América Latina
- Predicción de rasgos complejos en humanos antiguos utilizando ADN antiguo y estudios actuales de asociación con rasgos complejos de todo el genoma

Jose Utrilla Carreri

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas - UNAM

Contacto: utrilla@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 3291777 Ext. 38485

Google scholar: https://scholar.google.com.mx/citations?user=47_zmPUAAAAJ&hl=en

ORCID: 0000-0003-3048-9241

Campos de conocimiento + Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Biología de sistemas
- Biología sintética
- Ingeniería de fenotipos sintéticos: enfocada en combinar esfuerzos experimentales y el uso de modelos computacionales a escala genómica para estudiar y diseñar las relaciones genotipo-fenotipo con aplicaciones biotecnológicas

Pablo Vinuesa Fleischmann

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: vinuesa@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 31 75 867

Sitio web: <http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?hl=en&user=8IpvaDQAAAAJ>

ORCID: 0000-0001-6119-2956

Campos de conocimiento

- Biología celular
- Biología molecular
- Ecología y biología evolutiva
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Biología celular y molecular de las interacciones ameba-bacteria
- Desarrollo de herramientas bioinformáticas para genómica microbiana
- Evolución de la virulencia y resistencia antimicrobiana en ambientes naturales
- Genómica comparativa y funcional de bacterias patógenas oportunistas
- Pan-genómica, genómica comparativa y filogenómica microbiana

David Salvador Zamorano Sanchez

Entidad: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas, UNAM

Contacto: zamorano@ccg.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 329 17 77 Ext. 38487

Sitio web: <https://www.ccg.unam.mx/david-salvador-zamorano-sanchez/>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?hl=en&user=pprR1YIAAAAJ>

ORCID: 0000-0002-5580-7499

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Análisis de un novedoso sistema de transposición guiado por ARN, con potencial de propagación patogénica, en *Vibrio parahaemolyticus*.
- Implementación de estrategias novedosas de manipulación genómica para el estudio la toma de decisiones en *Vibrio parahaemolyticus*.

- Papel de las modificaciones post-traduccionales en la fisiología de *Vibrio parahaemolyticus*.
- Papel del di-GMP-cíclico en la toma de decisiones en *Vibrio parahaemolyticus*.

Alejandra Medina Rivera

Entidad:: Instituto de Neurobiología

Adscripción: Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano UNAM

Contacto: amedina@liigh.unam.mx

Teléfono : (55) 5623 4331 Ext. 255

Sitio web: <http://liigh.unam.mx/amedina/>

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de investigación

- Desarrollo de herramientas y estrategias bioinformáticas para análisis de datos masivos de secuenciación
- Genética epidemiológica de enfermedad de Parkinson
- Genética epidemiológica en México por medio de estudios de gemelos.
- Identificación de mecanismos de regulación epigenéticos relacionados con enfermedades humanas
- Identificación de mecanismos de regulación genética del sistema inmune en condiciones de salud y enfermedad.

Carla Daniela Robles Espinoza

Entidad:: Instituto de Neurobiología

Adscripción: Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano

Contacto: drobles@liigh.unam.mx

Teléfono : (55) 55 56 23 43 31 Ext. 259

Sitio web: www.liigh.unam.mx/drobles

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=8s6pObsAAAAJ&hl=en>

ORCID: 0000-0003-3277-7466

Campos de conocimiento

- Cáncer
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de investigación

- Factores de predisposición a cáncer
- Genética y genómica del melanoma
- interpretación de la variación genética y su influencia en la predisposición al desarrollo del cáncer.
- Perfil genómico del cáncer y bioinformática

Sandra Romero Hidalgo

Entidad:: Facultad de Medicina

Adscripción: INMEGEN

Contacto: sromero@inmegen.gob.mx

Teléfono : (55) 53501900 Ext. 1153

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de investigación

- Desarrollo e implementación de estrategias bioinformáticas de genética de poblaciones aplicadas al estudio genómico de las enfermedades.
- Estudios de intervención para conocer los mecanismos moleculares implicados en técnicas de mente-cuerpo que promueven la salud y previenen la enfermedad.
- Identificación de factores de riesgo genético a través de estudios de ligamiento, estudios de asociación genética e interacción gen-gen y gen-ambiente.

Lorenzo Patrick Segovia Forcella

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM. Departamento de Ingeniería celular y Biocatálisis

Contacto: lorenzo@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91 605

Sitio web: <https://www.ibt.unam.mx/perfil/3432/dr-lorenzo-patrick-segovia-forcella>

Google scholar: <https://scholar.google.com.mx/citations?hl=en&user=zUSTnvoAAAAJ>

ORCID: 0000-0002-4291-4711

Campos de conocimiento

- Bioquímica, biofísica y biología estructural
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Bioinformática
- Evolución de la relación estructura función de proteínas
- Ingeniería de proteínas
- Metagenómica

Posgrado en Ciencias Biomédicas

Carlos Federico Arias Ortiz

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: carlos.arias@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 31 14 701

Sitio web: <http://www.ibt.unam.mx/server/PRG.base?tipo:doc,dir:PRG.curriculum,par:arias>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?hl=es&user=6LenFX8AAAAJ>

ORCID: 0000-0003-3130-4501

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática
- Inmunología y enfermedades infecciosas

Líneas de Investigación:

- Biología molecular y celular de la infección por virus gastrointestinales • Ingreso a la célula • Apropriación de la maquinaria de síntesis de proteínas • Morfogénesis y egreso de la progenie viral • Control de la respuesta inmune innata de la célula • Estructura (molecular y antigénica) • papel de exosomas en la replicación viral • Interacción RNA-proteínas
- Diagnóstico, epidemiología y metagenómica viral • Epidemiología de virus respiratorios y gastrointestinales • Viroma de los tractos respiratorio e intestinal
- Epidemiología y evolución de virus emergentes y reemergentes • SARS-CoV-2 • Influenza

Alejandra Alicia Covarrubias Robles

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Investigaciones Biomédicas

Contacto: crobles@ibt.unam.mx **Telefono Contacto:** (55) 56227643

Google scholar: no tengo

ORCID: 0000-0003-0439-3414

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Bioquímica, biofísica y biología estructural
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Análisis estructural y funcional de genes, de RNAs pequeños y proteínas característicos del estrés por déficit hídrico en diferentes modelos experimentales (*Arabidopsis thaliana*, *Phaseolus vulgaris*, *Marchantia polymorpha*, *Medicago truncatula*).
- Análisis genómico-funcional de la resistencia a sequía en frijol.
- Estudio de la regulación epigenética ejercida por una vía que metila el DNA dependiente de moléculas de RNA (RdDM) durante la respuesta de las plantas al déficit hídrico
- Genética Molecular y Celular de Plantas
- Respuestas de las plantas a condiciones de limitación de agua

Luis Fernando Covarrubias Robles

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: covs@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91 636

Google scholar: https://scholar.google.com/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q=Luis+Covarrubias&btnG=

Campos de conocimiento

- Biología celular
- Biología del desarrollo
- Biología molecular
- Cáncer
- Genética, genómica y bioinformática
- Neurociencias y neurobiología

Líneas de Investigación:

- El estrés oxidativo en la regulación del metabolismo y su impacto en la sobrevivencia y senescencia celular
- Influencia de la proliferación en la reprogramación celular
- La homeostasis celular en los tejidos: modelos animales de regeneración y cáncer
- Las células troncales y el control de la plasticidad celular en el desarrollo y enfermedades
- Mecanismo de control de la regeneración y el cáncer en mamíferos

- Plasticidad celular en el contexto del desarrollo embrionario y en enfermedades

Elda Guadalupe Espin Ocampo

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: espin@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91 644

Sitio web: ibt.unam.mx/busqueda/?busqueda=Guadalupe+Espin#gsc.tab=0&gsc.q=Guadalupe%20Espin&gsc.sort=

Google scholar: <https://scholar.google.es/citations?user=I79VUwYAAAAJ&hl=es&oi=ao>

ORCID: 0000-0002-2116-144X

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Genética molecular de la biosíntesis de alginatos, de PHB y de alquilresorcinolos

Rosa María Gutiérrez Ríos

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: rmaria@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91 634

Sitio web: <http://www.ibt.unam.mx/server/PRG.base?tipo:doc,dir:PRG.curriculum,par:rmaria>

Google scholar: https://scholar.google.com/citations?user=MbDS7_UAAAAJ&hl=es

ORCID: 0000-0002-0603-3810

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Análisis evolutivos de enzimas involucradas en la degradación de hidrocarburos y marcadores del estado de salud del mar, usando modelos metagenómicos
- Bioinformática, Modelado matemático de sistemas de regulación y señalización en bacterias y su comprobación experimental. Análisis de redes genético-metabólicas en bacterias.
- Estudios teóricos y experimentales para entender la dinámica y evolución del proceso de esporulación en *Bacillus subtilis* y otros Firmicutes
- Análisis funcionales de secuencias metagenómicas.
- Metagenómica marina, desarrollo de modelos para el estudio de metagenomas shotgun

Hilda Maria Lomeli Buyoli

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: hilda@ibt.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 32 91 865

Google scholar: No aplica

ORCID: 0000-0001-9659-0102

Campos de conocimiento

- Biología celular
- Biología del desarrollo
- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Genética del desarrollo embrionario del pez cebra

Cinthia Ernestina Nuñez López

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: cinthia.nunez@ibt.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 32 90 873

Google scholar: https://scholar.google.es/citations?view_op=list_works&hl=es&user=CfZqIJIAAAAJ

ORCID: 0000-0002-1807-3836

Campos de conocimiento

- Biología celular
- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Estudio de la función del segundo mensajero c-di-GMP en la diferenciación celular de *Azotobacter vinelandii* y en la producción de alginato y formación de biopelículas
- Estudio de los mecanismos de regulación de la producción del polisacárido alginato en *Azotobacter vinelandii*
- Genética y Regulación de polímeros bacterianos
- Regulación Genética del Proceso de Diferenciación Celular en la Bacteria *Azotobacter vinelandii*

José Luis Puente García

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: jose.puente@ibt.unam.mx

Teléfono Contacto: (777) 32 91 621 Ext. 27621

Sitio web: <https://www.ibt.unam.mx/perfil/3044/dr-jose-luis-puente-garcia>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=3rD1ZuEAAAAJ&hl=es>

ORCID: 0000-0002-8411-4974

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática
- Inmunología y enfermedades infecciosas

Líneas de Investigación:

- Implicaciones funcionales del repertorio fimbrial de *Escherichia coli* enteropatógena y *Citrobacter rodentium*.
- Diversidad fenotípica y genotípica de cepas multirresistentes de *Salmonella Typhimurium* ST213, un genotipo emergente en México potencial causante de infecciones sistémicas.
- ¿Cómo se integran reguladores transcripcionales específicos adquiridos por transferencia horizontal y reguladores globales ancestrales para regular una isla de patogenicidad?
- Regulación y función de factores de virulencia en bacterias enteropatógenas: *Escherichia coli* enteropatógena (EPEC), *E. coli* enterohemorrágica (EHEC), *Citrobacter rodentium* y *Salmonella Typhimurium*

Ma. Del Carmen Monserrat Quinto Hernandez

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: quinto@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91 642

Google scholar: https://scholar.google.es/citations?user=__ZIZ9YwAAAAJ&hl=es

Campos de conocimiento

- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Análisis funcional de los genes de la planta que participan en las etapas iniciales de la simbiosis frijol-rizobia y frijol-hongos micorrízicos
- Papel de las fosfolipasas en la simbiosis frijo-rizobia

Jose Luis Reyes Taboada

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología, UNAM

Contacto: jlreyes@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91638

Sitio web: www.ibt.unam.mx

Google scholar: Jose L Reyes

ORCID: 0000-0001-5129-9741

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- Estrés hídrico en plantas, biogénesis y funciones de microRNAs en plantas
- Metilación de RNA y su papel en el desarrollo de plantas terrestres

Mario Enrique Zurita Ortega

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología. UNAM

Contacto: marioz@ibt.unam.mx

Telefono Contacto: (777) 32 91 659

Sitio web: <https://www.ibt.unam.mx/perfil/3792/dr-mario-enrique-zurita-ortega>

Google scholar: https://scholar.google.com/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C22&q=mario+zurita+ortega&oq=Mario+Zurita22&q=Mario+Zurita&btnG=/

Campos de conocimiento

- Biología del desarrollo
- Biología molecular
- Bioquímica, biofísica y biología estructural
- Cáncer
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de Investigación:

- La caracterización de nuevos genes trithorax que interactúan con el complejo Brahma en *Drosophila*
- La genética molecular de factores de transcripción y reparación en *Drosophila melanogaster* como un modelo de estudio de enfermedades en humanos
- Mecanismos genéticos y epigenéticos que intervienen en el mantenimiento de la estabilidad del genoma y su relación con el cáncer

Federico Ávila Moreno

Entidad: Facultad de Estudios Superiores Iztacala

Adscripción: UNAM., FES-Iztacala, Laboratorio 12 de Enfermedades Pulmonares y Epigenómica Funcional del Cáncer

Contacto: f.avila@unam.mx

Teléfono : (55) 56 23 13 33 Ext. 39808

Sitio web: <https://m.facebook.com/LungCancerandEpigenomicsLaboratory/>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?hl=en&tzom=360&user=SQUfIkIAAAAJ>

ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-0252-7899>

Campos de conocimiento

- Cáncer
- Genética, genómica y bioinformática
- Inmunología y enfermedades infecciosas

Líneas de investigación

- Estudio funcional del epigenoma en la progresión del cáncer pulmonar
- Estudio pre-clínico de biomarcadores tumorales y respuesta a la terapia oncológica
- Regulación Transcripcional y Epigenética en Enfermedades Pulmonares

Enrique Merino Pérez

Entidad: Instituto de Biotecnología

Adscripción: Instituto de Biotecnología - UNAM

Contacto: merino@ibt.unam.mx

Teléfono de contacto: (777) 21 86 747

Sitio web: <http://www.ibt.unam.mx/server/PRG.base?tipo:doc,dir:PRG.curriculum,par:merino>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=VwLOS20AAAAJ&hl=en>

ORCID: 0000-0002-0374-0640

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Genética, genómica y bioinformática

Líneas de investigación

- Bioinformática y Microbiología

Centro de Ciencias Genómicas

Genómica Computacional

El Programa de Genómica Computacional se dedica, en el ámbito de la bioinformática, al reto de acelerar el acceso al conocimiento genómico, en particular sobre la regulación de la expresión genética microbiana. La columna vertebral es el diseño y expansión de la base de datos RegulonDB, con conocimiento extraído por curadores de la regulación genética en *Escherichia coli* K-12, tanto de experimentos clásicos como con métodos masivos post-genómicos. Trabajamos algoritmos para la identificación de sitios de pegado, promotores y unidades de transcripción, así como de co-regulación, y para el procesamiento de datos de experimentos masivos tipo ChIP-seq, entre otros. Trabajamos en una ontología y vocabulario controlado de condiciones de crecimiento microbiano, y en una ontología de la regulación genética microbiana. Una vertiente importante es el uso de procesamiento de lenguaje natural (NLP) para enriquecer las estrategias de extracción del conocimiento lo que nos permite expandir la curación a otras bacterias como *Salmonella*, y otras cuantas bacterias. Hemos sustentado conceptos integrativos como el de frases de regulación y más recientemente el de unidades genético-metabólicas de sensado-respuesta (SENSOR Units), las cuales plantean una gran cantidad de preguntas nuevas. Estamos indagando el formalismo de S-systems de Michael Savageau para el modelaje, inicialmente, de SENSOR Units; ampliándolo a circuitos completos y, si es posible, a un modelaje integral de la célula a nivel molecular. Esto con un enfoque novedoso de geometría algebraica computacional.

Toda esta forma de ver y concebir el conocimiento científico tiene su aplicación con estrategias semejantes en un proyecto que busca romper la separación entre divulgación y comunicación entre expertos, en el proyecto Conogasi <https://conogasi.org/>.

Recientemente, la Dra. Sohail se incorporó al programa. Sus líneas de investigación se enfocan en genómica humana, mediante el uso de métodos computacionales y estadísticos para investigar la arquitectura genética y la evolución de enfermedades y rasgos complejos, y el impacto de la historia demográfica en la variación de rasgos y en la incidencia de enfermedades. Por ejemplo, un nuevo proyecto busca usar aprendizaje profundo y grandes conjuntos de datos de genómica para predecir enfermedades complejas como la diabetes tipo 2 en humanos.

Accede a nuestros proyectos aquí y aquí si quieres conocer más detalle.

Biología Sintética

En nuestro programa abordamos diversas preguntas biológicas a distintas escalas (moléculas, células, comunidades) desde distintas disciplinas como biología de sistemas, bioinformática, genómica funcional, bioquímica, ecología y biología molecular, entre otras. Lo anterior con el fin de estudiar cómo evolucionan los sistemas biológicos y cómo podemos modificarlos para generar beneficios a la humanidad en aplicaciones de biología sintética.

Uno de nuestros temas de estudio es la dinámica ecológica y evolutiva de poblaciones bacterianas y su respuesta a distintas condiciones ambientales. En particular estamos interesadas en estudiar el efecto de las sustancias antimicrobianas en bajas y altas dosis en las dinámicas complejas de poblaciones bacterianas. Para esto construimos comunidades sintéticas y estudiamos sus interacciones utilizando técnicas de evolución experimental, modelos matemáticos, computacionales y microfluídica de células individuales.

También nos interesa aprender las reglas evolutivas detrás de la forma y función de las fábricas macromoleculares, como el ribosoma, para finalmente modificarlas y crear nuestras propias versiones sintéticas. En nuestras estrategias experimentales utilizamos uno de los desarrollos más exitosos de la biología sintética: un sistema de expresión de proteínas libres de células. Con este sistema producimos proteínas en ambientes cuidadosamente determinados sin las restricciones que imponen las células vivas; esto nos permite controlar con precisión los elementos que influyen en el plegamiento de proteínas durante la traducción.

Otros de nuestros temas específicos de investigación incluyen la genómica funcional para entender y guiar el diseño de cepas microbianas de producción. La generación de herramientas computacionales a escala genómica para ayudar en el diseño de fenotipos sintéticos a través de la manipulación de la relación genotipo-fenotipo (por ej., de la red

de regulación). La ingeniería de las maquinarias transcripcional y traduccional de bacterias modelo (*Escherichia coli*) y no modelo (por ej. *Pseudomonas chlororaphis*) para mejorar la distribución de recursos celulares a funciones sintéticas.

Somos una mezcla de jóvenes bioinformáticos y experimentalistas, esta configuración proporciona la combinación perfecta para proyectos exitosos. En nuestro laboratorio fomentamos la creatividad, la innovación y el pensamiento crítico en un ambiente relajado para promover el desarrollo de jóvenes estudiantes de licenciatura, maestría, doctorado y postdoctorados.

Rafael Peña Miller

Biología de Sistemas Investigador

Inv. Tit. A T.C. Definitivo

Semblanza

Rafael Peña Miller nació en la Ciudad de México donde obtuvo el grado de Matemático por la Facultad de Ciencias de la UNAM. Realizó sus estudios doctorales en el Departamento de Matemáticas del Imperial College London financiado por una beca del CONACYT. Una de las publicaciones que emanaron de su investigación doctoral fue elegida como ganadora del Lee Segel Prize, un premio bianual que otorga la Society for Mathematical Biology al mejor artículo publicado en el área de biología matemática. Posteriormente realizó estancias posdoctorales en la Universidad de Exeter y la Universidad de Oxford, en donde participó en diversos proyectos en la interfaz entre modelación matemática y microbiología experimental. Ha sido invitado a realizar estancias de investigación en Suiza, España, EUA y Alemania.

Actualmente es Investigador Titular A adscrito al Programa de Biología de Sistemas del Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM, y su investigación se enfoca en estudiar los mecanismos genéticos y metabólicos que permiten a las comunidades bacterianas implementar estrategias colectivas para sobrevivir, y prosperar, en entornos hostiles e impredecibles. Los proyectos específicos de su laboratorio tienen como propósito responder las siguientes preguntas generales: ¿cómo modula la estructura espacio-temporal del medio ambiente la dinámica evolutiva de resistencia a antibióticos?, ¿cuáles son los mecanismos genéticos que producen heterogeneidad fenotípica en una población de células genéticamente idénticas?, ¿cuál es la interacción entre elementos genéticos móviles, sus huéspedes bacterianos y el medio ambiente?

Ligas:

- <http://www.penamiller.com/>
- OrcID
- Scopus

Publicaciones selectas

- Multicopy plasmids allow bacteria to escape from fitness trade-offs during evolutionary innovation J Rodriguez-Beltran, JCR Hernandez-Beltran, J DelaFuente, JA Escudero, A Fuentes-Hernandez, RC MacLean, R Peña-Miller and Alvaro San Millan, *Nature Ecology and Evolution*, Vol 2, 873–881 (2018).
- Antibiotic cycling and antibiotic mixing: which one best mitigates antibiotic resistance?, R. Beardmore, R. Peña-Miller, F. Gori and J. Iridell. *Molecular Biology and Evolution*, msw292 (2017).
- Using a sequential regimen to eliminate bacteria at sub-lethal antibiotic dosages. A. Fuentes-Hernandez, J. Plucain, F. Gori, R. Peña-Miller, C. Reding, G. Jansen, H. Schulenburg, I. Gudelj and R. Beardmore. *PLoS Biology*, Vol. 12, No. 8 (2015).
- Positive selection and compensatory adaptation interact to stabilize non-transmissible plasmids. A. San Millan, R. Peña-Miller, M. Toll-Riera, Z. Halbert, A. McLean, B. Cooper and C. MacLean. *Nature Communications*, Vol. 5, No. 5208 (2014).
- Bistable expression of virulence genes in *Salmonella* leads to the formation of an antibiotic-tolerant subpopulation. M. Arnoldini, I. Avalos Vizcarra, R. Peña-Miller, N. Stocker, M. Diard, V. Vogel, R. Beardmore, W.-D. Hardt and M. Ackermann. *PLoS Biology*, Vol 12, No. 8 (2014).

- When the most potent combination of antibiotics selects for the greatest bacterial load: the smile frown transition. R. Peña-Miller, Lähnemann, Jansen, Fuentes-Hernandez, Rosenthal, Schulenburg and Beardmore. PLoS Biology, Vol. 11, No.4 (2013).
- Selecting against antibiotic-resistant pathogens: optimal treatments in the presence of commensal bacteria. R. Peña-Miller, D. Lähnemann, H. Schulenburg, M. Ackermann and R. Beardmore. Bulletin of Mathematical Biology, Vol 74, No. 4 pp. 908-943 (2011). (*Winner of the Lee Segel Prize)

Teléfono: (777) 3291686

Correo: rpm@ccg.unam.mx

José Arcadio Farías Rico

Entidad:: Centro de Ciencias Genómicas

Adscripción: Centro de Ciencias Genómicas

Contacto: jose.arcadio.farias.rico@gmail.com

Teléfono de contacto: (777) 3291777 Ext. 38479

Sitio web: <https://www.fariaslab.org/>

Google scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=9lzpeDMAAAAJ&hl=en>

Campos de conocimiento

- Biología molecular
- Bioquímica, biofísica y biología estructural

Líneas de investigación

- Diseño de biosensores basados en el ribosoma
- Estudios de aspectos específicos de la biología del ribosoma y su proteoma asociado.
- Utilizamos Bioinformática, bioquímica y biología molecular para estudiar como evolucionan los sistemas biológicos en la naturaleza
- Biología Sintética Investigador

Inv. Asoc. C T.C. Interino

Semblanza <https://www.fariaslab.org/>

Línea de investigación

Evolución de proteínas y el efecto del ribosoma en el proteoma

Por muchos años se creyó que el ribosoma solamente traducía proteínas. Sin embargo, gracias a la explosión reciente de información estructural permitida por los avances en microscopía electrónica, se han descubierto funciones ribosomales nuevas e interesantes más allá de la traducción. Hoy en día reconocemos que muchos procesos biológicos importantes ocurren en el túnel de salida del ribosoma, por ejemplo: la unión de cofactores, formación y evolución de complejos proteicos, plegamiento de proteínas anudadas, reclutamiento de chaperonas, formación de puentes di-sulfuro, procesamiento enzimático, la unión de antibióticos macrólidos, re-direccionamiento de proteínas a compartimentos celulares e inclusive la determinación de la estructura final de los polipéptidos ocurren antes de que se termine la traducción. Actualmente se empieza a reconocer el papel fundamental del túnel de salida ribosomal en la regulación del plegamiento de proteínas, así como de la evolución de las estructuras proteicas. Mi línea de investigación se enfoca en el estudio del ribosoma, y mas específicamente el túnel de salida, como una fuerza evolutiva que afecta la composición y la regulación del proteoma. Con mi línea de trabajo podremos entre otras cosas, entender mejor la gran cantidad de datos genómicos actuales, como funcionan los antibióticos que se unen al ribosoma, eh inclusive en un día no muy lejano podremos diseñar ribosomas a la medida para producir proteínas con características específicas. Con esta línea de investigación contestaremos a las siguientes preguntas entre otras:

¿Es posible detectar intermediarios de plegamiento tanto en estructuras de proteínas naturales como diseñadas? ¿Es posible hacer ingeniería del ribosoma utilizando información evolutiva para regular el plegamiento de proteínas?

¿Es posible encontrar determinantes especie específicos en el túnel de salida ribosomal que nos permitan mejorar la expresión de proteínas problema?

Trayectoria académica

José Arcadio terminó la licenciatura en Biología en la Facultad de ciencias de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), así como la maestría en Ciencias Bioquímicas bajo la supervisión del Dr. Lorenzo Segovia en el Instituto de Biotecnología también de la UNAM. Tiempo después se reubicó en Alemania para llevar a cabo estudios de evolución y diseño de proteínas adquiriendo experiencia en Biología estructural y Bioinformática durante su doctorado el Instituto Max Planck (Campus Tübingen) bajo la supervisión de la Prof. Birte Höcker. Después de su estancia en Alemania hizo estudios de postdoctorado en los cuales se especializo en el estudio del plegamiento de proteínas en el ribosoma bajo la supervisión del Prof. Gunnar von Heijne en la Universidad de Estocolmo. Durante su estancia post doctoral adquirió experiencia en el estudio del plegamiento de proteínas in vivo, así como en sistemas de expresión libres de células. Actualmente es miembro del (SNI), sistema nacional de investigadores nivel 1 y en Noviembre de 2019 se incorporó como investigador asociado en el laboratorio de Biología Sintética del Centro de Ciencias Genómicas de la Universidad Nacional Autónoma de México.

Ligas

- <http://www.rcsb.org/pdb/results/results.do?tabtoshow=Current&qrid=A0852225>
- <https://www.nature.com/articles/nchembio.1579>
- <https://phys.org/news/2014-07-protein-evolution-modular-principle.html>
- <https://www.pnas.org/content/115/40/E9280.long>
- Google Scholar
- Scopus

Publicaciones selectas

- Nat Chem Biol. 2014, Evolutionary relationship of two ancient protein superfolds. Farías-Rico JA, Schmidt S, Höcker B.
- Proc Natl Acad Sci U S A. 2018. Effects of protein size, thermodynamic stability, and net charge on cotranslational folding on the ribosome. Farías-Rico JA, Ruud Selin F, Myronidi I, Frühauf M, von Heijne G.

Teléfono: (777) 3291686

Correo: jafarias@ccg.unam.mx

Instituto de Biotecnología

Dr. Lorenzo Patrick Segovia Forcella

Página Principal

Descripción

Una de las metas de la biotecnología moderna es diseñar enzimas adecuadas a condiciones particulares. La ingeniería de proteínas es uno de los métodos usados para modificar las propiedades cinéticas y fisicoquímicas. Sin embargo, se necesita de mucha información a priori para poder diseñar los cambios requeridos. Una alternativa ha sido el desarrollo de enfoques basados en la evolución dirigida donde por barrido de bancos de mutaciones al azar se seleccionan clonas con las características deseadas o usando la ingeniería de consensos donde se ha mostrado que una proteína con una secuencia consenso a una familias tiene propiedades de estabilidad y catalíticas incrementadas respecto a las secuencias existentes. Recientemente se desarrolló un método estadístico, llamado SCA, el cual detecta los residuos que covarian en alineamientos múltiples de familias de proteínas homólogas. Estos residuos coevolucionados están organizados espacialmente dentro de canales físicamente conectados, uniendo sitios distantes funcionales de gran relevancia para el proceso de plegamiento y la actividad de la proteína. Por otro lado, se sabe que uno de los mecanismos evolutivos principales de generación de actividades nuevas ha sido mezclar dominios estructurales asociados a una función. Tal es el caso de las deshidrogenasas donde se observa que comparten un dominio Rossmann, el cual confiere la capacidad catalítica, fusionado a dominios de especificidad distintos. Estamos

explorando este camino generando quimeras de proteínas homólogas a la Shikimate deshidrogenasa (SDH) donde se intercambien los dominios Rossmann. El análisis de SCA nos permite ver cuáles son las redes de interacción dentro de estas proteínas y en su caso diseñar mutaciones que permiten el acoplamiento entre los dominios quiméricos. Estamos estudiando la interrelación que existe entre las posiciones estadísticamente acopladas reveladas utilizando el algoritmo de SCA con los efectos observados en la estabilización y cambio de capacidades catalíticas de proteínas consenso. Esto permitirá entender cuáles son las posiciones que verdaderamente contribuyen a la estabilización o a la función para el diseño de enzimas con propiedades mejoradas. Estos conocimientos serán de gran utilidad para poder diseñar y construir posteriormente quimeras de novo buscando actividades no existentes en la naturaleza.

Otra área importante del grupo es el estudio bioinformático de la distribución filogenética de factores de transcripción. Hemos estado analizando la presencia e identidad de factores de transcripción en distintos grupos filogenéticos tanto de Eubacteria como de Arquea. Hemos observado que ambos dominios comparten familias de reguladores. Sin embargo estas familias tienen distintas abundancias. Hemos observado que existe una correlación en la abundancia de los factores sigma y los factores de transcripción aunque con una correlación de un décimo entre ambos tipos de proteínas. Estamos utilizando teoría de grafos para estudiar la evolución de las vías metabólicas tanto entre Eubacteria y Arquea y dentro un grupo filogenético cerrado, los Bacillus. Estamos desarrollando algoritmos genéticos para poder hacer alineamientos de vías metabólicas. Adicionalmente estamos llevando a cabo varios proyectos utilizando teoría de grafos para analizar la evolución de genomas en la familia de las proteobacterias buscando definir cuáles son las propiedades de conectividad de funciones del metabolismo que se ganan o pierden. De un modo similar estamos analizando cual es la distribución filogenética de enzimas involucradas en las biosíntesis de lípidos y metabolismo de ácidos nucleicos. Estos dos tipos de metabolismo parecen presentar una discordancia evolutiva con el árbol de la vida planteado hasta ahora. La búsqueda de homólogas, análogas y alternólogas no permitirá presentar una hipótesis sobre esta discordancia.

Consorcio de Investigación del Golfo de México

Líneas Investigación

- Bioquímica y biología Molecular de procesos evolutivos de proteínas en laboratorio
- Estructura, Función y Manipulación de Péptidos y Proteínas
- Ingeniería y Tecnología de Enzimas
- Metagenómica ambiental

Mauricio A. Trujillo Roldán

Página Principal

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C Planta Baja / Oficina C-041

Teléfono 55562-29192

Correo electrónico muarotru@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- Determinación de las respuestas moleculares en la producción de proteínas recombinantes en cultivos inducidos térmicamente por *E. coli* y su escalamiento.
- Producción de proteínas recombinantes glicosiladas de *M. tuberculosis* en *S. lividans*.
- Cultivo sumergido de hongos filamentosos para la producción de metabolitos bioactivos.
- Producción de micelio de hongos formadores de micorriza arbuscular y ectomicorriza.
- Comprensión de los efectos de transferencia en el escalamiento ascendente en cultivos sumergidos de la bacteria *Piscirickettsia salmonis*.
- Desarrollo de procesos de cultivos bacterianos y su escalamiento para la producción comercial de biofertilizantes.
- Comprensión de los fenómenos de transferencia de masa y momentum en agitación resonante.

Gloria Soberón Chávez

Página Principal

Investigador Titular C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación

Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C 1er Piso / Oficina C-111 , Laboratorio C-110

Teléfono Oficina 55562-29202, Laboratorio 55562-29201

Correo electrónico gloria@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

Genética molecular de la producción de ramnolípidos por *Pseudomonas aeruginosa*

Pseudomonas aeruginosa es una g-proteobacteria ubicua en la naturaleza que tiene diversos usos biotecnológicos potenciales y que es un patógeno oportunista. Esta bacteria representa un problema de salud ya que es altamente resistente a antibióticos y constituye la principal causa de morbilidad y mortalidad para pacientes con fibrosis quística. En el grupo de investigación coordinado por la Dra. Soberón se estudia la genética molecular de la producción del surfactante ramnolípido que tiene diversas aplicaciones potenciales en biotecnología ambiental y que se expresa de una manera coordinada con diversos factores que participan en la virulencia de esta bacteria, mediante un mecanismo llamado respuesta sensora de quórum.

La mayoría de los elementos que intervienen en la patogenicidad de *P. aeruginosa*, como exoenzimas hidrolíticas, toxinas y ramnolípidos, se producen de una manera concertada cuando se alcanzan cultivos con altas densidades celulares mediante la activación transcripcional de los genes que los codifican. El sistema regulatorio que modula la expresión de los genes de virulencia se llama respuesta sensora de quórum y está constituida por dos reguladores transcripcionales, LasR y RhlR que modulan su actividad a través de la interacción con acilhomoserin lactonas con doce o con cuatro carbonos, respectivamente. Las acilhomoserin lactonas son producidas por la misma bacteria, y es su concentración la que permite detectar que hay una alta densidad celular, por lo que se denominan autoinductores. En este laboratorio están interesados en el estudio del mecanismo de regulación transcripcional de la proteína RhlR que es el regulador directo de los genes (*rhlAB* y *rhlC*) que codifican para las ramnosil transferasas que sintetizan as dos formas de los ramnolípidos (mono- y di-ramnolípidos). Así como en el efecto que tienen las condiciones medio ambientales en la respuesta sensora de quórum. En los últimos dos años encontraron que la proteína RhlR activa la transcripción de *rhlAB* cuando está unida al autoinductor, pero que también reprime al mismo promotor en ausencia del autoinductor. Encontraron que la composición del medio de cultivo afecta de una manera importante la expresión del gene *rhlR* y de los genes que son regulados por la proteína RhlR, de modo que se sabe que este regulón no sólo responde a una elevada densidad celular, sino que la condición metabólica de la bacteria es determinante. Estos estudios han permitido identificar nuevos elementos regulatorios que afectan la respuesta sensora de quórum dependiente de RhlR en *P. aeruginosa*.

Luis Servín González

Página principal

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio B Planta Baja / Oficina B-010 , Laboratorio B-012

Teléfono Oficina 55562-28928, Laboratorio 55562-28929

Correo electrónico servin@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- “Caracterización del sistema de restricción de DNA metilado de *Streptomyces coelicolor* e identificación de los genes involucrados” Mediante el análisis de la secuencia del genoma hemos identificado varios genes que participan en el sistema de restricción, los cuales hemos mutagenizado para analizar su papel en la restricción. Hemos demostrado que el sistema de restricción de DNA metilado es complejo y tiene el aporte de diferentes

genes que codifican enzimas con diferentes especificidades de restricción. Nuestra intención última es identificar todos los genes involucrados en el sistema.

- “Clonación y caracterización de los genes que codifican la biosíntesis de nigericina en *Streptomyces violaceusniger* NRRL B-1476”. Hemos logrado clonar y secuenciar el grupo de genes de *S. violaceusniger* responsables de la biosíntesis del antibiótico poliéter nigericina, el cual tiene una poco más de 100 kpbs. Actualmente estamos construyendo cepas mutantes que nos den información sobre el papel de los diferentes genes en la biosíntesis del antibiótico, y además estamos realizando un análisis transcripcional del “cluster” y del papel de la proteína activadora de la transcripción *nigR*.
- “Glicosilación de proteínas de *Streptomyces coelicolor* y *Mycobacterium tuberculosis*” Hemos demostrado que *Streptomyces* es capaz de expresar y glicosilar proteínas de *M. tuberculosis*, y hemos identificado y mutado los genes responsables de dicha glicosilación. Hemos logrado expresar los genes para la maquinaria de glicosilación de *M. tuberculosis* en *S. coelicolor*. Actualmente estamos trabajando en definir las características de la glicosilación, así como en la expresión de glicoproteínas de ambas especies en *Streptomyces*.

Sergio Sánchez Esquivel

Página principal

Investigador Titular C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C 1er Piso / Oficina C-103 , Laboratorio C-106

Teléfono Oficina 55562-29199, Laboratorio 55562-29200

Correo electrónico sersan@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- BIOCHEMICAL AND MOLECULAR BIOLOGY STUDIES ON THE MICROBIAL SYNTHESIS OF SECONDARY METABOLITES.

Secondary metabolites are compounds with a wide range of chemical structures and biological activities synthesized by a few range of microorganisms usually at the late growth phase. Although involved in different functions (signalling differentiation, mediating ecological interactions and facilitating biochemical evolution in microorganisms), these metabolites are considered as secondary since are not essential for microbial growth. The remarkable diversity of biological functions and chemical structures characteristic of these metabolites reflects the random manner in which their biosynthesis has evolved and been exploited. It represents a form of inventive evolution in which metabolic opportunities that arose by chance were exploited and incorporated to various degrees into the phenotype of the species. Therefore it has been interesting for us to elucidate, at the biochemical and molecular biology levels, how these microorganisms are able to synthesize and regulate the production of these compounds. The impact of these studies can be situated at the general microbiology level, but also from the biotechnology standpoint since the resulting knowledge can be used to design rational genetic improvement and process optimization of secondary metabolites production.

- PLANT-ASSOCIATED MICROBIAL SYSTEMS AS A SOURCE OF BIOLOGICALLY ACTIVE COMPOUNDS.

Plants and microorganisms synthesize most of the secondary metabolites with biological activity. Almost 50% of the biopharmaceutical have been obtained from plants. Plant-associated microorganisms (endophytic) such as bacteria or fungi produce many of these secondary metabolites. One endophytic fungi is *Taxomyces andreanae*, able to produce the anticancer drug, Taxol. Other endophytes have been shown to produce compounds with antibacterial, antiviral, antifungal and antimalarial activity. We are interested in the evaluation of medicinal plants as source of endophytic microorganisms as a way to look for new biologically active compounds.

Blanca Haydé Ruiz Ordaz

Página principal

Investigador Titular A Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio B Planta Baja / Oficina B-038 , Laboratorio B-035

Teléfono Oficina 55562-28937, Laboratorio 55562-28931

Correo electrónico bhro@unam.mx

Áreas de Trabajo

I. Estudio de las interacciones tempranas (receptores) del virus dengue en células tanto de mosquitos del género *Aedes*, como en células de mamífero.

II. Dengue.

- a. "Análisis funcional de los elementos que participan en la regulación de la expresión de genes que codifican para proteínas virales".
- b. "Diagnóstico de las infecciones causadas por el virus del dengue".
- c. "Determinación de la estructura tridimensional de la proteína de envoltura del virus del dengue tanto por modelaje molecular como por cristalografía".
- d. "Análisis de la variación genética y antigénica dentro de una misma población del virus del dengue".
- e. "Papel de la Gp60 en la patogenia del dengue hemorrágico".
- f. "Análisis tridimensional de la proteína no estructural 3 (Serin proteasa/helicasa) del virus del dengue tanto por modelaje molecular.
- g. Neurovirulencia.
- h. Estudio de las interacciones tempranas (receptores) del virus dengue tanto en el mosquito vector (*Aedes aegypti*) como en células de mamífero.

III. Dengue y Hemostasia.

- a. Estudio de la regulación antitrombótica a nivel del endotelio vascular durante la infección ocasionada por los dengue virus (tanto a nivel de la vía del factor tisular como de la vía anticoagulante TM-TB-APC).
- b. Diálogo cruzado en los procesos de Inflamación-Coagulación durante la infección por dengue virus.

IV. Hepatitis C.

- a. Identificación de proteínas de superficie del hepatocito que unen específicamente al virus de la hepatitis C (VHC).

V. Hemostasia.

- a. Participación de la B2-glicoproteína I en la regulación de la coagulación sanguínea.
- b. Estudio de los mecanismos de la regulación anti-trombótica (vía anticoagulante TM-TB-APC).
- c. Trombogénesis-aterogénesis.

VI. Virus respiratorios.

- a. Estudio de las interacciones tempranas del virus de la Influenza tipo A en células de endotelio pulmonar.
- b. Mecanismos de activación celular (transducción de señales) durante la infección causada por el virus sincicial respiratorio.

VII. Inflamación y remodelación tisular.

- a. Participación del sistema Plasminogeno-Plasmina en la remodelación del tejido.
- b. Vías de señalización involucradas en la resolución del proceso inflamatorio-regenerativo.

Norma Adriana Valdez Cruz

Página principal

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C Planta Baja / Oficina C-039 , Laboratorio C-036

Teléfono 55562-29192

Correo electrónico adri@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

Estudio de mecanismos moleculares que regulan la expresión de glicoproteínas recombinantes con interés terapéutico, producidas en sistemas procariotas o eucariotas, para diseñar formas de cultivo que incrementen su productividad.

Leticia Rocha Zavaleta

Página principal

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C 2º Piso / Oficina C-219 , Laboratorio C-212

Teléfono Oficina 55562-29217, Laboratorio 55562-29218

Correo electrónico lrochaz@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

ERITROPOYETINA Y CÁNCER

Los agentes químicos que se utilizan actualmente para tratar el cáncer producen efectos colaterales importantes al provocar la muerte de células sanas, entre las que se encuentran los eritroblastos de la médula ósea. La disminución en el número de eritroblastos provoca anemia, la cual disminuye significativamente la calidad de vida de los pacientes con cáncer. La anemia asociada al cáncer es tratada con eritropoyetina recombinante humana (Epo), la cual es el factor de crecimiento y maduración de los eritroblastos. En nuestro laboratorio hemos observado que células provenientes de tumores cervicales, de mama, y del sistema nervioso expresan el receptor para eritropoyetina, de manera similar a como lo hacen los eritroblastos. Por esta razón es de nuestro interés estudiar el efecto de la administración de eritropoyetina sobre las funciones de células tumorales que expresan a su receptor. Con esta finalidad estudiamos cómo la eritropoyetina afecta la proliferación, la resistencia a la muerte por falta de nutrientes, la migración, la invasión, la formación de nuevos tumores (metástasis) y la generación de resistencia a la muerte mediada por quimiofármacos, utilizando células derivadas de tumores cervicales, de mama y del sistema nervioso.

LA METÁSTASIS Y EL RECEPTOR c-KIT

La fase final del desarrollo de un cáncer es la formación de metástasis. Una metástasis es un tumor que crece en un tejido u órgano alejado de aquel donde se originó el tumor primario. Las metástasis son muy difíciles de tratar, por lo que están asociadas con etapas terminales de la enfermedad. Para formar una metástasis las células tumorales deben ser capaces de migrar, sobrevivir a condiciones adversas y adherirse en las superficies de sitios anatómicos distantes para formar nuevas poblaciones clonales. Se sabe que en condiciones fisiológicas normales algunas células adquieren algunas de las características mencionadas. Una de las moléculas que regula dichas funciones es el receptor con actividad de cinasa de tirosinas c-Kit. El receptor c-Kit se expresa en células cebadas, germinales, eritroblastos, melanocitos y varios tipos tumorales. Su ligando natural es el Stem Cell Factor (SCF), y su unión induce cascadas de señalización que regulan la apoptosis, la diferenciación celular, la proliferación, la quimiotaxis y la adhesión celular. Reportes de nuestro grupo y otros han demostrado que c-Kit se expresa en células derivadas de metástasis de tumores cervicales, de mama y de próstata. Por lo anterior estamos estudiando el papel de la activación de dicho receptor en la capacidad metastásica de las células tumorales, mediante la evaluación de su potencial como estimulante de la sobrevivencia, la migración, la invasión, la formación de colonias libre de anclaje, y la formación de tumores en ratones.

Sebastián Poggio Ghilarducci

Página principal

Investigador Titular A Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio B Planta Baja / Oficina B-013

Teléfono Oficina 55562-29250 ext. 46803, Laboratorio 55562-29222

Correo electrónico sepogh@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- Organización de la célula bacteriana
- Estabilidad de la membrana externa
- Mecanismos de localización de proteínas
- Organización del nucleóide
- Papel de la pared celular en la organización celular

La mayoría de las bacterias son organismos unicelulares que sin la necesidad de estímulos externos son capaces de mantener su forma y de generar una estructura interna que se ve reflejada en la organización de macromoléculas como son las membranas, pared celular, cromosoma y otras estructuras, pero también en la distribución diferencial de proteínas. Esta organización interna está basada tanto en propiedades físicas como en procesos dinámicos. La interrelación de estos, permiten generar un sistema capaz de mantenerse por sí mismo y de replicarse.

En el laboratorio nos interesamos por los mecanismos básicos que les permiten a las células bacterianas organizarse internamente y mantener su estructura, utilizamos como sistema modelo a *Caulobacter crescentus*. Nuestro interés principal es el estudio de los mecanismos de división celular, de mantenimiento de la membrana externa y la interacción de las proteínas con la pared celular. También estamos interesados en el desarrollo de aplicaciones prácticas derivadas de los proyectos básicos.

Silvia Andrea Moreno Mendieta

Página principal

Investigador Cátedra CONACYT

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C / Oficina C-037, Laboratorio C-034

Teléfono 55562-29250 ext. 46878

Correo electrónico moreno.sa@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- Diseño, obtención y evaluación de vacunas de subunidades para administración vía mucosas, basadas en un sistema acarreador (micropartículas) y antígenos recombinantes.
- Estudio y caracterización in vivo e in vitro del efecto inmunoestimulante y adyuvante de micropartículas poliméricas para su uso en vacunas.
- Aplicaciones biotecnológicas de módulos de unión a carbohidratos.

Romina Rodríguez Sanoja

Página principal

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C Planta Baja / Oficina C-035 , Laboratorio C-034

Teléfono Oficina 55562-29191, Laboratorio 55562-29188

Correo electrónico romina@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- Módulos de fijación a carbohidratos.
- Aplicaciones biotecnológicas y biomédicas.

- Caracterización de glucósido-hidrolasas presentes en fermentaciones alimentarias tradicionales.
- Caracterización bioquímica y estructural de los dominios de fijación al almidón de las amilasas de bacterias lácticas.

Héctor Vicente Miranda Astudillo

Página principal

Investigador Asociado “C” Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Circuito Escolar, 1er Piso

Teléfono 55562-23159

Correo electrónico hmiranda@iibimedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

Las microalgas desempeñan un papel importante en la producción primaria en ambientes acuáticos y contribuyen mayoritariamente a la fijación de dióxido de carbono atmosférico reduciendo el efecto invernadero y el calentamiento sistemático del planeta. Estos organismos se originaron por rondas de eventos endosimbióticos independientes. La primera endosimbiosis se llevó a cabo entre una cianobacteria y un eucarionte heterotrófico, a partir de ese encuentro se originaron los tres linajes de algas contemporáneos: las clorofitas (algas verdes), las glaucofitas y las rodofitas (algas rojas). Miembros de las clorofitas y de las rodofitas fueron incorporados por hospederos eucariontes independientes, lo que originó linajes con plástidos secundarios. Esta serie de sucesos representa uno de los ejemplos más espectaculares de innovación evolutiva, que dio origen a varios linajes fotosintéticos de gran importancia ecológica y/o biotecnológica (como las diatomeas, los dinoflagelados y los euglenoides). Desde el punto de vista genético, estos organismos son tan diferentes unos de otros como las plantas terrestres de los animales.

Los procesos bioenergéticos no pueden ser entendidos en su totalidad sin un conocimiento detallado de la estructura de los componentes aislados, así como de su interacción en asociaciones de mayor orden como supercomplejos, donde una correcta organización supramolecular es crucial para mantener la alta eficiencia en los procesos de transferencia de electrones. Sin embargo, la mayor parte de nuestro conocimiento actual acerca de los procesos bioenergéticos (fosforilación oxidativa y fotosíntesis) en eucariontes proviene de un grupo reducido de organismos modelo. A pesar de ello, recientes investigaciones en otros linajes han revelado una enorme diversidad estructural y funcional dentro de sus complejos bioenergéticos.

Nuestra investigación se centra en la caracterización bioquímica, estructural y funcional de los complejos de membrana responsables de los procesos bioenergéticos en microalgas. A la fecha, hemos caracterizado los complejos de la fosforilación oxidativa del alga secundaria *Euglena gracilis*, y actualmente nos encontramos en la caracterización de su maquinaria fotosintética. También, es de nuestro interés ampliar el estudio a otros linajes más complejos como las diatomeas, organismos responsables del 50% de la fijación de carbono atmosférico del planeta. Adicionalmente, nos interesa conocer los principales efectos del cambio climático en estos organismos.

Más información

Luis Antonio Mendoza Sierra

Página principal

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C 1er Piso / Oficina C-146

Teléfono Oficina 55562-29210, Laboratorio 55562-29211

Correo electrónico lmendoza@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

The CompBioLab, headed by Dr. Luis Mendoza focuses in the modeling and simulation of regulatory networks of biological interest.

High throughput technologies have generated vast amounts of biological data, which is usually compiled in the form of specialized databases. Databases, however, are only part-lists that depict a static view of a living organism. But genes, proteins, and metabolites form interconnected pathways, thus creating regulatory networks. If we want to generate an accurate description of living organisms, it is therefore necessary to take into account the properties of these networks, such as their dynamics, topology, redundancy, stability, robustness, and modularity, among others. To achieve such knowledge, it is necessary to integrate biological data into adequate computational and mathematical descriptions that permit the creation of appropriate quantitative and/or qualitative models.

There are many different formalisms that can be used to model regulatory networks, each providing different perspectives of their complexity. In our group, we use an ad hoc mixture of discrete and continuous equations to describe the dynamical properties of biological networks.

María Imelda López Villaseñor

[Página principal](#)

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio B 1er Piso / Oficina B-140 , Laboratorio B-137

Teléfono Oficina 55562-28952, Laboratorio 55562-29250 ext. 46827

Correo electrónico imelda@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

La principal línea de investigación de mi grupo es el estudio de la biología básica de *Trichomonas vaginalis*. Este organismo flagelado es el agente causal de la tricomonosis, una de las enfermedades transmitidas más comúnmente por vía sexual. Nuestro interés es estudiar algunos aspectos de la regulación de la expresión genética en este organismo de divergencia evolutiva temprana, en particular la transcripción por las RNA polimerasas I y III y las señales para el procesamiento y poliadenilación de los RNA mensajeros.

Rosa Laura Camarena Mejía

[Página principal](#)

Investigador Titular C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio B Planta Baja / Oficina B-014 , Laboratorio B-017

Teléfono Oficina 55562-28930, Laboratorio 55562-29222

Correo electrónico rosal@unam.mx

Áreas de Trabajo

Regulación de la quimiotaxis en *Rhodobacter sphaeroides*. La ventaja selectiva que el fenómeno biológico motilidad-quimiotaxis le proporciona a un microorganismo de vida libre, es de obvia importancia. El control de la motilidad le permite a cualquier célula desplazarse hacia un medio ambiente favorable en nutrientes, pH, temperatura, etc. Asimismo, la motilidad y la quimiotaxis juegan un papel importante en el proceso infectivo de algunos microorganismos.

En el laboratorio, estamos interesados en elucidar los mecanismos involucrados en el control de la motilidad y de la quimiotaxis en la bacteria *R. sphaeroides*. Esta bacteria tiene un solo flagelo de ubicación subpolar, la rotación del flagelo en el sentido de las manecillas de reloj produce el desplazamiento de la bacteria en una trayectoria lineal, la bacteria cambia de dirección cuando el flagelo deja brevemente de rotar y el movimiento browniano reorienta la célula. Las bases moleculares que controlan el fenómeno rotación-paro son a la fecha desconocidas.

En el laboratorio, hemos identificado a la mayoría de los genes flagelares presentes en el cromosoma de esta bacteria, así como su organización transcripcional. En este sentido, uno de nuestros objetivos consiste en elucidar los mecanismos moleculares que controlan la expresión de los genes flagelares. A la fecha, hemos determinado que los genes flagelares que codifican para estructuras tempranas (por ej. cuerpo basal y gancho), son transcritos por la RNAPolimerasa asociada al factor sigma-54; mientras que los genes tardíos (como el gen que codifica para la proteína del filamento) son transcritos por la RNA polimerasa asociada al factor sigma-28. Los mecanismos que controlan la transición entre la expresión de estos genes son a la fecha objeto de estudio en nuestro laboratorio. Por otro lado, hemos demostrado que la expresión de los genes flagelares tempranos depende de un factor sigma-54 específico; esto es, de las cuatro copias del gen que codifican para sigma-54 en esta bacteria, una de ellas es específica para llevar a cabo la expresión de los genes flagelares. Los mecanismos involucrados en lograr la especificidad funcional entre estos factores sigma, es otro de los temas de estudio en nuestro laboratorio.

Hemos identificamos el gene que codifica para la proteína que se piensa controla la rotación y el paro del flagelo (fliM).

María Elena Flores Carrasco

[Página principal](#)

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C 1er Piso / Oficina C-135 , Laboratorio C-132

Teléfono Oficina 55562-29205, Laboratorio 55562-29204

Correo electrónico mflores@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

La MetilmalonilCoA mutasa como modelo de estudio. La MetilmalonilCoA mutasa (MCM) cataliza la isomerización del metilmalonilCoA a succinilCoA utilizando adenosilcobalamina como cofactor. La MCM humana es un homodímero de 78 KDa por subunidad. Está codificada por un gen localizado en el cromosoma 6p12p-21.1. Mutaciones generan una enfermedad autosómica recesiva llamada Acidemia Metilmalónica. Durante la reacción de isomerización la MCM sufre oxidación del cofactor provocando su inactivación. Nuestro objetivo es conocer el papel de la proteína MMAA sobre la inactivación de MCM.

Regulación del operón meaB-gntR en *Saccharopolyspora erythraea*. *S. erythraea* es una de las principales cepas productoras de eritromicina, un antibiótico no poliénico. Río abajo de los genes mutA y mutB de *S. erythraea* se encontraron otros dos ORFs, de 986 y 359 nt. La secuencia del primero presentó identidad con proteínas con actividad de GTPasa/ATPasa (meaB) y el segundo gen codifica para un posible regulador transcripcional de la familia GntR (gntR). Estos dos últimos genes se encuentran dentro de un operón y el objetivo es determinar el papel de GntR como regulador de esta región.

El ciclo de Krebs en *Streptomyces coelicolor*. En los estreptomicetos es poco lo que se conoce acerca de la bioquímica y la regulación de enzimas que participan en el ciclo de los ácidos tricarboxílicos. Esta información sería muy útil, ya que sería aplicable a estreptomicetos que producen antibióticos para llevar a cabo ingeniería de las vías metabólicas. El objetivo es conocer la regulación de las enzimas del ciclo de los ácidos tricarboxílicos y su papel en el metabolismo de carbono, a través del estudio de la expresión e interrupción de los genes icdh, a-kgdh y mdh.

Alba Romero Rodríguez

[Página principal](#)

Investigador Asociado C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Circuito Escolar 1er Piso, Laboratorio A-107

Teléfono 55562-23159

Correo electrónico albaromdero@iibiomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

Al menos el 50-60% de los géneros bacterianos presentes en la microbiota intestinal (MBI) forman estructuras resistentes a etanol y oxígeno, denominadas en conjunto como esporobiota intestinal. La esporulación en los microorganismos intestinales ha sido estudiada principalmente en el patógeno nosocomial *C. difficile*. El ciclo de esporulación de *C. difficile* y del organismo modelo *B. subtilis*, incluye muchos puntos de convergencia empero, existen diferencias significativas entre ambas especies. Lo que ha quedado de manifiesto es que las esporas de *C. difficile* son sumamente importantes en la infección por este microorganismo, así como en su transmisión horizontal entre pacientes hospitalizados. Como en el caso de *C. difficile*, se propone que los microorganismos esporulados de la microbiota intestinal forman estructuras de resistencia que son esenciales en la transferencia de la microbiota entre individuos, pudiendo ser uno de los mecanismos críticos para la adquisición de una microbiota intestinal saludable. Las esporas permiten la permanencia en el ambiente y, por tanto, para poder ser transmitidas entre hospederos, no requieren de contacto directo ni cercanía espacial o temporal. De esta manera, las esporas de comensales intestinales, humanos y animales, podrían ser un medio de diseminación de genes involucrados en la resistencia antimicrobiana que actualmente es un problema crítico de salud pública. En el laboratorio estamos interesados en ampliar el conocimiento sobre los organismos esporulados (esporobiota) intestinal para entender el papel de la esporobiota en la diseminación de la resistencia a antimicrobianos (RAM). Además, estamos interesados en el estudio del ensamblaje de esporas intestinales no canónicas y su interacción con el hospedero.

Juan Miranda Ríos

[Página principal](#)

Investigador Titular B Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Unidad Periférica INPediatria, 4° Piso, Laboratorio 2, Edificio de Investigación

Teléfono Oficina 55560-63489, Laboratorio 55560-63489

Correo electrónico riosjuanm@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

Una de las áreas más excitantes de la biología molecular actualmente es el estudio de la estructura y función de los RNAs reguladores (e.g. RNAs pequeños en bacterias, microRNAs y long non-coding RNAs en eucariotes). Estos estudios nos han cambiado por completo la visión que teníamos de las capacidades funcionales del RNA, resaltando el papel central que esta molécula tiene en la regulación de la expresión genética. En particular, apenas estamos en posibilidad de entender los mecanismos del silenciamiento “natural” mediado por RNAs, lo cual nos ayudará a delinear mejor las redes de regulación genética y, en particular en biomedicina, comprender su conexión con el estado patológico y su uso en la terapéutica. Me siento muy afortunado y agradecido de haber sido guiado en el estudio del RNA por expertos en el área como el Dr. J. Puglisi (Stanford University) y la Dra. Gisela Storz (NIH, USA). Actualmente en mi laboratorio estamos estudiando los RNAs pequeños de *E. coli* en colaboración con la Dra. Irma Martínez y el Dr. Julio Collado (Centro de Ciencias Genómicas, UNAM) como parte del proyecto Regulon DB. Además, estamos estudiando la participación de los microRNAs de *Caenorhabditis elegans* en respuesta a estrés nutricional.

Roberto Hernández Fernández

[Página principal](#)

Investigador Titular C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior, Edificio B 1er Piso / Oficina B-143 , Laboratorio B-142

Teléfono Oficina 55562-28953, Laboratorio 55562-28954

Correo electrónico robertohf@biomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

El interés de nuestro grupo de trabajo es la biología fundamental de eucariontes unicelulares. Hemos usado a células de *Trypanosoma* y *Trichomonas* en cultivo como modelos de estudios, y próximamente incorporaremos cultivos de *Giardia*. Los problemas de investigación que hemos abordado se relacionan con el citoesqueleto y con la biogénesis de ribosomas, particularmente la regulación de expresión de RNA ribosomal y la formación del nucléolo. Nuestro interés reciente se ubica en la maquinaria de reconocimiento y transporte al núcleo de proteínas, particularmente de proteínas asociadas al complejo de transcripción de RNA polimerasa I. Los enfoques metodológicos involucran técnicas de proteínas recombinantes, genética reversa y microscopía de fluorescencia.

Se aceptan alumnos de pregrado y posgrado

Rocío Ángeles García Becerra

[Página principal](#)

Investigador Titular A Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior, Edificio C 1er Piso / Oficina C-139 , Laboratorio C-138

Teléfonos Oficina 55562-29250 ext. 47926, Laboratorio 55562-29208

Correo electrónico rocio.garciab@iibiomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

- Restablecimiento de los efectos antitumorales de la terapia hormonal en cáncer de mama receptor de estrógenos negativo.
- Estudio de inhibidores tirosina cinasa y calcitriol en cáncer de mama.
- Incremento de respuesta antiproliferativa de la terapia antiestrogénica en cáncer de mama y protección de la actividad agonistas del tamoxifeno en cáncer cervicouterino por el calcitriol.
- Efecto de los antiestrógenos en la expresión de Musashi en cáncer de mama.

Ana María Cevallos Gaos

[Página principal](#)

Investigador Titular A Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio B 1er Piso / Oficina B-144 , Laboratorio B-142

Teléfono Oficina 55562-29250 ext. 46805, Laboratorio 55562-28954

Correo electrónico amcevallos@biomedicas.unam.mx yosune@unam.mx

Rosa Laura Camarena Mejía

[Página principal](#)

Investigador Titular C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior, Edificio B Planta Baja / Oficina B-014 , Laboratorio B-017

Teléfono Oficina 55562-28930, Laboratorio 55562-29222

Correo electrónico rosam@unam.mx

Áreas de Trabajo

Regulación de la quimiotaxis en *Rhodobacter sphaeroides*. La ventaja selectiva que el fenómeno biológico motilidad-quimiotaxis le proporciona a un microorganismo de vida libre, es de obvia importancia. El control de la motilidad

le permite a cualquier célula desplazarse hacia un medio ambiente favorable en nutrientes, pH, temperatura, etc. Asimismo, la motilidad y la quimiotaxis juegan un papel importante en el proceso infectivo de algunos microorganismos.

En el laboratorio, estamos interesados en elucidar los mecanismos involucrados en el control de la motilidad y de la quimiotaxis en la bacteria *R. sphaeroides*. Esta bacteria tiene un solo flagelo de ubicación subpolar, la rotación del flagelo en el sentido de las manecillas de reloj produce el desplazamiento de la bacteria en una trayectoria lineal, la bacteria cambia de dirección cuando el flagelo deja brevemente de rotar y el movimiento browniano reorienta la célula. Las bases moleculares que controlan el fenómeno rotación-paro son a la fecha desconocidas.

En el laboratorio, hemos identificado a la mayoría de los genes flagelares presentes en el cromosoma de esta bacteria, así como su organización transcripcional. En este sentido, uno de nuestros objetivos consiste en elucidar los mecanismos moleculares que controlan la expresión de los genes flagelares. A la fecha, hemos determinado que los genes flagelares que codifican para estructuras tempranas (por ej. cuerpo basal y gancho), son transcritos por la RNAPolimerasa asociada al factor sigma-54; mientras que los genes tardíos (como el gen que codifica para la proteína del filamento) son transcritos por la RNA polimerasa asociada al factor sigma-28. Los mecanismos que controlan la transición entre la expresión de estos genes son a la fecha objeto de estudio en nuestro laboratorio. Por otro lado, hemos demostrado que la expresión de los genes flagelares tempranos depende de un factor sigma-54 específico; esto es, de las cuatro copias del gen que codifican para sigma-54 en esta bacteria, una de ellas es específica para llevar a cabo la expresión de los genes flagelares. Los mecanismos involucrados en lograr la especificidad funcional entre estos factores sigma, es otro de los temas de estudio en nuestro laboratorio.

Hemos identificado el gene que codifica para la proteína que se piensa controla la rotación y el paro del flagelo (fliM).

Áreas de Trabajo

- El sistema de actina de *Trypanosoma cruzi*.

Elisa Domínguez Hüttinger

Página principal

Investigador Asociado C Tiempo Completo

Departamento Biología Molecular y Biotecnología

Ubicación Sede Tercer Circuito Exterior Edificio C 2º Piso / C-250

Teléfono Oficina 55562-29180

Correo electrónico elisa.dominguez@iibiomedicas.unam.mx

Áreas de Trabajo

La principal línea de investigación de mi grupo es la Biología de sistemas para mejorar el entendimiento, prevención y tratamiento de enfermedades complejas, con énfasis particular en el estudio de epitelios.

Nos dedicamos a proponer, analizar y validar una familia de modelos matemáticos para contribuir al entendimiento, detección temprana, prevención y tratamiento de enfermedades epiteliales complejas, tales como los carcinomas, las atopias, y las infecciones de mucosas. Estas patologías afectan gravemente nuestro país, pues: (1) Se desconocen sus causas, aunque se les han asociado diversos factores de riesgo; (2) Empeoran gradualmente, de etapas tempranas de difícil diagnóstico a tardías asociadas a síntomas severos y tratamientos costosos; y (3) Los tratamientos frecuentemente conllevan efectos secundarios no deseados.

Abordamos el estudio de estas enfermedades epiteliales complejas desde una perspectiva multidisciplinaria, de biología de sistemas. Específicamente, en mi grupo de trabajo construimos y analizamos modelos matemáticos con sistemas dinámicos no lineales a partir de datos experimentales provenientes de nuestros colaboradores (Instituto Nacional de Salud y Nutrición Salvador Zubirán; Instituto de Fisiología Celular, UNAM; CINVESTAV; RIKEN y Universidad de Osaka, entre otros). Al integrar los enfoques teórico-matemáticos de mi grupo de trabajo con los clínico-experimentales de mis colaboradores, esta perspectiva dinámica, sistémica y cuantitativa nos permite caminar juntos hacia entender los mecanismos que subyacen en la aparición y progresión de diversos procesos patológicos complejos que afectan tejidos epiteliales, así como diseñar estrategias de detección temprana, prevención y reversión de estas enfermedades.

Más información

Dr. Francisco Xavier del Espíritu Santo Soberon Mainero

Investigador

Líneas Investigación

- Estructura, Función y Manipulación de Péptidos y Proteínas
- Genómica y transcriptómica de patógenos y parásitos

Correo electrónico xavier.soberon@ibt.unam.mx

Teléfonos Oficina +52 (777) 329-1641, desde la CDMX 562-27641, Red UNAM 27641

Logros Obtenidos

- Nivel D del PRIDE
- Nivel III del SNI

Grado Académico

- Doctorado, en Investigación Biomedica Basica, Instituto de Investigaciones Biomedicas-CEINGEBI-UNAM (1984)
- Maestría, en Investigación Biomedica Basica, Instituto de Investigaciones Biomedicas-UNAM (1981)
- Licenciatura, Química, Universidad Iberoamericana (1978)

Premios

Premio Nacional de Química “Andrés Manuel del Río”, Sociedad Química de México, 1999

Descripción

El objetivo central del grupo se refiere a la comprensión de los procesos de evolución molecular en proteínas y al establecimiento y desarrollo de metodologías relacionadas con ellos así como su aplicación en biocatálisis. Las proteínas son biomoléculas con un papel central en virtualmente todas las transacciones biológicas. Esto hace que resulten altamente relevantes como objetos de estudio. Las enzimas, en particular, constituyen un grupo singularmente importante de proteínas, por la diversidad e importancia de sus funciones catalíticas, que conducen todas las transformaciones químicas en los seres vivos, así como por su aplicación a la industria química, en el área conocida como biocatálisis. Durante más de dos décadas hemos contado con herramientas poderosas para la modificación de la secuencia de proteínas (mutagénesis dirigida). No obstante, la complejidad inherente a los sistemas macromoleculares mantiene como meta distante la capacidad de predecir e implementar cambios de secuencia que resulten en cambios de propiedades, tales como estabilidad, especificidad de sustrato o, incluso, modificación de la reacción química que lleva a cabo una enzima. Es cada vez más claro, por otra parte, que el proceso evolutivo, basado en variación y selección (que dio origen a la extraordinaria diversidad natural de proteínas que sustentan el fenómeno de la vida) puede ser utilizado para extender, en el laboratorio, las funciones de estas mismas proteínas. Este enfoque se conoce hoy día como evolución dirigida. Los elementos básicos para integrar una tecnología habilitadora en evolución dirigida incluyen, por una parte, las metodologías de mutagénesis, incluyendo Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR mutagénica), barajado de genes (gene shuffling, STEP) y empleo de oligonucleótidos sintéticos especiales (específicamente en esquemas que operan a nivel de codón). Trabajamos, además, en la generación de sistemas combinatorios que nos permitan hacer experimentos con números muy elevados de variantes, a pesar de la limitación de la eficiencia de transformación de *E. coli*. Nos interesa estudiar los conceptos básicos que subyacen el proceso de evolución molecular, utilizando hipótesis que surgen de nuestros resultados actuales, tales como el papel de inserciones y deleciones, la participación de módulos estructurales (especialmente las asas de los barriles TIM) y los conceptos de flexibilidad y generalidad en la catálisis realizada por las enzimas primigenias (iniciando por con proteínas con secuencias consenso, en colaboración con el grupo de Lorenzo Segovia).

Por otra parte, hemos desarrollado sistemas para la selección de proteínas con atributos deseados, especialmente aquéllas que se basan en estirpes bacterianas con genes específicos eliminados. Los elementos de tecnología mencionados se han puesto en juego en el estudio de diversos sistemas enzimáticos modelo, entre los que destacan la beta-lactamasa y los barriles TIM. El otro componente fundamental de la evolución es la selección (o búsqueda,

en el caso del proceso de laboratorio). En este ámbito, trabajamos con actividades de las vías de biosíntesis de aminoácidos (histidina y aminoácidos aromáticos) y de vitaminas, como esquemas de selección, y contamos con un sistema robótico para el manejo de colonias bacterianas y otro que posibilita la búsqueda de alto rendimiento en formato de placas de 96 pozos. Estas tecnologías habilitadoras pueden emplearse para abordar problemas de biocatálisis con aplicación práctica, entre los que hemos abordado: la penicilino acilasa (útil en la producción de penicilinas semisintéticas), la α -amilasa (que juega un papel central en la producción de jarabes a partir de almidón) y las enzimas involucradas en la biosíntesis de compuestos aromáticos.

Dr. Juan Enrique Morett Sanchez

Investigador

Líneas Investigación

- Bioinformática aplicada a las ciencias ómicas

Logros Obtenidos

- Nivel D del PRIDE
- Nivel III del SNI

Grado Académico

- Doctorado, en Bioquímica, Universidad de Sussex, Laboratorio de Fijación de Nitrógeno
- Maestría, en Investigación Biomedica Basica, UNAM (1986)
- Licenciatura, Investigación Biomedica Basica, UNAM (1984)

Grupo del Dr. Enrique Morett

Descripción

Los intereses centrales de nuestro grupo de investigación han sido estudiar la evolución de la actividad catalítica y los mecanismos regulatorios que controlan la transcripción en bacterias. Nuestras estrategias han combinado el trabajo experimental con estudios bioinformáticos, principalmente en análisis de secuencias, genómica comparativa y filogenia molecular. Nuestro trabajo se apoya de manera muy importante en la información contenida en diversas bases de datos biológicos, por ejemplo de secuencias genómicas, de estructura de proteínas y de expresión genética. Utilizamos y desarrollamos diversas herramientas bioinformáticas para extraer y analizar la información relevante de dichas bases de datos. Algunas de nuestras predicciones son evaluadas experimentalmente en nuestro laboratorio y utilizamos herramientas de evolución dirigida para obtener mayor información sobre los mecanismos evolutivos que permiten a las enzimas adquirir nuevas funciones. La línea más reciente del grupo contempla proyectos de regulación global de la expresión genética en *E. coli* y en *Geobacter sulfurreducens* mediante la determinación experimental de los sitios de inicio de la transcripción y de las unidades transcripcionales en ambos organismos. A continuación describimos brevemente los avances de algunos de nuestros proyectos.

Evolución dirigida para generar cambios de especificidad y migración catalítica de enzimas. ¿Cómo se generan nuevas actividades enzimáticas? ¿Una misma actividad enzimática puede llevarse a cabo en estructuras proteicas diferentes con el mismo tipo de catálisis? ¿Existe alguna preferencia estructural para ciertas actividades enzimáticas? ¿Es posible generar nuevas actividades con métodos de mutagénesis y selección en el laboratorio? ¿Es posible encontrar enzimas con actividades crípticas no seleccionadas naturalmente? Estas son algunas de las preguntas centrales en evolución molecular de proteínas.

La gran mayoría de las proteínas contemporáneas se pueden agrupar en unas pocas centenas de familias de dominios homólogos. Esto hace evidente que las proteínas han evolucionado principalmente por duplicación y divergencia. Sin embargo, también se han identificado un gran número de proteínas que no tienen homólogos conocidos en las bases de datos. Por otra parte, el estudio de los genomas totalmente secuenciados nos da la oportunidad de analizar la filología y el metabolismo de un organismo en su conjunto. La experiencia acumulada en estos pocos años de la ciencia genómica sugiere que en algunos organismos operan vías metabólicas con productos codificados por genes no homólogos a los previamente reportados en nuestros organismos modelo. Esto significa que en varios organismos no se han encontrado todos los genes necesarios para las funciones que sin duda poseen por lo que algunas actividades enzimáticas se llevan a cabo con proteínas de orígenes evolutivos diversos y en muchos casos los genes que las codifican aún no han sido identificados.

Hemos propuesto que las vías de síntesis de compuestos que se requieren en concentraciones muy bajas en las células, como las vitaminas, pueden ser blancos de eventos de desplazamiento de genes. Esto es que una mutación que afecte la actividad de alguna enzima involucrada en la biosíntesis de alguna vitamina, podría ser suprimida por otra mutación que modifique a otra enzima distinta y la haga capaz de llevar a cabo la actividad perdida. Es altamente probable que, en caso de ocurrir dichas mutaciones, estas resultarían, en el mejor de los casos, en actividades extremadamente bajas. Sin embargo, si la enzima en cuestión se expresa abundantemente, es probable que se obtengan los niveles requeridos de la vitamina. Un posterior proceso evolutivo de optimización resultaría en una enzima más eficiente.

Nuestro trabajo previo nos indica que la actividad de tiamina fosfato sintasa (TPS) se ha reinventado al menos dos veces en la naturaleza. Por lo tanto, con las metodologías que disponemos de evolución dirigida ¿podemos evolucionar artificialmente a una proteína con una actividad distinta a la actividad de TPS? Hasta ahora algunos grupos de investigación han logrado obtener variantes de una misma actividad enzimática, como la ampliación de la especificidad de algunas enzimas o la modificación de la estabilidad. Sólo en un muy pocos casos se ha demostrado migración catalítica por evolución dirigida e ingeniería de proteínas. En nuestra opinión, una limitante muy importante en el éxito de la migración catalítica ha sido el no contar con sistemas que nos permitan seleccionar actividades vestigiales eficientemente. Además, la generación y el número de variantes reales estudiadas han sido limitados. Nuestros trabajos de los últimos años nos demuestran que la selección de la actividad de TPS es un método que nos permitiera obtener variantes con parámetros cinéticos muy limitados. Es de suponer que si se logra modificar las propiedades catalíticas de una enzima, éstas serán muy probablemente de muy baja eficiencia. Con los sistemas convencionales de selección (resistencia a antibióticos, producción de algún amino ácido) estas variantes no tienen posibilidad de ser seleccionadas ya que se les demanda una actividad muy robusta desde el inicio. Además, un problema recurrente ha sido la aparición de falsos positivos, sobre todo con resistencia a antibióticos. Estos problemas no se presentan con la selección de la complementación de la actividad de TPS.

Hemos construido y caracterizado genética y fenotípicamente varias cepas de *E. coli* con remoción precisas de varios genes que participan en la síntesis de tiamina y biotina. Contamos con una colección de variantes obtenidas por evolución dirigida de la enzima triosa fosfato isomerasa (TIM monomérica) que tienen la capacidad de complementar la deficiencia del gene *thiE*. Hemos purificado algunas de estas variantes, determinado sus parámetros catalíticos y demostrado que tienen actividad muy limitada, pero específica, de TPS. La proteína que mostró mejor fenotipo fue purificada y cristalizada para determinar su estructura. Interesantemente, la estructura cristalográfica, apoyada con espectrometría de masas, mostró que tiene pirofosfato asociado muy fuertemente, el producto de la nueva actividad catalítica, así tiamina. Adicionalmente, la estructura nos reveló el sitio activo, la funcionalidad del cual comprobamos por mutagénesis, ya que al alterarlo con mutaciones puntuales disminuye considerablemente la actividad y desaparece la interacción con el pirofosfato. La determinación de la estructura de algunas de estas mutantes a mayor resolución permitió visualizar a la tiamina fosfato en la cavidad catalítica. Las mutantes en el sitio activo que perdieron la actividad de TPS muestran una estructura diferente del sitio activo y éste se encuentra desocupado. En conclusión, hemos logrado obtener migración catalítica de la enzima triosa fosfato isomerasa a la actividad de TPS. Esa conclusión está basada en estudios genéticos de complementación fenotípica, en estudios bioquímicos de la actividad de la nueva enzima, en cristalografía y en masa.

Si en la naturaleza se ha inventado al menos dos veces esta actividad enzimática, y si nosotros fuimos capaces de obtenerla de un homólogo muy lejano, como es la TIM, ¿es posible que en la gran diversidad de sitios activos del proteoma de *E. coli* hubiera alguna enzima con actividad críptica de TPS? Para abordar esta pregunta, construimos una librería de genes de *E. coli* y la sobre expresamos en la cepa carente del gene *thiE*, que codifica para la TPS. Identificamos una clona que complementa la deficiencia de tiamina de esta cepa y la caracterizamos detalladamente. Nuestros resultados muestran que la enzima YjbQ tiene actividad fortuita de TPS, ordenes de magnitud menores que la enzima nativa codificada por *thiE*. Mediante experimentos de evolución dirigida e ingeniería de proteínas, logramos identificar el posible sitio activo y un residuo catalítico fundamental. Nuestras variantes evolucionadas *in vitro* tienen una mejor capacidad de complementación de la actividad de TPS. Para confirmar que ésta es una actividad de la familia YjbQ, la cual está ampliamente distribuida en los tres dominios de la vida, clonamos los ortólogos de YjbQ de *Sulfolobus*, *Pyrococcus* y *Thermotoga*. Todos presentaron actividad de TPS, confirmando que esta actividad es una propiedad de toda la familia y no una característica exclusiva del gene de *E. coli* (En colaboración con X. Soberón, G. Saab E. Horjales y E. Rudiño).

Otros proyectos de evolución de la actividad catalítica se basan en el cambio de especificidad de las enzimas HemA y una carboxiesterasa a la actividad de BioF. Estas proteínas tienen baja similitud de secuencia de aminoácidos y un mecanismo catalítico muy parecido, utilizan fosfato de piridoxal como cofactor y sus substratos son un aminoácido y

un ácido carboxílico acoplado con coenzima A. Mediante estrategias de evolución dirigida logramos variantes de ambas enzimas con capacidad de complementación. Estamos concluyendo la caracterización bioquímica de estas interesantes mutantes. Este conjunto de resultados nos indican que fuimos capaces de migrar la actividad entre genes parálogos y que es posible después de unas cuantas rondas de mutagénesis y selección llegar a actividades considerables.

Continuamos con el interés de identificar otras enzimas que tengan actividad críptica de TPS mediante la generación de librerías de genes de diversos orígenes (metagenomas) (En colaboración con X. Soberón, G. Saab E. Horjales y E. Rudiño). Otros proyectos de evolución de la actividad catalítica se basan en la selección de variantes enzimáticas diversas con capacidad de complementar auxotrofia de biotina (En colaboración con H. Flores). En conclusión, hemos logrado obtener variantes de diversas enzimas con cambios muy radicales en su actividad catalítica por evolución dirigida.

Mapeo global de inicios de transcripción y unidades transcripcionales en *E. coli* y en *G. sulfurreducens*. Este proyecto, desarrollado en colaboración con los grupos del Dr. Julio Collado, del CCG, UNAM y el Dr. Derek Lovely, de la Universidad de Massachusetts, financiado por el NIH, USA, Department of Energy, USA y por el CONACYT, están orientados a mapear experimentalmente el mayor número de inicios de la transcripción y los límites de las unidades transcripcionales en *E. coli* y en *G. sulfurreducens*. Este proyecto tiene como finalidad estudiar globalmente la regulación de la expresión genética en estas bacterias, al tener identificados la mayor parte de los promotores activos y de unidades transcripcionales. Hemos desarrollado una metodología de 5' RACE modificado y con ella mapeado en poco tiempo más de 320 promotores en *E. coli* y más de 100 en *G. sulfurreducens*. Esta información nos permitió identificar muchos promotores nuevos y evaluar los métodos de predicción de promotores. Adicionalmente, hemos desarrollado un método para determinar los inicios de transcripción por pirosecuenciación. Esta parte del proyecto es una colaboración con el grupo del Dr. Alfredo Herrera Estrella, del LANGEBO, CINVESTAV, Irapuato, donde tienen dos equipos de pirosecuenciación. Hemos mapeado con esta metodología más de 1500 nuevos sitios de inicio de la transcripción, determinado cientos de inicios adicionales dentro de regiones codificantes, así como cientos de transcritos en antisentido. El significado biológico de estos hallazgos es aún incierto, pero sin duda muchos de estos inicios son verdaderos. Recientemente, adquirimos un equipo de secuenciación masiva Illumina GAIIx en la Universidad. Con este instrumento, hemos obtenido millones de secuencias de extremos 5' de transcritos, tanto de *E. coli*, como de *G. sulfurreducens*, obtenidos de distintas condiciones de crecimiento. Estos datos han complementado considerablemente nuestros esfuerzos anteriores con las otras tecnologías, lo que nos ha permitido identificar varios miles de inicios transcripcionales adicionales. Sin embargo, los extremos detectados pueden o no corresponder a inicios transcripcionales verdaderos, sobre todo los encontrados dentro de regiones codificantes, en sentido inverso a la orientación de genes o en regiones intergénicas convergentes. Por tal motivo, hemos iniciado la detección específica y el análisis de extremos 5' trifosforados, los que sin duda corresponden a verdaderos sitios de inicio de la transcripción. Con estos resultados, que estamos aún analizando, esperamos resolver las ambigüedades surgidas con las otras estrategias. Sobre la detección de unidades transcripcionales, llevamos a cabo experimentos de secuenciación denominados "pair end" que nos permiten obtener secuencias cortas de extremos de fragmentos de cDNA. Esta información nos facilita la determinación de los límites de los transcritos. Esta información nos permite identificar unidades transcripcionales al asociar en una misma molécula de cDNA a pares de genes. Los datos obtenidos están siendo analizados en el grupo y próximamente contemplamos enviar un manuscrito describiendo nuestras observaciones.

Proyecto genómico de *Taenia solium* Soy parte del consorcio Universitario del proyecto genómico de *T. solium*. En este año hemos continuado con la secuenciación y análisis de los datos de secuencia genómica y de expresión.

Unidad Universitaria de Secuenciación masiva de DNA. A principios del 2009 se integró un consorcio de entidades universitarias para contar en la Universidad con capacidad de secuenciación masiva. En julio se adquirió un instrumento GAIIx, de Illumina, y se puso en funcionamiento. A la fecha, hemos llevado a cabo siete corridas del instrumento y hemos secuenciado más de 25, 000, 000,000 de nucleótidos de DNA, equivalentes a ocho veces el genoma humano. Hemos secuenciado virus, incluyendo varias muestras de influenza A H1N1, más de seis genomas bacterianos, varios transcriptomas, tanto humanos como bacterianos, RNAs pequeños, etc., de usuarios tanto de la Universidad, como de otras instituciones, con resultados muy positivos. Tenemos varios usuarios en espera del servicio y otros que están preparando muestras o en vías de conseguir financiamiento. Por lo anterior, consideramos que la Unidad esta funcionando exitosamente y con demanda muy adecuada.

Dr. Joel Osuna Quintero

Investigador

Líneas Investigación

- Bioquímica y biología Molecular de procesos evolutivos de proteínas en laboratorio

Logros Obtenidos

- Nivel C del PRIDE

Grado Académico

- Doctorado, en Investigación Biomedica Basica, IBt-UNAM (1990)
- Maestría, en Investigación Biomedica Basica, IBt-UNAM (1987)
- Licenciatura, Ingeniería Bioquímica, Escuela de Ciencias Químico-Biológicas-UNAM (1983)

Grupo del Dr. Xavier Soberon

Descripción El objetivo central del grupo se refiere a la comprensión de los procesos de evolución molecular en proteínas y al establecimiento y desarrollo de metodologías relacionadas con ellos así como su aplicación en biocatálisis. Las proteínas son biomoléculas con un papel central en virtualmente todas las transacciones biológicas. Esto hace que resulten altamente relevantes como objetos de estudio. Las enzimas, en particular, constituyen un grupo singularmente importante de proteínas, por la diversidad e importancia de sus funciones catalíticas, que conducen todas las transformaciones químicas en los seres vivos, así como por su aplicación a la industria química, en el área conocida como biocatálisis. Durante más de dos décadas hemos contado con herramientas poderosas para la modificación de la secuencia de proteínas (mutagénesis dirigida). No obstante, la complejidad inherente a los sistemas macromoleculares mantiene como meta distante la capacidad de predecir e implementar cambios de secuencia que resulten en cambios de propiedades, tales como estabilidad, especificidad de sustrato o, incluso, modificación de la reacción química que lleva a cabo una enzima. Es cada vez más claro, por otra parte, que el proceso evolutivo, basado en variación y selección (que dio origen a la extraordinaria diversidad natural de proteínas que sustentan el fenómeno de la vida) puede ser utilizado para extender, en el laboratorio, las funciones de estas mismas proteínas. Este enfoque se conoce hoy día como evolución dirigida. Los elementos básicos para integrar una tecnología habilitadora en evolución dirigida incluyen, por una parte, las metodologías de mutagénesis, incluyendo Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR mutagénica), barajado de genes (gene shuffling, STEP) y empleo de oligonucleótidos sintéticos especiales (específicamente en esquemas que operan a nivel de codón). Trabajamos, además, en la generación de sistemas combinatorios que nos permitan hacer experimentos con números muy elevados de variantes, a pesar de la limitación de la eficiencia de transformación de *E. coli*. Nos interesa estudiar los conceptos básicos que subyacen el proceso de evolución molecular, utilizando hipótesis que surgen de nuestros resultados actuales, tales como el papel de inserciones y deleciones, la participación de módulos estructurales (especialmente las asas de los barriles TIM) y los conceptos de flexibilidad y generalidad en la catálisis realizada por las enzimas primigenias (iniciando por proteínas con secuencias consenso, en colaboración con el grupo de Lorenzo Segovia).

Por otra parte, hemos desarrollado sistemas para la selección de proteínas con atributos deseados, especialmente aquellas que se basan en estirpes bacterianas con genes específicos eliminados. Los elementos de tecnología mencionados se han puesto en juego en el estudio de diversos sistemas enzimáticos modelo, entre los que destacan la beta-lactamasa y los barriles TIM. El otro componente fundamental de la evolución es la selección (o búsqueda, en el caso del proceso de laboratorio). En este ámbito, trabajamos con actividades de las vías de biosíntesis de aminoácidos (histidina y aminoácidos aromáticos) y de vitaminas, como esquemas de selección, y contamos con un sistema robótico para el manejo de colonias bacterianas y otro que posibilita la búsqueda de alto rendimiento en formato de placas de 96 pozos. Estas tecnologías habilitadoras pueden emplearse para abordar problemas de biocatálisis con aplicación práctica, entre los que hemos abordado: la penicilino acilasa (útil en la producción de penicilinas semisintéticas), la α -amilasa (que juega un papel central en la producción de jarabes a partir de almidón) y las enzimas involucradas en la biosíntesis de compuestos aromáticos.

Dra. Rosa Maria Gutierrez Rios

Investigador

Líneas Investigación

- Bioinformática de procesos de regulación en bacterias

Logros Obtenidos

- Nivel B del PRIDE
- Nivel I del SNI

Consorcio de Investigación del Golfo de México

Descripción

Líder Institucional: Dra. Liliana Pardo López

Av. Universidad 2001, Col. Chamilpa, Cuernavaca Morelos, MEXICO

Teléfono: 52 777 3291777 ext 38137 ó 38125

Correo: lpardo@cigom.org ó liliana@ibt.unam.mx

Línea 4: Degradación de Hidrocarburos

Página web: www.cigom.info

En el 2014 se creó el Consorcio de investigación del Golfo de México (CIGoM) conformado por aproximadamente 100 investigadores del país. Juntos oceanógrafos, biólogos, físicos, químicos e ingenieros de las instituciones nacionales mas reconocidas, se imponen el reto de llevar a cabo el mas grande proyecto de investigación realizado en el Golfo de México. La meta a lograr es que México cuente con herramientas de observación, desarrollo biotecnológico y modelos numéricos que permitan establecer planes de contingencia y actividades de mitigación en caso de ocurrir derrames de hidrocarburos a gran escala en el Golfo de México, así como información para evaluar su impacto ambiental. Sabemos que el Golfo de México es un sistema complejo que alberga una gran cantidad de microorganismos capaces de la degradación de hidrocarburos y otras capacidades metabólicas que aun no han sido explorados extensamente y que ayudarían a contender con un desastre petrolero.

El Instituto de Biotecnología es un participante clave dentro del macro-consorcio, ya que cuenta con la experiencia en áreas como la microbiología, la metagenómica y la bioquímica, indispensables en el estudio de las bacterias degradadoras de hidrocarburos. Actualmente realizamos estudios metagenómicos y de diversidad bacteriana, empleando las técnicas mas actuales y de frontera que nos permiten obtener los ácidos nucleicos de diversos ambientes como agua y sedimento marino de aguas profundas, para posteriormente por una técnica novedosa como lo es la secuenciación masiva obtener los genomas completos de las bacterias que habitan el mar. También estamos caracterizando los microorganismos cultivables que viven cerca de las plataformas de extracción de petróleo, esto nos permitirá la búsqueda de nuevos genes y enzimas que estén involucrados en la degradación de hidrocarburos así como generar herramientas y estrategias de control y prevención contra posibles derrames de crudo.

Posgrado en Filosofía

Posgrado en Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Pese a ocupar un lugar sui-generis dentro de la ciencia, la matemática (y las ciencias formales en general) comparten muchos problemas filosóficos con el resto de las ciencias. Aun más, muchos de los problemas fundamentales de filosofía de la ciencia – no solo ontológicos, metafísicos o epistemológicos, sino también éticos, políticos, historiográficos, etc. – adquieren un nuevo carácter y resaltan muchas de sus aristas al aplicarse al caso de la matemática.

Además de los problemas fundacionales clásicos – la existencia de los objetos matemáticos, los fundamentos del conocimiento matemático, el significado de su lenguaje, etc. –, el amplio campo de la filosofía de las matemáticas contemporánea incluye temas como la aplicabilidad, la naturaleza de las representaciones formales, el procesamiento cognitivo de conceptos matemáticos, su desarrollo histórico, etc. En esta línea terminal, buscamos introducir al estudiante a este complejo y fascinante campo de problemas filosóficos.

Además de ser objeto de estudio de la filosofía de la ciencia, las disciplinas formales también la han proveído de poderosas y sofisticadas herramientas de análisis y modelado.

Resulta indispensable, por lo tanto, que el filósofo de la ciencia sea capaz de usar e interpretar el uso de las herramientas formales en el estudio de la ciencia. Después de todo, muchos fenómenos cognitivos involucrados en el quehacer científico son inferenciales y el estudio de dichos fenómenos ha sido el campo de estudio de la lógica desde el inicio de su historia.

La ciencia es campo de estudio natural para el análisis lógico. Uno de los objetivos principales de esta línea terminal, en consecuencia, es que el estudiante adquiera las herramientas y habilidades necesarias para construir, interpretar y criticar los estudios lógicos y formales de la ciencia.

Posgrado en Filosofía de la Ciencia

La filosofía de la ciencia constituye un campo de investigación relativamente joven y en constante expansión, un campo cuya fecundidad y relevancia responden a la naturaleza misma de su objeto de estudio. La reflexión crítica sobre la ciencia, así como una adecuada valoración de su impacto social y ambiental, exigen considerar el fenómeno científico en toda su complejidad, analizando sus diversas dimensiones y contextos.

Durante la primera mitad del siglo XX, los filósofos clásicos de la ciencia se enfocaron en los productos o resultados científicos, concentrando el análisis en cuestiones que atañen a las hipótesis y teorías que constituyen “conocimiento”: los métodos de prueba, los estándares de evaluación, la relación entre teoría y experiencia, la estructura lógica de las leyes y teorías, los modelos de explicación y predicción, la naturaleza del lenguaje de la ciencia, etc.

Este conjunto de cuestiones, que caen bajo el “contexto de justificación”, nos remite a las dimensiones lógica, metodológica, epistemológica, ontológica y semántica de la ciencia, dimensiones que además de constituir el núcleo duro del análisis filosófico, desembocan en problemas de calado profundo como, por ejemplo, el problema de la racionalidad científica o el problema de la relación entre nuestro conocimiento y el mundo.

En los años sesenta, la filosofía de la ciencia amplía su horizonte de reflexión al considerar el proceso de producción de conocimiento en sus diversos aspectos. Este interés por los modos de hacer ciencia –por la actividad científica– surge con el reconocimiento de los cambios profundos que han marcado su desarrollo histórico, no sólo en el nivel de las teorías sino también en el de los métodos y los objetivos de la investigación.

De aquí que la tarea de construir modelos de la dinámica científica haya adquirido un lugar central. Desde luego, a esta ampliación de la agenda filosófica contribuyeron tanto la consolidación de los estudios historiográficos como el desarrollo de otros estudios empíricos sobre la ciencia (sociológicos, psicológicos, antropológicos, evolutivos), con lo cual se abrió el camino hacia la “naturalización” de la filosofía de la ciencia.

Finalmente, la creciente vinculación entre ciencia y tecnología, además de estar generando un nuevo modo de investigar, ha permitido destacar el papel que cumplen los procesos de comunicación no sólo en el desarrollo mismo del conocimiento, sino también en la conformación del tipo de sociedad en que vivimos. Paralelamente, el impacto de largo y variado alcance de las aplicaciones tecno-científicas nos ha obligado a repensar la dimensión axiológica de esta actividad, sobre todo en su sentido moral y político, así como a rastrear en el tipo de valores que promueve en la esfera pública.

En suma, el universo en expansión de la filosofía de la ciencia, junto con la batería de herramientas conceptuales que en él se han ido forjando, hacen de este campo de investigación una plataforma muy adecuada para abordar las diversas facetas de “esa cosa llamada ciencia”. De aquí que la filosofía de la ciencia, además de columna vertebral de este posgrado, constituya ella misma una línea de especialización.

El plan de estudios del Doctorado en Filosofía de la Ciencia tiene por objetivo la formación de académicos del más alto nivel, capaces de desarrollar investigaciones originales en filosofía de la ciencia y de la tecnología, especializados en alguno de los seis campos de conocimiento del Posgrado en Filosofía de la Ciencia.

Los egresados del doctorado serán capaces de ejercer la docencia especializada en licenciatura y en posgrado, realizar investigación original de manera autónoma en los campos mencionados, así como participar en labores creativas y críticas en instituciones y organismos encargados de diseñar, coordinar o evaluar políticas para el desarrollo científico y tecnológico, o en instituciones encargadas de comunicar y divulgar la ciencia y la tecnología, o en general, en los espacios públicos en los que el conocimiento teórico y reflexivo sobre las ciencias y la tecnología sea necesario. El doctorado apunta hacia una relación sistemática entre la filosofía y las distintas disciplinas científicas, sean exactas, naturales o sociales, así como con las disciplinas tecnológicas, promoviendo nuevas formas de vinculación entre las humanidades, las ciencias y la tecnología. Por esta razón, el doctorado en Filosofía de la Ciencia fomenta el trabajo interdisciplinario en la docencia y la investigación.

Además de proponerse formar investigadores y profesores especializados en los campos de conocimiento del doctorado, su carácter interdisciplinario también permite consolidar la formación filosófica y metodológica necesaria para que especialistas en diferentes disciplinas científicas (física, biología, matemáticas, computación, sociología, antropología, ciencia política, psicología, entre otras), o de diferentes disciplinas tecnológicas, puedan innovar líneas de investigación y docencia en su campo de especialidad.

El plan de estudios del doctorado tiene una duración de 8 semestres, durante los cuales el alumno desarrollará un proyecto de investigación original, que será evaluada de manera semestral por el comité tutorial designado para este fin. Una vez que el proyecto de investigación se haya concluido, el estudiante defenderá oralmente su trabajo.

Para mayor información pueden consultarse los siguientes apartados:

- Plan de estudios
- Requisitos de ingreso
- Requisitos de permanencia
- Examen de candidatura
- Requisitos de egreso

Posgrado en Historia de la Ciencia

Por diversas razones la historia de la ciencia es un área central para las humanidades contemporáneas. Por un lado es un eje central de los estudios de la ciencia y la tecnología, ya que aporta, junto con la sociología de la ciencia, la mayor parte de los estudios empíricos sobre los que es posible basar la reflexión y el análisis adecuado de las ciencias y la tecnología.

La relación de la historia de la ciencia y la filosofía de la ciencia ha sido tradicionalmente una de competencia y fecundación mutua (se hablado de “matrimonio forzado”, pero también de “amor loco”), y el panorama hoy en día se ha ampliado para incluir a muchos otros estudios sobre la ciencia y la tecnología.

Por otro lado la historia de la ciencia aporta uno de los vínculos más fructíferos entre los ámbitos de la ciencias y las humanidades, al estar firmemente anclada en ambos. En sus tradiciones metodológicas y escriturales la historia incorpora el núcleo del pensamiento humanista occidental, mas cuando debe investigar el fenómeno científico en todas sus dimensiones se ve obligada a hacer espacio para los modos de entender y proceder de las ciencias y la tecnología. Eso hace de la práctica de la historia de la ciencia una actividad intelectual intensa, diversa y sumamente satisfactoria; además de útil.

Los años recientes atestiguaron un desarrollo dramático de los estudios en esta área, y nuestras imágenes de las ciencias y la tecnología se han visto enriquecidas y robustecidas con ello. Ya no es posible entender el fenómeno tecnocientífico sin ubicarlo en sus dimensiones históricas y geográficas. La historia de la ciencia ya no es sólo la historia de los grandes hombres y las grandes teorías; hoy se ha vuelto ineludible entender la historia de las ciencias y la tecnología en las diversidad de situaciones y contextos que de hecho se han dado y dan. La historia de la ciencia en México y en la región Iberoamericana ha crecido por tanto en importancia y en urgencia.

Carlos Torres Alcaraz

Semblanza Doctor en Filosofía por la UNAM

Campos + Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia + Historia de la ciencia + Líneas de investigación + Filosofía de las matemáticas + Historia de las matemáticas

Jesús Raymundo Morado Estrada

Semblanza

Ganó a los 16 años el Premio Nacional de Poesía del INJUVE. Estudió Filosofía en la UNAM y obtuvo maestrías en Ciencias de la Computación y en Filosofía, así como doctorado en Filosofía por la Universidad de Indiana en Bloomington. Desde su regreso a México ha trabajado en el Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM. En 1998 obtuvo el Reconocimiento Distinción Universidad Nacional Para Jóvenes Académicos en el área de Docencia en Humanidades y fue Visiting Scholar tanto de la Escuela de Informática como del Departamento de Filosofía de la Universidad de Indiana. Ha sido investigador visitante en las universidades de Montclair, Granada, Nacional de Educación a Distancia en España, Estadual de Campinas y Victoria en Wellington.

Fundó en 1996 el Taller de Didáctica de la Lógica. Sobre estos trabajos, compiló *La Razón Comunicada*, primer libro de este tipo en el mundo. Ha impartido cursos y conferencias, entre otras, en la Universidad de Indiana, la UNAM, la Universidad Veracruzana, la Autónoma del Estado de México, la Juárez del Estado de Durango, el ITAM, el Tribunal Federal de Justicia Fiscal y Administrativa, el Instituto Federal Electoral, la Escuela Libre de Derecho en Puebla, la Universidad Andrés Bello de Venezuela, las universidades españolas de Salamanca, Sevilla, Granada, Santiago de Compostela, UNED, Complutense y Autónoma de Madrid, las brasileñas de Campinas y Santa Catarina,

así como en Teherán, Nueva Zelandia (Wellington y Auckland) y Kazajstán. Ha publicado desde 1983 más de sesenta trabajos sobre Filosofía de la Lógica. Es dictaminador para varias instituciones y revistas filosóficas, miembro de varios consejos editoriales e Investigador Nacional Nivel II del SNI. Fue presidente de la Asociación Filosófica de México, primer coordinador del Diplomado en Lógica del IIFs-UNAM, primer presidente de la Academia Mexicana de Lógica y primer ganador del Premio Nacional de Lógica en 2017.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la Lógica

Publicaciones

- 2018. “María Noel Lapoujade, artista de sí misma”. En Ernesto Priani Saisó (coord.), 70 Años de Vida: Homenaje a Maria Noel Lapoujade. México: Facultad de Filosofía y Letras de la UNAM, pp. 264-277.
- 2017. “Provided you’re not trivial: Adding defaults and paraconsistency to a formal model of explanation”. Con Ítala D’Ottaviano y David Gaytán. En Carnielli y Malinowski (eds.): Contradictions, from Consistency to Inconsistency. Springer.
- 2016. “Lógica y Racionalidad Científica”. En David Gaytán y Alicia Pazos (eds.), Ciencia Falible: Reflexiones Lógico-filosóficas sobre aplicaciones de lógica no monotónica. UACM.
- 2015. Finlandia: University of Helsinki, pp. 258-259.
- 2015. “Notions of Relevance for Classical Logic” en Ilkka Niiniluoto (ed.), CLMPS
- 2014. “Estilos de Argumentación Occidental”. Innovación Educativa, volumen 14, número 64, pp. 57-72.

José Rafael Martínez Enríquez

Semblanza

Maestro en Filosofía por la Open University, Inglaterra

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de las matemáticas
- Historia de las matemáticas

Cristian Alejandro Gutiérrez Ramírez

Campos

Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Mario Gómez Torrente

Semblanza Mario Gómez-Torrente (Lic. Fil., Barcelona, 1990; Ph.D. in Philosophy, Princeton, 1996) es investigador en el Instituto de Investigaciones Filosóficas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) y trabaja principalmente sobre temas de filosofía del lenguaje y filosofía de la lógica. Entre sus artículos se encuentran “Tarski on Logical Consequence” (Notre Dame Journal of Formal Logic, 1996), “The Problem of Logical Constants” (Bulletin of Symbolic Logic, 2002), “Rigidity and Essentiality” (Mind, 2006), “How Quotations Refer” (Journal of Philosophy, 2013) y “Perceptual Variation, Color Language, and Reference Fixing. An Objectivist Account” (Nous, 2016).

Campos

- Filosofía de las ciencias cognitivas

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la lógica
- Filosofía del lenguaje
- Teoría de la referencia
- Problema de las constantes lógicas

Publicaciones recientes

- “Semantics vs. Pragmatics in Impure Quotation”, en P. Saka y M. Johnson (comps.), *The Semantics and Pragmatics of Quotation*, Springer, Dordrecht, 2017, 135-168
- “Objectivism about Color and Comparative Color Statements. Reply to Hansen”, *Noûs*, vol. 51, 2017, 429-435
- “Introducción a la Parte I: Lógica”, en G. Frege, *Escritos sobre lógica, semántica y filosofía de las matemáticas*, edición de M. M. Valdés, Instituto de Investigaciones Filosóficas-UNAM, México D.F., 2016, 19-37
- “Perceptual Variation, Color Language, and Reference Fixing. An Objectivist Account”, *Noûs*, vol. 50, 2016, 3-40
- “On the Essence and Identity of Numbers”, *Theoria*, vol. 30, 2015, 317-329
- “Quantifiers and Referential Use”, en A. Torza (comp.), *Quantifiers, Quantifiers, and Quantifiers*, Springer, Dordrecht, 2015, 97-124
- “Number and Essence”, en J. Díez, M. García-Carpintero, J. Martínez y S. Oms (comps.), *Proceedings of the VIII Conference of the Spanish Society for Logic, Methodology and Philosophy of Science*, Universidad de Barcelona, Barcelona, 2015, 23-24
- “Alfred Tarski”, segunda revisión sustancial, en E. Zalta (comp.), *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, Spring 2015 Edition, URL = <http://plato.stanford.edu/archives/spr2015/entries/tarski/>
- “Logical Truth”, segunda revisión sustancial, en E. Zalta (comp.), *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, Fall 2014 Edition, URL = <http://plato.stanford.edu/archives/fall2014/entries/logical-truth/>
- “La paradoja sorites”, en E. Barrio (comp.), *Paradojas, paradojas y más paradojas*, College Publications, Londres, 2014, 287-301 — “Alfred Tarski”, en D. Pritchard (comp.), *Oxford Bibliographies in Philosophy*, Oxford University Press, Nueva York, 2014, URL = <http://www.oxfordbibliographies.com/view/document/obo-9780195396577/obo-9780195396577-0186.xml>

Silvio José Mota Pinto

Semblanza Doctor por la Universidad de Londres

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la mente
- Filosofía de las matemáticas
- Filosofía del lenguaje

J.J. Max Fernández De Castro Tapia

Semblanza

Licenciatura en matemáticas (UNAM), maestría en filosofía (UNAM) y doctorado en filosofía (Universidad de París I), autor de *Quine y la Ontología Abstracta* (UAM-Porrúa, 2003), co-autor de cuatro libros de lógica y de un libro de filosofía del lenguaje. Ha escrito algunos artículos sobre filosofía de las matemáticas y de la lógica.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de las matemáticas: finitismo, impredicativismo, las variedades del logicismo. En lógica modal: lógica epistémica.

Publicaciones recientes

Libros:

- “Manipulating Spins: Causality and Decoherence” *Recent Developments in Philosophy of Science EPSA13* Páginas, 183 - 203. Suiza, 2015.

Artículos o capítulos de libros:

- “La paradoja de Burali-Forti”. Capítulo 15 de *Paradojas, Paradojas y más Paradojas*, Editado por Eduardo Barrio, College Publications, 2014. Pp, 213-228.
- “The Ancient versus the Modern Continuum”, *Revista Portuguesa de Filosofia*, 73, Fasc 3, 4, 2017, (en coautoría con Eduardo Noble).

Axel Arturo Barceló Aspeitia

Semblanza Axel Arturo Barceló Aspeitia es Investigador Ordinario, de Carrera, Titular, Nivel B (en el área de historia y filosofía de la lógica) de Tiempo Completo, con Definitividad, PRIDE D, SNI I (folio 25190) del Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM, donde se dedica al estudio de las representaciones humanas (palabras, fórmulas, imágenes pictóricas, diagramas, etc.) y su uso, especialmente en la inferencia y la argumentación. Obtuvo su doctorando en filosofía en la Universidad de Indiana. Bloomington. Ha sido acreedor al Premio Reconocimiento Distinción Universidad Nacional de Jóvenes Académicos por Investigación en Humanidades, y a lo largo de su trayectoria académica, ha publicado más de 40 trabajos de investigación en libros y revistas de México y del extranjero, además de varias reseñas y artículos de divulgación.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas
- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Lógica
- Filosofía del lenguaje
- Ontología de las categorías habitables
- Argumentación visual
- Diagramas (especialmente en matemáticas)
- Semántica de los numerales
- Acusaciones de doble estándar
- Metafísica de lo estructurado
- Semántica de determinables
- Inferencia deductiva
- Interpretación de imágenes

- Propiedades y relaciones intrínsecas y extrínsecas
- Publicaciones recientes

Investigación:

- “Mathematical Pictures”, en P. Chapman et al. (eds.): *Diagrams 2018*, LNAI 10871, pp. 137–147, 2018. https://doi.org/10.1007/978-3-319-91376-6_15
- “The Grammar of Colours advanced in Wittgenstein’s Middle Period”, en co-autoría con Salma Saab, en *Colours in the development of Wittgenstein’s Philosophy*, 2017, editado por Marcos Silva. Palgrave Macmillan. ISBN 978-3-319-56919-2. 215-243
- “El conocimiento como una actividad colectiva”, en co-autoría con Ángeles Eraña, *Tópicos* No. 51, 2016. ISSN: 2007-8498. Pp. 9-35. DOI: <http://dx.doi.org/10.21555/top.v0i0.746>
- “Las Imágenes como Herramientas Epistémicas”, *Scientiae Studia*. Vol. 14, No. 1, enero-junio 2016, pp. 45-63. ISSN 2316-899 <http://dx.doi.org/10.1590/S1678-31662016000100004>
- “Cuasi-Factivos”, en co-autoría con Robert Stainton, *elenkhos*, Vol. 1, No. 1, Mayo 2016. ISSN: 2393-6819. Pp. 65 - 88 . <http://sfu.org.uy/axel-a-barcelo-aspeitia-robert-j-stainton-cuasi-factivos/>
- “Las Tablas de Verdad como Filosofía”, *Argumentos*, año 7, no. 13, enero-junio 2015. ISSN:1984-4255 versión en línea) | ISSN:1984-4247 versión impresa. Pp. 165–178.
- “What makes quantified truths true?”, en Alessandro Torza (ed.) *Quantifiers, quantifiers, quantifiers*, Synthese Library, ISBN 978-3-319-18361-9, 2015, 355-373, 2015. Pp. 323-338.
- “Teorías de la interpretación en la hermenéutica y la filosofía analítica <http://dianoia.filosoficas.unam.mx/index.php/contenido/contribuciones-recientes/teor-as-de-la-interpretaci-n-en-la-hermeneutica-y-la-filosof-a-anal-tica/>”, *Diánoia* volumen LIX, número 74, Mayo 2015. e-ISSN 1870-4913. Páginas:147–154.

Divulgación:

- “How Diverse is Your Paper or Curriculum? Take the Test and Find Out!”, *Discrimination and Disadvantage*, 20 de Julio, 2018. http://philosophycommons.typepad.com/disability_and_disadvanta/2018/07/how-diverse-is-your-paper-or-curriculumtake-the-test-and-find-out.html
- “Causalidad y Conocimiento”, *Encuentros 2050*, Coordinación de Humanidades UNAM, No. 6, Junio 2017, 20-22.
- “Goodbye Spanish”, *Discrimination and Disadvantage*, 24 de Enero, 2017. http://philosophycommons.typepad.com/disability_and_disadvanta/2017/01/goodbye-to-spanish-guest-post.html
- “Whataboutisms”, *Discrimination and Disadvantage*, 22 de Agosto, 2016. http://philosophycommons.typepad.com/disability_and_disadvanta/2016/08/whataboutisms-guest-post-by-axel-arturo-barcelÃs.html
- “100 Philosophers 100 Artworks 100 Words #44: Pond”, *Aesthetics for birds*, Marzo 15, 2016. <http://www.aestheticsforbirds.com/2016/03/100-philosophers-100-artworks-100-words.html> ciclo

Atocha Aliseda Llera

Semblanza Atocha Aliseda es licenciada en matemáticas por la Facultad de Ciencias de la UNAM y doctora en “Filosofía y Sistemas Simbólicos” por el Departamento de Filosofía de la Universidad de Stanford (California, USA). Es Investigadora Titular “C” de tiempo completo, definitiva, adscrita al Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM e Investigadora Nacional en el Nivel III.

En la obra filosófica de la doctora Atocha Aliseda destacan dos libros. “Abductive Reasoning: Logical Investigations into Discovery and Explanation” (Springer, 2006). En esta obra la autora explora las lógicas del descubrimiento científico y los procedimientos inferenciales ampliativos, como lo es la abducción. La editorial Springer lo seleccionó para su traducción al Chino bajo el sello de la editorial Science Press, Beijing, publicado en el 2016. Su Segundo libro “La Lógica como Herramienta de la Razón: El razonamiento ampliativo en la creatividad, la cognición y la inferencia” (College Publications, King’s College, Londres, 2014) explora la utilidad de la inferencia ampliativa para el estudio de la creatividad científica y la cognición humana. Además de las obras mencionadas, la Dra. Aliseda

tiene un total de 85 publicaciones académicas entre artículos de investigación, capítulos en libros, ediciones de libros, reseñas, trabajos en memorias de congresos y de divulgación científica.

Entre otros, coordinó el proyecto de investigación “Lógicas del descubrimiento, Heurística y Creatividad en las ciencias” (PAPIIT-IN400514), cuya memoria se encuentra en la página Seminario de Lógica y Heurística: <http://logica-heuristica.blogspot.com>

Actualmente coordina el Seminario de Epistemología de las Ciencias de la Salud <https://epistemologia-salud.blogspot.com>

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Epistemología de las Ciencias de la Salud
- Filosofía y Metodología de la Ciencia: Razonamiento Clínico en Medicina
- Creatividad y Lógicas del Descubrimiento Científico

Publicaciones recientes

Libros (autoría individual):

- Aliseda, A. (2014) *La Lógica como Herramienta de la Razón. Razonamiento Ampliativo en la Creatividad, la Cognición y la Inferencia. Cuadernos de lógica, epistemología y lenguaje*, volume 6. College Publications. Milton Keynes, Reino Unido. ISBN 978-1-84890-147-6

Libros (editados):

- Aliseda, A. (Part Editor). (2017) *The Logic of hypothetical reasoning, abduction and models*, L. Magnani and T. Bertolotti, T. (eds), Springer Handbook of Model-Based Science. Springer, Switzerland. ISBN 978-3-319-30526-4. Web page: <http://www.springer.com/us/book/9783319305257>

Artículos en revistas arbitradas:

- Aliseda, A. (2016) What counts as a logical system?, *La Nuova Critica*, Rivista di Scienze dell'Uomo e di Filosofia delle Scienze, Nuova Serie, Special issue on Scientific Models and a Comprehensive Picture of Reality, Quaderno 63-64: 119—140. ISSN 1824-9663. http://www.arturocarsetti.it/scaricabili/La_Nuova_Critica_63-64.pdf
- Aliseda, A. (2015) “La Lógica como Herramienta de la Razón. Una Introducción”, *Revista Iberoamericana de Argumentación (RIA)*, No. 10, pág 1-10. ISSN 2172-8801. Departamento de Lógica, Historia y Filosofía de la Ciencia, Universidad Nacional de Educación a Distancia (UNED). España. <http://revistas.uned.es/index.php/RIA/article/view/14999/13292>
- Beirlaen, M. and Aliseda, A. (2014) “A Conditional Logic for Abduction”, *Synthese*, Vol. 191, No. 15, pag. 3733-3758. Springer. ISSN (Online) 1573-0964, ISSN (Print) 0039-7857, DOI 10.1007/s11229-014-0496-0. Advanced Publication Online, June 5th, 2014.

Capítulos en libros:

- Aliseda, A. (2017) “El razonamiento clínico en el marco de un programa de doctorado en filosofía, metodología y epistemología en ciencias de la salud.” En Torres Mendoza y Cuevas Álvarez (coords.) *Reflexiones y trascendencia de la formación filosófica-metodológica y epistemológica en el desempeño de los profesionales de la salud*. Universidad de Guadalajara, México. pp.68-75 ISBN 978 607 742 8480
- Aliseda, A. (2017) “El Lugar de la Lógica en la Razón Creativa”, en Pérez Ransanz, A.R. y Ponce Miotti, A.L. (eds.), *Creatividad e innovación en ciencia y tecnología. Seminario de Investigación sobre Sociedad del Conocimiento y Diversidad Cultural*, UNAM, México.
- Aliseda, A. (2017) “The Logic of Abduction: An Introduction”, in L. Magnani and T. Bertolotti, T. (eds), *Springer Handbook of Model-Based Science* (section The Logic of hypothetical reasoning, abduction and

models), edited by A. Aliseda. Springer, Switzerland. ISBN 978-3-319-30526-4 Web page: <http://www.springer.com/us/book/9783319305257>

- Aliseda, A. (2016) “Belief as Habit”, en D.E. West and Anderson M. (eds.), *Consensus on Peirce’s Concept of Habit: Before and Beyond Consciousness*. pp 143—152. SAPERE, Springer. ISBN 978-3-319-45920-2 Web page: <http://www.springer.com/us/book/9783319459189>
- Aliseda, A. y Manzano, M. (2015) “Apuntes para una historia de la lógica en Iberoamérica en el siglo XX”. En Mate, R., Guariglia, O. y Olivé, L. (eds). *Filosofía Iberoamericana del siglo XX. Filosofía Teórica e historia de la Filosofía*, volumen I, No. 33, pp. 101—170. *Enciclopedia Iberoamericana de Filosofía*. Editorial Trotta. ISBN 978-84-9879-555-4 <http://dialnet.unirioja.es/servlet/libro?codigo=573212>

En memorias:

- Miranda-Perea, F.E., Linares-Arevalo, P.S., Aliseda, A. (2015) ‘How to prove it in Natural Deduction: A Tactical Approach’ en Huertas, M.A., Marcos, J., Manzano, M., Pinchinat, S., Schwarzentruher (editors) *Proceedings of the 4th. International Conference on Tools for Teaching Logic (TTL 2015)*, pp. 157-166, Université de Rennes, Institut de Recherche en Informatique et Systèmes Aléatoires (IRISA), Francia. ISBN: Pendiente. <http://lib-arxiv-008.serverfarm.cornell.edu/pdf/1507.03678v1.pdf>

Reseñas y prólogos:

- Aliseda, A. (2017) “Prólogo” En: Ruiz, D., Cañas, M., Canela, L. *Breve manual de lógica matemática: Herramienta básica para el análisis lógico de argumentos*. Universidad Autónoma de Chiapas. México. 2017. ISBN: 987-607-8459-49-0
- Aliseda, A. (2017) Preface to Part The Logic of hypothetical reasoning, abduction and models, in L. Magnani and T. Bertolotti, T. (eds), *Springer Handbook of Model-Based Science*. Springer, Switzerland. ISBN 978-3-319-30526-4 Web page: <http://www.springer.com/us/book/9783319305257>

Luis Fernando De La Peña Auerbach

Correo electrónico luis@fisica.unam.mx

Semblanza

Ingeniero en Comunicaciones Eléctricas y Electrónica (ESIME, IPN); doctor en ciencias físico-matemáticas (Universidad Estatal Lomonósov de Moscú); Dr. H. C. UNAM. Investigador Emérito del Instituto de Física; Investigador Nacional Emérito (SNI). Profesor en la Facultad de Ciencias (UNAM) desde 1958. Su área de investigación es la física teórica, con énfasis en los fundamentos de la mecánica cuántica y en teoría de procesos estocásticos. Ha elaborado una versión avanzada de la mecánica cuántica estocástica y una teoría fundamental que explica la cuantización como un fenómeno emergente causal, determinista en su origen, local y objetivo.

Es autor o coautor de 10 libros, entre ellos *Introducción a la Mecánica Cuántica*; *Problemas y Ejercicios de Mecánica Cuántica* (con M. Villavicencio); *Einstein, Navegante Solitario*; *Cien años en la vida de la luz*; los cuatro publicados por el FCE. Además: *The Quantum Dice, an Introduction to Stochastic Electrodynamics* (con A. M. Cetto); *The Emerging Quantum. The Physics Behind Quantum Mechanics* (con A. M. Cetto y A. Valdés Hernández). Es también coeditor (con P. Hodgson de la Universidad de Oxford) del libro *The Philosophy Behind Physics* de T. Brody. Ha publicado más de 130 artículos en revistas especializadas de investigación en física y más de un centenar de ensayos y artículos diversos, particularmente sobre política científica y divulgación. Es autor de alrededor de 140 ponencias presentadas en congresos de su especialidad, en el país o el extranjero. Ha sido investigador invitado y conferencista en numerosas universidades del país y del extranjero.

Posee varios Ex: ExVice-Presidente de la Sociedad Mexicana de Física, ExVice-Presidente y ExPresidente de la Asociación Mexicana de Epistemología, ExConsejero Universitario por la Facultad de Ciencias, etc. Recibió varios otros reconocimientos como la Medalla Académica de la Sociedad Mexicana de Física, el Premio Universidad Nacional en Investigación en Ciencias Exactas, el Premio Nacional de Ciencias y Artes, en la rama de Ciencias Físicas y Naturales, la Medalla Fundacional de la Universidad de México, la Medalla al Mérito Universitario de la UNAM; el Premio Heberto Castillo del Gobierno de la CdMx, etc.

Campos

- Filosofía de la ciencia

- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la física
- Fundamentos de Teoría Cuántica

Publicaciones recientes

- Electron system correlated by the zero-point field: Physical explanation for the spin-statistics connection A. M. Cetto, L. de la Peña Journal of Physics: Conference Series (2016) 701(1)
- Proposed physical explanation for the electron spin and related antisymmetry A.M. Cetto, L. de la Peña y A. Valdés-Hernández. Quantum Studies: Mathematics and Foundations (2017) DOI 10.1007/s40509-017-0152-8
- Real vacuum fluctuations and virtual Unruh radiation A.M. Cetto y L. de la Peña Fortschritte der Physik-Progress of Physics, 65(6-8), 1600039
- An investigation into the source of stability of the electron spin projections M. Cetto and L. de la Peña arXiv:1806.01188v1, 4.06 (2018)
- The quantum particle in a box: what we can learn from classical electrodynamics L. de la Peña, A.M. Cetto, A. Valdés Hernández Eur. Phys. J. Special topics 227, 2155-2169 (2019) <https://doi.org/10.1140/epjst/e2018-800048-x>
- Strong entanglement criterion involving momentum weak values A. Valdés-Hernández, L. de la Peña, A.M. Cetto Physics Letters A 383 (2019) 838–842
- CHSH-type inequality involving commuting continuous variables A. Valdés-Hernández, A.M. Cetto, L. de la Peña Atoms (2019) 7, 246
- On the spin projection operator and the probabilistic meaning of the bipartite correlation function Cetto, A.M., Valdés-Hernández, A. , de la Peña, L. Found Phys (2020) 50:27-39, doi 10.1007/s10701-019-00313-8
- Power and beauty of the Lagrange equations L. de la Peña. A. M. Cetto, A. Valdés-Hernández Rev. Mex. Fís. E (2020) 17:1, 47-54
- Connecting two stochastic theories that lead to quantum mechanics L. de la Peña, A. M. Cetto, A. Valdés-Hernández Frontiers in Physics 8: 162, 12-05.2020, doi: 10.3389/fphy.2020.00162

María De Los Ángeles Eraña Lagos

Semblanza

Ángeles Eraña es investigadora titular B de tiempo completo del Instituto de Investigaciones Filosóficas, U.N.A.M. Doctora en Filosofía de la Ciencia por parte de la Universidad Nacional Autónoma de México. Realizó una estancia posdoctoral en el Instituto Jean Nicod de Paris, Francia. Sus intereses de investigación se centran en las siguientes áreas: epistemología (sobre todo epistemología social o colectiva), filosofía de las ciencias sociales y ontología social. Actualmente centra su investigación en la pregunta acerca de si la disyuntiva individuo/colectivo es realmente una disyuntiva o si pensarla así es resultado de un modo de ser de nuestro mundo, es decir, de la estructura social que le subyace. Como parte de sus actividades docentes, la Dra. Eraña imparte la materia de Teoría del Conocimiento en la Facultad de Filosofía y Letras, U.N.A.M. Además, ha impartido diversos seminarios tanto en la licenciatura de Filosofía como en los posgrados de Filosofía y Filosofía de la Ciencia. Actualmente es miembro del Comité de dirección de la revista *Dianoia* y miembro del Consejo Interno del IIFs. Algunos de sus artículos publicados son: “The heuristic structure of scientific knowledge”, “El conocimiento como una actividad colectiva”, “Una construcción posible de mundos”, “Una subversión en femenino”.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Ciencias cognitivas (y filosofía de la mente)

- Filosofía de las ciencias sociales
- Ontología social crítica
- Filosofía de las ciencias sociales
- Epistemología colectiva
- Ontología social crítica

Publicaciones recientes

Cova, F., Olivola, C. Y., Machery, E., Stich, S., Rose, D., Alai, M., Angelucci, A., Berniūnas, R., Buchtel, E. E., Chatterjee, A., Cheon, H., Cho, I.-R., Cohnitz, D., Dranseika, V., ERAÑA, Á., Ghadakpour, L., Grinberg, M., Hannikainen, I., Hashimoto, T., Horowitz, A., Hristova, E., Jraissati, Y., Kadreva, V., Karasawa, K., Kim, H., Kim, Y., Lee, M., Mauro, C., Mizumoto, M., Moruzzi, S., Ornelas, J., Osimani, B., Romero, C., Rosas, A., Sangoi, M., Sereni, A., Songhorian, S., Sousa, P., Struchiner, N., Tripodi, V., Usui, N., del Mercado, A. V., Volpe, G., Vosgerichian, H. A., Zhang, X. and Zhu, J. (2018).

- De pulchritudine non est disputandum? A cross-cultural investigation of the alleged intersubjective validity of aesthetic judgment. *Mind and Language*. <https://doi.org/10.1111/mila.12210> ISSN: 1468-0017 (en línea) ERAÑA, Ángeles (2018).
- Una subversion en femenino. *Essays in Philosophy* 19(1). <https://doi.org/10.7710/1526-0569.1600> ISSN: 1526-0569 (impreso).
- Rose, D., Machery, E., Stich, S., Alai, M., Angelucci, A., Berniūnas, R., Buchtel, E. E., Chatterjee, A., Cheon, H., Cho, I.-R., Cohnitz, D., Cova, F., Dranseika, V., ERAÑA Lagos, Á., Ghadakpour, L., Grinberg, M., Hannikainen, I., Hashimoto, T., Horowitz, A., Hristova, E., Jraissati, Y., Kadreva, V., Karasawa, K., Kim, H., Kim, Y., Lee, M., Mauro, C., Mizumoto, M., Moruzzi, S., Olivola, C. Y., Ornelas, J., Osimani, B., Romero, C., Rosas, A., Sangoi, M., Sereni, A., Songhorian, S., Sousa, P., Struchiner, N., Tripodi, V., Usui, N., del Mercado, A. V., Volpe, G., Vosgerichian, H. A., Zhang, X. and Zhu, J. (2017). Nothing at Stake in Knowledge. *Nous* 51(4), 1-24. doi: 10.1111/nous.12211. ISSN: 1468-0068 (en línea)
- Rose, D., Machery, E., Stich, S., Alai, M., Angelucci, A., Berniūnas, R., Buchtel, E. E., Chatterjee, A., Cheon, H., Cho, I.-R., Cohnitz, D., Cova, F., Dranseika, V., ERAÑA Lagos, Á., Ghadakpour, L., Grinberg, M., Hannikainen, I., Hashimoto, T., Horowitz, A., Hristova, E., Jraissati, Y., Kadreva, V., Karasawa, K., Kim, H., Kim, Y., Lee, M., Mauro, C., Mizumoto, M., Moruzzi, S., Olivola, C. Y., Ornelas, J., Osimani, B., Romero, C., Rosas, A., Sangoi, M., Sereni, A., Songhorian, S., Sousa, P., Struchiner, N., Tripodi, V., Usui, N., del Mercado, A. V., Volpe, G., Vosgerichian, H. A., Zhang, X. and Zhu, J. (2017). Behavioral Circumscription and the Folk Psychology of Belief: A Study in Ethno-Mentalizing. *Thought* 6(3), 71-86. doi:10.1002/tht3.248. ISSN: 2161-2234.
- Machery, E., Stich, S., Rose, D., Alai, M., Angelucci, A., Berniūnas, R., Buchtel, E. E., Chatterjee, A., Cheon, H., Cho, I.-R., Cohnitz, D., Cova, F., Dranseika, V., ERAÑA Lagos, Á., Ghadakpour, L., Grinberg, M., Hannikainen, I., Hashimoto, T., Horowitz, A., Hristova, E., Jraissati, Y., Kadreva, V., Karasawa, K., Kim, H., Kim, Y., Lee, M., Mauro, C., Mizumoto, M., Moruzzi, S., Olivola, C. Y., Ornelas, J., Osimani, B., Romero, C., Rosas, A., Sangoi, M., Sereni, A., Songhorian, S., Sousa, P., Struchiner, N., Tripodi, V., Usui, N., del Mercado, A. V., Volpe, G., Vosgerichian, H. A., Zhang, X. and Zhu, J. (2017). The Gettier Intuition from South America to Asia. *Journal of Indian Council of Philosophical Research* 34 (3), 1-25. doi: 10.1007/s40961-017-0113-y. ISSN: 0970-7794 (impreso) 2363-9962 (en línea).
- ERAÑA, Ángeles (2016). Las mujeres Zapatistas y su lucha por un mundo parejo. *Reflexiones marginales* 36, <http://reflexionesmarginales.com/3.0/>. ISSN: 2007-8501. ERAÑA, Ángeles (2016). “Nosotros” somos un sujeto epistémico. *Revista Cubana de Filosofía* 29, edición digital en <http://revista.filosofia.cu>. ISSN: 1817-0137.
- ERAÑA, Ángeles y BARCELÓ, Aspeitia Axel Arturo (2016). El conocimiento como una actividad colectiva. *Tópicos* 51, 1-28. ISSN: 0188-6649.
- ERAÑA, Ángeles (2016). Una construcción posible de mundos. *Herramienta Web* 18(1), <http://www.herramienta.com.ar/revista-web/herramienta-web-18>. ISSN: 1852-4729.

- Capítulos en Libros1. ERAÑA, Ángeles (2018). De la racionalidad al conocimiento colectivo, en J.M. García Hernández, F. Juárez Hernández y R.C. Soto Hassey (coords.) *El debate pendiente. Epistemología y pedagogía*. Universidad Pedagógica de México, México, pp. 235-254. ISBN: 978-607-413-279-3.
- ERAÑA, Ángeles (2017). Luis Villoro. La filosofía como acto político, en P. Stepanenko (comp.), *Luis Villoro: Conocimiento y emancipación. Homenaje póstumo del Instituto de Investigaciones Filosóficas, UNAM*. Instituto de Investigaciones Filosóficas, UNAM, México, pp. 287-302. ISBN: 978-607-02-9371-9.
- ERAÑA, Ángeles y STANTON, Rob (2014). La psicología de la justificación, en P. King, J. González y E. González de Luna (comps.), *Ciencias cognitivas y filosofía: entre la cooperación y la integración*. U.A.Q. y Porrúa, México, pp. 181-199. ISBN: 978-607-513-092-7.
- ERAÑA, Ángeles y ROJAS, Pablo (2015). *Más allá de Ayotzinapa. A través del espejo 1*(1), pp. 31-55.
- ERAÑA, Ángeles (2014). *Los que fuimos y los que queremos ser: la “señora sociedad civil” en sus 20 años. Desinformémonos. Periodismo de abajo*. <http://desinformemonos.org>

María De La Cruz Galvan Salgado

Campos

- Filosofía de la ciencia

Claudia Lorena García Aguilar

Semblanza Doctora en Filosofía por la Universidad del Sur de California

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Filosofía de la ciencia
- Teoría del conocimiento

Vivette García Deister

Semblanza

Vivette García Deister es bióloga, maestra y doctora en Filosofía de la Ciencia por la UNAM. Ha realizado estancias de investigación en el Departamento de Filosofía de la Universidad de California en Davis y en el Instituto Max Planck de Historia de la Ciencia de Berlín, Alemania. Fue investigadora asociada al departamento de Antropología Social en la Universidad de Manchester, Inglaterra, entre 2010 y 2013. Desde 2014 es Profesora Asociada de Tiempo Completo en el Laboratorio de Estudios de la Ciencia y la Tecnología de la Facultad de Ciencias de la UNAM. Su investigación abarca modelos de regulación genética, temas de raza, genómica y mestizaje en América Latina, y los estudios sociales de la genética forense.

Es autora de 1 libro, 18 artículos de investigación con arbitraje internacional, 16 capítulos de libro y 11 textos de divulgación. Imparte cursos a nivel licenciatura y posgrado. Ha dirigido los proyectos de investigación “Poblaciones de Cognición: historias interconectadas de ciencia en América Latina” (PAPIIT 2015-2017) y “Migrant DNA: the science of disappearance and death across the Mexican borderlands” (Fundación Wenner Gren 2015-2017).

Pertenece al SNI, Nivel 1 desde 2013; es miembro del comité académico del Posgrado en Filosofía de la Ciencia y forma parte de la Red de Investigación Interdisciplinaria sobre Identidades, Racismo y Xenofobia en América Latina (red INTEGRA) así como de la Red Temática en Ciencias Forenses.

Campos

- Estudios filosóficos y sociales sobre ciencia y tecnología
- Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Raza, genómica y mestizaje en México
- Genética forense
- Biovigilancia
- Biobancos de uso biomédico y forense en México

Publicaciones recientes

Publicaciones (artículos en revistas de arbitraje internacional):

- 2018 Knuuttila, T., & García Deister, V., Modelling gene regulation: (De)compositional and template-based strategies, *Studies in History and Philosophy of Science* (2017), <https://doi.org/10.1016/j.shpsa.2017.11.002>
- 2017 A. Nieves-Delgado, Vivette García-Deister y C. López-Beltrán. “¿De qué me ves cara?: narrativas de herencia, genética e identidad inscritas en la apariencia”. *Revista de Antropología Iberoamericana* 12:3: 313-337. doi: 10.11156/aibr.120303
- 2017 E. Suárez-Díaz, Vivette García-Deister y E. Vasquez. “Populations of Cognition: Practices of Inquiry into Human Populations in Latin America”. *Perspectives on Science* 25:5: 551-563. doi: 10.1162/POSC_a_00256
- 2017 L. Smith y Vivette García-Deister. “Capturing Los Migrantes Desaparecidos: Crisis, Unknowability, and the Making of the Missing”. *Perspectives on Science* 25:5: 680-697. doi: 10.1162/POSC_a_00259
- 2017 V. H. Anaya-Muñoz, Vivette García-Deister y E. Suárez-Díaz. “Flattening and unpacking human genetic variation in Mexico, postwar to the present”. *Science in Context* 30(1): 89-112. doi: 10.1017/S0269889717000047
- 2017 Vivette García-Deister. “Second Look: El Leviathan y la bomba de vacío, an enduring epistemological intervention”. *Isis* 108(1): 136-139. doi: 10.1086/691417
- 2016 E. Suárez-Díaz, Vivette García Deister y E. Vasquez, “Populations of Cognition: Interconnected Histories of Human Variation in Latin America”. *History of Anthropology Newsletter* 40 (2016): <http://histanthro.org/populations-of-cognition/>
- 2015 Vivette García-Deister y C. López-Beltrán, “País de Gordos/País de Muertos: obesity, death, and nation in biomedical and forensic genetics in Mexico”. *Social Studies of Science* 45(6): 797-815. doi: 10.1177/0306312715608449
- 2015 M. Kent, Vivette García-Deister, C. López-Beltrán, et al. “Building the genomic nation: ‘Homo Brasilis’ and the ‘Genoma Mexicano’ in comparative cultural perspective”. *Social Studies of Science* 45(6): 839-861. doi: 10.1177/0306312715610217
- 2015 E. Suárez-Díaz y Vivette García-Deister. “That 70s Show: Evolution and Development Beyond Molecular Genetics”. *History and Philosophy of the Life Sciences* 36(4): 503-524. doi: 10.1007/s40656-014-0051-9
- 2014 P. Wade, Vivette García Deister, M. Kent y M. F. Olarte Sierra. “Nation and the Absent Presence of Race in Latin American Genomics”. *Current Anthropology* 55(5): 497-522.

Publicaciones (capítulos de libros):

- En prensa Vivette García-Deister. “Los rostros del DNA. Arte, civismo y justicia en torno a una nueva tecnología forense”. En R. Noguera et al. (eds.), *Bioética para el siglo XXI*. UNAM.
- 2018 Vivette García-Deister. “In sickness and in myth: genetic avatars of indigenous alterity and the Mexican nation” (cap. 11). En P. López-Caballero y A. Acevedo-Rodrigo (eds.), *Beyond Alterity. Producing Indigeneity in Modern Mexico*. Tucson, Arizona: Arizona University Press. Pp. 263-283. ISBN: 978-0-8165-3546-0
- 2017 Vivette García-Deister. “La vida en el laboratorio del mestizo mexicano”. En P. Wade, C. López-Beltrán, E. Restrepo y R. Ventura (eds.), *Genómica mestiza. Raza, nación y ciencia en Latinoamérica*. México: Fondo de Cultura Económica. Pp. 255-285. ISBN 978-607-16-5071-9.
- 2017 C. López-Beltrán, Vivette García-Deister y M. Rios Sandoval. “El mestizo en disputa: la posibilidad de una genómica nacional en México”. En P. Wade, C. López-Beltrán, E. Restrepo y R. Ventura (eds.), *Genómica*

mestiza. Raza, nación y ciencia en Latinoamérica. México: Fondo de Cultura Económica. Pp. 146-183. ISBN 978-607-16-5071-9

- 2017 P. Wade, Vivette García-Deister, M. Kent y M. F. Olarte Sierra. “Prácticas de laboratorio y categorías sociales en Brasil, Colombia y México: una perspectiva comparativa”. En P. Wade, C. López-Beltrán, E. Restrepo y R. Ventura (eds.), *Genómica mestiza. Raza, nación y ciencia en Latinoamérica*. México: Fondo de Cultura Económica. Pp. 286-325. ISBN 978-607-16-5071-9.
- 2017 Vivette García-Deister y C. López-Beltrán. “ADN en un país de muertos. La genética forense como medio y remedio”. En M. Palacios y M. Quijano (eds.), *Violencia y discurso*. México: UNAM. Pp. 157-181.
- 2016 Vivette García-Deister y L. Smith. “Ensamblajes de la ciencia forense en América Latina”. En G. Mateos y E. Suárez-Díaz (eds.), *Aproximaciones a lo local y lo global: América Latina en la historia de la ciencia contemporánea*. Colección Eslabones en la Ciencia. México: Centro de Estudios Filosóficos, Políticos y Sociales Vicente Lombardo Toledano. Pp. 269-300.
- 2015 Vivette García-Deister y M. Montoya, “A novel Argan”. En Claudia Arozqueta y Rodrigo Azaola (curadores), *Future Mirrors. Modelab*. Pp. 9-10. ISBN: 978-0-9941220-1-8. https://www.academia.edu/14995245/A_Novel_Argan.
- 2014 “Laboratory life of the Mexican mestizo”. En P. Wade, C. López-Beltrán, E. Restrepo y R. Ventura (eds.), *Mestizo Genomics: race mixture, nation and science in Latin America*. Durham, Carolina del Norte: Duke University Press. Pp. 161-182.
- 2014 C. López-Beltrán, Vivette García-Deister y M. Rios. “Negotiating the Mexican mestizo; on the possibility of a national genomics”. En P. Wade, C. López-Beltrán, E. Restrepo y R. Ventura (eds.), *Mestizo Genomics: race mixture, nation and science in Latin America*. Durham, Carolina del Norte: Duke University Press. Pp. 85-107.
- 2014 P. Wade, Vivette García-Deister, M. Kent y M. F. Olarte Sierra. “Social categories and laboratory practices in Brazil, Colombia and Mexico: a comparative overview”. En P. Wade, C. López-Beltrán, E. Restrepo y R. Ventura (eds.), *Mestizo Genomics: race mixture, nation and science in Latin America*. Durham, Carolina del Norte: Duke University Press. Pp. 183-210.

Publicaciones (difusión/divulgación):

- 2016 “De caras, genes, chicles y justicia” <http://www.animalpolitico.com/blogueros-una-vida-examinada-reflexiones-bioeticas/2016/03/09/de-caras-genes-chicles-y-justicia/>
- 2016 “Usos políticos de una base nacional de datos genéticos” <http://www.animalpolitico.com/blogueros-una-vida-examinada-reflexiones-bioeticas/2016/04/06/ usos-politicos-de-una-base-nacional-de-datos-geneticos/>
- 2016 C. J. Sánchez Juárez y Vivette García-Deister, “De aves que migran y lombrices que excavan: causas y efectos en biología”, *Elementos* 103(23): 13-18. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.
- 2015 “Bio-ethnography, a view from philosophy”, en *Somatosphere*, blog de ciencia, antropología y medicina, 12 de marzo de 2015, <http://somatosphere.net/2015/03/bio-ethnography-a-view-from-philosophy.html>

Melina Gastelum Vargas

Semblanza

Melina Gastelum es física y tiene una maestría y un doctorado en filosofía de las ciencias cognitivas. Es profesora-investigadora de tiempo completo en la Facultad de Filosofía y Letras de la UNAM en México, donde estudia la percepción dentro de la ciencia cognitiva corporizada radical, en particular las afordancias y la experiencia temporal, el aprendizaje y la afectividad dentro del enactivismo y las teorías de la psicología ecológica. Además, ha publicado sobre la hermenéutica enactiva del espacio y el tiempo y la fenomenología, así como las afordancias y la ciencia, la tecnología y la cultura material en entornos multiculturales.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Juan González González

Semblanza Profesor-investigador de tiempo completo en Filosofía y Ciencias Cognitivas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEMor), de 1999 a la fecha. Titular 'B', con definitividad. Perteneció al Sistema Nacional de Investigadores, nivel II. Co-fundador de la Facultad de Humanidades, del Departamento de Filosofía, del Posgrado en Filosofía Contemporánea, del Posgrado en Ciencias Cognitivas y del Centro de Investigación en Ciencias Cognitivas (CINCCO) de la UAEM.

Es Doctor en Ciencias Cognitivas y Filosofía, por la École Polytechnique, Francia, 1998, con la tesis doctoral "La constitución del espacio visual: investigación epistemológica en torno a un sistema de sustitución sensorial" fue realizada bajo la dirección de los Dres. Francisco Varela y Jean Petitot. Tiene una Maestría en Filosofía, por la Universidad de París I, La Sorbonne, 1993, bajo la dirección del Dr. Jacques Bouveresse.

Sus áreas de competencia son la Epistemología, las Ciencias Cognitivas, la Filosofía de la Mente y de la Percepción. Su acercamiento a la Cognición es tripartita: a través de la investigación empírica, el análisis conceptual y la fenomenología. Ha impartido cursos y conferencias en varios países de América y Europa. Responsable de varios proyectos de investigación, de coloquios y simposios diversos. Imparte cursos y dirección de tesis a nivel licenciatura, maestría y doctorado. Dictaminador y miembro del Consejo Editorial de publicaciones internacionales, del CONACyT así como de Sociedades Académicas diversas.

Campos

- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Filosofía de la Mente
- Teoría de la Percepción
- Cognición y Conciencia; Estados modificados de conciencia y Alucinaciones
- Categorización; Epistemología prostética.

Publicaciones recientes

- En prensa. González, J.C. Ontología de las affordances. In Heras, M., Lobo, L. & Vega, J., Affordances y ciencia cognitiva. Introducción, teoría y aplicaciones. En prensa. Ed. ¿?. España.
- En prensa. Cima, G. & González, J.C. En defensa del concepto de 'actuación estética' como una actuación teatral verosímil. In Cardona, P., Velasco, F. & Rosanía, N., Estética y Cognición. Colección 'Estéticas Contemporáneas'. Ed. Universidad Pontificia. Colombia.
- En prensa. González, J.C. ¿'Alucinógeno' o 'Lucidógeno'? el debate está abierto. In López, E. & Maldonado, G. ¿?. ConCienciaEPG. Perú.
- En prensa. González, J.C. Lenguaje y percepción en la matriz cognitiva: introduciendo el concepto side-top-down. In Pflieger, S. Somos en el lenguaje y a través de él. Lenguaje como sistema complejo en el estudio de fenómenos sociales. Ed. UNAM
- 2017. González, J.C. La déréalisation pharmacogénique en tant qu'EMC paradigmatique. ISSN:0984-0028, Intellectica, Vol.67, Pags. 81-97.
- 2017. Dumas, G., Fortier, M. & González, J.C. Les enjeux des états modifiés de la conscience et de la cognition : limites passées et émergence de nouveaux paradigmes. ISSN:0984-0028, Intellectica, Vol.67, Pags. 7-26
- 2017. Rosales, A., González, J. C. & Díaz, J. L. Las medidas de los sueños. In Rosales, A., Jiménez, A., Mueller, M. & Díaz, J.L. La naturaleza de los sueños. Cerebro, mente y cultura. ISBN: 978-607-7727-53-8 HERDER, Vol. ÚNICO, Pags. 544-. México.
- 2017. González, J.C. La conciencia fenoménica en la percepción y los sueños. In Rosales, A., Jiménez, A., Mueller, M. & Díaz, J.L. La naturaleza de los sueños. Cerebro, mente y cultura. ISBN: 978-84-254-3650-5. HERDER, Vol. ÚNICO. Págs. México.
- 2016. González, J.C. Blurring the Differences between the Dream, Perceptual and Hallucinatory Experience is not the Answer. ISSN: 1782-348X, Constructivist Foundations, Vol.11, Pags.417-419.

- 2016. González, J.C. & Ojeda, R. I. Francisco Varela y el desarrollo de las Ciencias Cognitivas en América Latina. ISSN: 0718-6568. Polis, Vol.44, Págs
- 2016. González, J.C. La naturaleza del campo visual. In Hernández, P., García, J. & Romo, M. Cognición: Estudios multidisciplinarios. ISBN: 978-607-466-084-5, CEFPSVLT, Vol. ÚNICO, Págs. 341-. México.
- 2016. González, J.C. Merleau-Ponty: la percepción y las alucinaciones perfectas. In Catoggio, L. & Parente, D. Merleau-Ponty: corporalidad, política y otros problemas contemporáneos. ISBN 978-987-544-706-6., Universidad Nacional de Mar de Plata, Vol. ÚNICO, Págs. 60-. Argentina.
- 2014. Gallagher, S. & González, J.C. Time, Altered States of Consciousness, and Science. ISSN: 2159-063X. Cosmology, Vol.18, Págs. 246-262.
- 2014. González, J.C. Buscando justicia para VER. In King, P., González, J. C. & González de L., E. Ciencias Cognitivas y Filosofía: entre la cooperación y la integración. ISBN: 978-607-401-803-5. UAQ/MAPORRÚA, Vol. ÚNICO, Págs. 288-. México
- 2014. González, J.C. Traditional Shamanism as Embodied Expertise on Sense and Non-Sense. In Cappuccio, M. & Froese, T. Enactive Cognition at the Edge of Sense-Making. Making Sense of Non-Sense. ISBN: 978-1-137-36335-0 Palgrave Macmillan, Vol. ÚNICO, Págs. 317-. USA.
- 2014. Gallagher, S. & González, J.C. Time, Altered States of Consciousness, and Science. In Chopra, D. & Kafatos, M. The Time Machine of Consciousness - Quantum Physics of Mind: Time Travel, Cosmology, Relativity, Neuroscience. ISBN: 978-1-938-02426-9. Cosmology Science Publishers, Vol. ÚNICO, Págs. USA.
- 2014. King, P., González de L., E. & González, J.C. Introducción. In King, P., González de L., E. & González, J.C. Ciencias Cognitivas y Filosofía: entre la cooperación y la integración. ISBN: 978-607-401-803-5. Ed. UAQ/MAPORRÚA, Vol. ÚNICO, Págs. -. México.

Rasmus Winther Gronfeldt

Semblanza

Doctor en Filosofía por la Universidad de Indiana

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Líneas de investigación
- Filosofía de la biología

Siobhan Fenella Guerrero Mc Manus

Semblanza

Estudió biología en la Facultad de Ciencias de la UNAM y es maestra y doctora en Filosofía de la Ciencia también por la UNAM. Actualmente es Investigadora en el Centro de Investigaciones Interdisciplinarias en Ciencias y Humanidades (CEIICH-UNAM). Asimismo, es cofundadora del Laboratorio Nacional Diversidades (UNAM, CONACyT, CONAPRED, FLACSO, CIDE), parte del Consejo Consultivo Honorario de la Rectoría General de la UAM, integrante del Comité editorial de la revista "Debate Feminista" y de la Asamblea General del Instituto de Liderazgo Simone de Beauvoir. Es Nivel I del Sistema Nacional de Investigadores.

Campos

Estudios filosóficos y sociales sobre ciencia y tecnología

Líneas de investigación

- Filosofía de la biología
- Estudios de ciencia y género, feminismos
- Epistemología Feminista y sus intersecciones con la epistemología del testimonio.

- Explicaciones biológicas de la diversidad sexual.
- Intersecciones críticas entre la filosofía ambiental y la ecología crítica.

Publicaciones recientes

- Mc Manus, Siobhan (2018); “Biological Explanations and Their Limits: Paleoanthropology Among the Sciences” en Jeffrey Schwartz (ed.), *Rethinking Human Evolution*. The MIT Press: The Vienna Series of Theoretical Biology, pp. 31-52
- Guerrero Mc Manus, Siobhan y Leah Muñoz Contreras (2018); “Ontopolíticas del Cuerpo Trans: Controversia, Historia e Identidad” en Lucía Raphael De la Madrid y Antonio Gómez Cíntora (coordinadores), *Diálogos diversos para más mundos posibles*. UNAM-IIJ, pp. 71-94.
- Guerrero Mc Manus, Siobhan (2018); ““Let boys be boys and girls be girls”. Una lectura crítica del concepto de “Ideología de Género” desde la Epistemología Feminista” en María Celeste Bianciotti, María Nohemí González Martínez y Dhayana Carolina Fernández Matos (compiladoras), *En todos los colores. Cartografías del Género y las sexualidades en América Latina*. Ediciones Universidad Simón Bolívar, pp. 35-56.
- Guerrero Mc Manus, Siobhan F. (2017); “Populations of Misre/Cognition” en *Perspectives on Science* : 712-717. DOI: 10.1162/POSC_a_00262 http://dx.doi.org/10.1162/POSC_a_00262
- Guerrero Mc Manus, Siobhan (2018); “Naturalezas, culturas y arquitecturas disciplinarias: La infrapolítica de un debate (necesariamente) interminable” en *Metatheoria* 8(2): 77-85.
- Guerrero Mc Manus, Siobhan y Leah Muñoz Contreras (2018); “Epistemologías transfeministas e identidad de género en la infancia: del esencialismo al sujeto del saber” en *Revista Interdisciplinaria de Estudios de Género de El Colegio de México*, 4, 14 de mayo de 2018, e168, <http://dx.doi.org/10.24201/eg.v4i0.168>

Godfrey Guillaumin Juárez

Página personal www.godfreyguillaumin.com

Correo electrónico guillaumin.godfrey@gmail.com

Semblanza

Actualmente es profesor-investigador en el Departamento de Filosofía de la Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Investigador Nacional nivel 2. Obtuvo su doctorado en filosofía en 1997 (en el área de historia y filosofía de la ciencia) en la UNAM. Realizó una estancia postdoctoral en el Center for Philosophy of Science, de la Universidad de Pittsburgh en 2001.M

Campos

- Historia de la ciencia
- Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Historia y filosofía del concepto de evidencia científica
- Epistemología y cognición de prácticas de medición científica (especialmente en la historia de la astronomía, siglos XVII – XIX).
- Epistemología pragmatista del desarrollo de prácticas de medición
- Teoría, práctica e historia de prácticas de investigación

Publicaciones recientes

- Guillaumin & Martínez. 2005. *Historia, Filosofía y enseñanza de la ciencia*. México: UNAM.
- Guillaumin, G. 2005. *El surgimiento de la noción de evidencia*. México: UNAM
- Guillaumin, G. 2009. *Raíces metodológicas de la teoría de la evolución de Charles Darwin*. México: Anthropos.

- Guillaumin, G. 2012. Historia y estructura de La estructura. México: Universidad Autónoma Metropolitana.
- Guillaumin, G. 2016. Génesis de la Medición Celeste. Una historia cognitiva del crecimiento de la medición celeste. México: UAM/Tirant Humanidades.
- Entre sus artículos recientemente publicados está; “Scientific Measurement as Cognitive Integration: The Role of Cognitive Integration in the Growth of Scientific
- Knowledge” en Nicola Mössner y Alfred Nordman (eds.). Reasoning in Measurement. Londres: Routledge, 2017.

Nydyá Lara Zavala

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología

Jorge Enrique Linares Salgado

Semblanza Estudió la licenciatura, la maestría y el doctorado en Filosofía en la de la UNAM (FFyL). Obtuvo el doctorado en filosofía en 2004. Es miembro del Sistema Nacional de Investigadores CONACyT, en el Nivel 3, 2019-2023. Ingresó a la planta académica de la FFyL en 1996; actualmente es profesor titular “B” de T.C. Está adscrito al Colegio de Filosofía de la Facultad. Sus **Líneas de investigación** y docencia son: ética y bioética, filosofía de la tecnología, ética de la ciencia y la tecnología.

En 2021 cumplirá 25 años de servicios docentes en la UNAM. Es profesor de la Licenciatura en Filosofía e imparte actualmente las asignaturas obligatorias Ética 1 y Ética 2, y desde hace 17 años las ha impartido. También se desempeña como profesor en diversos cursos o seminarios, así como tutor de tres posgrados en los que es entidad participante la FFyL: Posgrado en Ciencias Médicas, Odontológicas y de la Salud (campo de estudios en bioética) desde 2003; Posgrado en Filosofía de la Ciencia y Posgrado en Filosofía, desde 2006 y 2005, respectivamente. Asimismo, de 2009 a 2019 fue profesor visitante y tutor en el Máster Interuniversitario en Filosofía, Ciencia y Valores, que coorganizaron por convenio institucional la Universidad del País Vasco y el Posgrado de Filosofía de la Ciencia de la UNAM en el campus de la UPV en San Sebastián, España.

Representó a los tutores de la FFyL en los Comités Académicos del Posgrado en Filosofía, del Posgrado en Filosofía de la Ciencia, del Posgrado en Ciencias Médicas, Odontológicas de la Salud. Fue vocal externo de la Comisión de Ética de Investigación de la Facultad de Medicina.

Asimismo, ha colaborado en la Comisión de Ética de la Coordinación de Posgrado de la UNAM (de la que fue presidente); en el grupo de trabajo, coordinado por la Abogacía General de la UNAM, que elaboró y propuso ante el H. Consejo Universitario el Código de Ética de nuestra Universidad, aprobado en julio de 2015. Fue Coordinador del Posgrado en Filosofía de la Ciencia, de 2009 a 2012, fundador y director del Programa Universitario de Bioética, de 2012 a 2017 y director de la FFyL de la UNAM, de marzo de 2017 a marzo de 2021.

Entre sus publicaciones destacan los **Libros**: Adiós a la naturaleza. La revolución bioartefactual publicado por Plaza y Valdés, Madrid, 2019; Ética y mundo tecnológico, UNAM / FCE, 2008; o bien los libros como coordinador: Flores, Leticia y Jorge E. Linares, Los filósofos ante los animales, Almadía/UNAM, con tres volúmenes de 2018 a 2020; González, Juliana y Linares, Jorge E., Diálogos de bioética. Nuevos saberes y valores de la vida. FCE/UNAM, 2013.

Ha presentado comunicaciones en más de 130 reuniones, congresos y coloquios académicos en México y en otros países como España, Argentina, Alemania o Reino Unido. Ha impartido 96 conferencias por invitación dentro y fuera de la UNAM, en foros de instituciones como la Comisión Nacional de Bioética, la Academia Mexicana de las Ciencias, la Cámara de Diputados, la Asamblea Legislativa de la Ciudad de México o el Senado de la República.

En cuanto a las labores de investigación, ha colaborado en el Programa Universitario de Bioética en grupos de investigación sobre temas como biotecnologías, decisiones al final de la vida o interrupción voluntaria del embarazo. Participó en un proyecto sobre ética ambiental entre la Coordinación de Humanidades y el Instituto de Filosofía del CSIC de España. Actualmente es responsable del Proyecto PAPIIT conjunto “Estudios de Ciencia, Tecnología y Sociedad para el análisis de riesgos” (2020-2022), entre la FFyL y la FCPyS. Ha sido también responsable o corresponsable de diversos proyectos PAPIIT y PAPIME en la FFyL desde 2007 ininterrumpidamente.

En 2008 recibió la Distinción Universidad Nacional para Jóvenes Académicos (DUNJA) de la UNAM en el área de investigación en humanidades. En 2007, el Premio Nacional de Filosofía de la Asociación Filosófica de México por su tesis doctoral. En 2005, el Premio de la Academia Mexicana de Ciencias por la mejor tesis doctoral en humanidades y ciencias sociales. En 2004, el Premio Norman Sverdlin a la mejor tesis de doctorado en filosofía de la de la UNAM.

Desde 2018 es miembro del Consejo Consultivo de la Comisión Nacional de Bioética del Gobierno Federal de México. Pertenecer a asociaciones académicas nacionales e internacionales de prestigio: Academia Mexicana de Ciencias (2011), International Association of Bioethics (2012), Asociación Filosófica de México A.C. (1999) y Colegio de Bioética A.C. de México (2017).

Campos

- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Bioética
- Ética de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la tecnología

Jorge Enrique Llorente Bousquets

Correo electrónico enantia@prodigy.net.mx

Semblanza

Profesor Emérito de la UNAM e Investigador Nacional Emérito del SNI. Obtuvo su Licenciatura (1980), Maestría (1983) y Doctorado (1996) en la , UNAM (FC). Ha recibido las dos máximas preseas de la UNAM, en 1989 la Distinción Universidad Nacional para Jóvenes Académicos y en 2003 el Premio Universidad Nacional (ambos en Docencia en Ciencias Naturales).

Ha dirigido 23 tesis de licenciatura y 34 de posgrado e impartido 150 cursos semestrales. Las asignaturas que dicta en la licenciatura son: Sistemática 1, Biogeografía 1 y Filosofía e Historia de la Biología, además de algunas del Posgrado sobre los mismos tópicos. Sus publicaciones suman 435: 206 artículos, 67 libros, 152 capítulos y 10 CD's. Han recibido cerca de 6500 citas de otros autores. Fue fundador del Museo de Zoología de la FC (1978), cuyos acervos de colecciones son de los más importantes en Iberoamérica. Y miembro fundador y Director de Análisis y Prioridades de CONABIO (1992-1997). Ha sido director de más de 50 proyectos de investigación nacionales e internacionales con financiamiento externo. Ha participado en más de 150 reuniones académicas, la mayoría internacionales; y efectuado numerosas estancias de investigación en instituciones de América y Europa. Ha fungido como árbitro en casi 30 revistas científicas y miembro del cuerpo editorial en varias. También es miembro de 10 sociedades científicas, en dos de ellas, miembro fundador. Coordinador Internacional de la Red Iberoamericana de Biogeografía y Entomología Sistemática (RIBES). (2002-2006). En la actualidad trabaja simultáneamente a nivel de sistemas, en comunidades y biotas para sus trabajos de distribución geográfica, así como en aspectos de biología orgánica en el desarrollo de sus investigaciones taxonómicas en mariposas neotropicales y de Pieridae a nivel mundial.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Biología Evolutiva
- Entomología
- Biogeografía
- Taxonomía
- Biología Comparada

- Lepidopterología de Mesoamérica
- Estudios Coriónicos en Lepidoptera

Publicaciones recientes

- Luis-Martínez, A., B. Hernández-Mejía, M. Trujano-Ortega, A. Warren, J. Salinas-Gutiérrez, O. Ávalos-Hernández, I. Vargas-Fernández & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2016. Avances Faunísticos en los Papilionoidea (Lepidoptera) sensu lato de Oaxaca, México *Southwestern Entomologist* 41(1): 171-224. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.041.0119>
- Murillo-Ramos, L., B. Hernández-Mejía & J. Llorente-Bousquets (Corresponding author). 2016. The phylogenetic position of *Aphrissa* (Lepidoptera: Pieridae: Coliadinae) within its relatives the ancient American *Catopsilias*. *Zootaxa*, 4147 (5): 538-550. ISSN 1175-5326, FI=0.97 <http://doi.org/10.11646/zootaxa.4147.5.2>
- Nieves-Urbe, S., J. Castro-Gerardino, A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2016a. Corion en los géneros *Anteos* y *Rhabdodryas*: su significado e implicaciones. *Southwestern Entomologist*, 41(2): 485-504. ISSN 2162-2647, FI=0.5 <https://doi.org/10.3958/059.041.0218>
- Nieves-Urbe, S., A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2016b. Morfología coriónica de once especies de Biblidinae de México y Colombia: un examen de predicciones. *Southwestern Entomologist*, 41(2): 505-532. ISSN 2162-2647, FI=0.5 <https://doi.org/10.3958/059.041.0219>
- Nieves-Urbe, S., J. Castro-Gerardino, A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2016c. Microrretícula coriónica en los géneros *Nathalis* Boisduval y *Kricogonia* Reakirt: Implicaciones taxonómicas y tendencias evolutivas. *Southwestern Entomologist*, 41(3): 715-733. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.041.0314>
- Jasso-Martínez, J. M., A. N. Castañeda-Sortibrán, C. Pozo, R. García-Sandoval, B. R. Prado, A. Luis-Martínez, J. Llorente-Bousquets & R. Rodríguez-Arnaiz. 2016. The *Enantia jethys* Complex: Insights from COI confirm the species complex and reveal a new potential cryptic species. *Southwestern Entomologist*, 41(4): 1005-1020. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.041.0401>
- Nieves-Urbe, S., J. Castro-Gerardino, A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2016d. Estudio del corion de tres especies del Género *Colias* Fabricius, 1807 y *Zerene cesonia* cesonia (Stoll, 1790) (Lepidoptera: Pieridae). *Southwestern Entomologist*, 41(4): 1121-1141. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.041.0411>
- Llorente-Bousquets, J. (Autor de la correspondencia), D. J. Castro-Gerardino & J. F. Le Crom. 2016. Estudio del género *Moschoneura* Butler, 1870 y una nueva subespecie de *Moschoneura* *ela* (Lepidoptera: Pieridae, Dismorphiinae). *Southwestern Entomologist*, 41(4): 1143-1159. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.041.0412>
- Luis-Martínez, A., A. Arellano-Covarrubias & J. Llorente-Bousquets (Corresponding Author). 2017. Papilionoidea (Insecta: Lepidoptera) type specimens at the Museo de Zoología “Alfonso L. Herrera” from Universidad Nacional Autónoma de México. *Zootaxa*, 4232(2): 151-172. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4232.2.1>
- Nieves-Urbe, S., A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2017. Corion de *Ectima thecla thecla* (Fabricius, 1796) y su comparación con el género *Hamadryas*. *Southwestern Entomologist*, 42(3): 851-864. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.042.0324>
- Nieves-Urbe, S., A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2017. Corion de *Orophila cardases campaspe* (Hewitson, 1869) y caracterización coriónica de la subtribu *Callicorina*. *Southwestern Entomologist*, 42(3): 865-877. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.042.0325>
- García-Jiménez, J., A. Luis-Martínez, I. García-Morales & J. Llorente-Bousquets. 2017. Una nueva subespecie de *Prepona brooksiana* Godman & Salvin, 1889. *Southwestern Entomologist*, 42(3): 879-888. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.042.0326>
- Castro-Gerardino, D. J. & J. Llorente-Bousquets (Corresponding Author). 2017. Comparative exploration of antennae in *Pseudopontia*, and antennal clubs of the tribes *Leptideini* and *Dismorphiini* (Lepidoptera: Pieridae). *Zootaxa*, 4347(3): 401-445. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4347.3.1>

- McCulloch, K. J., F. Yuan, Y. Zhen, M. L. Aardema, G. Smith, J. Llorente-Bousquets, P. Andolfatto & A. D. Briscoe. 2017. Sexual dimorphism and retinal mosaic diversification Following the evolution of a violet receptor in butterflies. *Molecular Biology and Evolution*, 34(9): 2271-2284. ISSN 0737-4038, 1537-1719, FI=13.6. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx163>
- LeCrom, J. F., O. Ávalos-Hernández, W. Winhard, M. G. Andrade & J. Llorente-Bousquets (Corresponding Author). 2018. Analysis of some morphological characters of *Elzunia Bryk, 1937* (Nymphalidae: Danainae: Ithomiini) results in a revised classification. *Zootaxa*, 4387(1): 1-46. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4387.1.1>
- Trujano-Ortega, M., U. O. García-Vázquez, C. J. Callaghan, O. Avalos-Hernández, A. Luis-Martínez & J. Llorente-Bousquets. 2018. Two new genera of metalmark butterflies of North and Central America (Lepidoptera, Riodinidae). *Zookeys*, 729: 61-85. ISSN 1313-2989, FI=1.17. <https://doi.org/10.3897/zookeys.729.20179>
- Nieves-Urbe, S., A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2018. Corion de *Leucidia brephos* (Hübner, [1809]), comparaciones con otros géneros de Coliadinae y tendencias reticulares. *Southwestern Entomologist*, 43(1): 239-255. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.043.0115>
- Warren, A. D., S. Nakahara, J. Llorente-Bousquets, A. Luis-Martínez & J. Y. Miller. 2018. A new species of *Cyllopsis* R. Felder, 1869 from the highlands of Chiapas, Mexico (Lepidoptera: Nymphalidae: Satyrinae). *Zootaxa*, 4403(3): 570-577. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4403.3.9>
- López-Mora, U. & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2018. Lista de especies y clave ilustrada de los géneros de Phasmatodea (Insecta) de México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 89: 46-75. ISSN 1870-3453, FI=0.54 DOI: <http://dx.doi.org/10.22201/ib.20078706e.2018.1.2175>
- Llorente-Bousquets, J. (Corresponding Author) & D. J. Castro-Gerardino. 2018. Antennal ultrastructure of *Leptidea Billberg, 1820* (Pieridae: Dismorphiinae: Leptideini) and its taxonomic implications. *Zootaxa*, 4402(3): 401-442. ISSN 1175-5326, FI=0.97. DOI: <http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4402.3.1>
- Arellano-Covarrubias, A., J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia) & A. Luis-Martínez. 2018. Distribución y fenología de la familia Riodinidae (Lepidoptera: Papilionoidea) en el bosque tropical subcaducifolio de la porción media del Pacífico de Oaxaca, México. *Revista de Biología Tropical*, 66(2): 503-558. ISSN 0034-7744, FI= 0.5. DOI: <https://doi.org/10.15517/rbt.v66i2.33378>
- Nieves-Urbe, S., A. Flores-Gallardo & J. Llorente-Bousquets (Autor de correspondencia). 2018. Estructura coriónica de tres especies de *Colias* Fabricius, 1807 (Lepidoptera: Pieridae, Coliadinae). *Southwestern Entomologist*, 43(2): 485-503. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.043.0220>
- Llorente-Bousquets, J. (Corresponding Author), S. Nieves-Urbe, A. Flores-Gallardo, B. Hernández-Mejía & D. J. Castro-Gerardino. 2018. Chorionic sculpture of eggs in the subfamily Dismorphiinae (Lepidoptera: Papilionoidea: Pieridae). *Zootaxa*, 4429 (2): 201-246. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4429.2.1>
- Vargas-Fernández, I., D. J. Castro-Gerardino & J. E. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2018. Palpos labiales de la mariposa *Prestonia clarki* (Lepidoptera: Pieridae): Ultraestructura de órganos sensoriales y sensilas. *Revista de Biología Tropical*, 66(3): 1324-1346. ISSN 00347744. FI=0.550. DOI: 10.15517/RBT.V66I3.31258
- Castro-Gerardino, D. J. & J. Llorente-Bousquets (Corresponding Author). 2019. Antennal ultrastructure in *Patia* (Pieridae, Dismorphiinae). *Zootaxa*, 4559(3): 445-472. ISSN 1175-5326, FI=0.97. doi: 10.11646/zootaxa.4559.3.2.
- Nieves-Urbe, S., A. Flores-Gallardo, J. Llorente-Bousquets (Corresponding Author), A. Luis-Martínez & C. Pozo. 2019. Use of exochorion characters for the systematics of *Hamadryas* Hübner and *Ectima* Doubleday (Nymphalidae: Biblidinae: Ageroniini). *Zootaxa*, 4619(1): 77-108. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4619.1.3>
- Llorente-Bousquets, J. (Autor de la correspondencia), S. Nieves-Urbe, M. Trujano-Ortega & A. Arellano-Covarrubias. 2019. Una Comparación de técnicas de rehidratación abdominal y coriónica en especies de *Emesis* Fabricius y *Lasaia* H. Bates. *Southwestern Entomologist*, 44(2): 523-538. ISSN 2162-2647, FI=0.5. DOI: 10.3958/059.044.0219

- Arellano-Covarrubias, A., M. Trujano-Ortega, A. Luis-Martínez, M. Luna-Reyes & J. Llorente-Bousquets (Corresponding Author). 2019. Geographical distribution of *Lasaia* Bates, 1868 (Lepidoptera: Riodinidae) across the biogeographical provinces of Mexico. *Zootaxa*, 4656 (2): 243-273. ISSN 1175-5326, FI=0.97. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4656.2.3>
- Nieves-Urbe, S., C. Pozo, M. Trujano-Ortega & J. Llorente-Bousquets (Autor de la correspondencia). 2019. Descripción exocoriónica de *Detritivora barnesi* con algunas comparaciones. *Southwestern Entomologist*, 44(4): 919-934. ISSN 2162-2647, FI=0.5. <https://doi.org/10.3958/059.044.0412>
- Krishna, A., X. Nie, A. D. Warren, J. E. Llorente-Bousquets, A. D. Briscoe & J. Lee. 2020. Infrared optical and thermal properties of microstructures in butterfly wings. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 201906356. ISSN 1091-6490, FI= 9.412. DOI:10.1073/pnas.1906356117.
- Luis-Martínez, A., A. Sánchez García, O. Ávalos-Hernández, J. L. Salinas-Gutiérrez, M. Trujano-Ortega, A. Arellano-Covarrubias & J. Llorente-Bousquets. 2019. Distribution and diversity of Papilionidae and Pieridae (Lepidoptera: Papilionoidea) in Loxicha Region, Oaxaca, Mexico. *Revista de Biología Tropical*, 68(1): 139-155. ISSN 00347744. FI=0.550. DOI: 10.15517/rbt.v68i1.37587

Libros

- Vargas-Fernández, I., J. Llorente-Bousquets & A. Luis-Martínez. 2016. Adiciones a la serie Papilionoidea de México: Distribución Geográfica e Ilustración. Las Prensas de Ciencias, Fac. Ciencias. México, D. F. 110 p. ISBN 978-607-02-7667-5.
- Juárez Barrera, F., A. A. Bueno-Hernández & J. Llorente-Bousquets. 2016. El creacionismo de Louis Agassiz y sus concepciones biogeográficas. Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales. Colección Luis Duque Gómez, 3. Bogotá, 143 p. ISBN 978-958-9205-56-3.
- Sarukhán, J., P. Koleff, J. Carabias, J. Soberón, R. Dirzo, J. Llorente, G. Halffter, R. González, I. March, A. Mohar, S. Anta, J. de la Maza, I. Pisanty, T. Urquiza, S.P. Ruiz & G. García. 2017. Síntesis. Capital Natural de México. Evaluación del conocimiento y tendencias de cambio, perspectivas de sustentabilidad, capacidades humanas e institucionales. Comisión Nacional para el conocimiento y uso de la Biodiversidad. México. 126 p. ISBN: 978-607-8570-02-7.

Carlos López Beltrán

Semblanza Investigador titular en el de la UNAM (desde 1992), miembro del SNI de México nivel III. Doctor en Historia y Filosofía de la Ciencia por el King's College y filósofo e historiador de la bioantropología, especializado en el estudio histórico y filosófico de las ciencias de la vida. Actualmente coordinador del grupo temático Bioantropología, raza y racismo en Red Integra. Las trayectorias diversas y dispersas de la noción de herencia (en su sentido fisiológico y biológico) han ocupado una porción considerable de sus esfuerzos. Algunos libros bajo estas temáticas son: *El Sesgo Hereditario* (UNAM 2004), *Genes (&) Mestizos* (Ficticia-UNAM 2011) y *Genómica Mestiza* (FCE, 2017).

Poeta, traductor y antologador de poesía británica y mexicana recientes, en este ámbito es autor de libros como: *El Material de los Años* (ensayo, 2014), *La Ciencia como Cultura* (ensayo, 2014), *Hembras Desarboladas y otros hombres fuera de lugar* (poesía, 2014), *Las Cosas No Naturales* (poesía, 1997). Así mismo autor de ensayos y artículos literarios y periodísticos en revistas culturales y de divulgación.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía e historia de las ciencias bioantropológicas.
- Historia cultural de la ciencia.
- Especialización en temas de herencia, raza y mestizaje.
- Estudio de la racialización de la investigación en genómica poblacional humana, a nivel regional e internacional.
- La matriz de lo hereditario, la conformación de un espacio epistémico (individual, principal, disciplinario)

Publicaciones recientes

Libros:

- Wade, Peter, Carlos López Beltrán, Eduardo Restrepo y Ricardo Ventura Santos. *Genómica mestiza. Raza, nación y ciencia en Latinoamérica*. Fondo De Cultura Económica (FCE), México, 2017.
- *Mestizo genomics: Race Mixture, Nation, and Science in Latin America*. Duke University Press, Durham, NC., 2014.
- *El material de los años*, Fractal-CONACULTA, 2014
- *Hembras desarboladas y otros hombres fuera de lugar*. México: Universidad del Claustro de Sor Juana, Ediciones Sin Nombre, 2014.

Artículos:

- García-Deister, Vivette, Abigail Nieves Delgado y Carlos López-Beltrán. “¿De qué me ves cara? Narrativas de herencia, genética e identidad inscritas en la apariencia”. *Revista de Antropología Iberoamericana*, v. 12, n. 3, 2017. pp. 313-337.
- García-Deister, Vivette y Carlos López-Beltrán. “ADN en un país de muertos. La genética forense como medio y remedio”. En Palacios Sierra, Margarita, *Violencia y discurso*, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), 2017. pp. 157-177
- “La herencia de Francis Galton. La primera formación y la formación de la raza” En Ruiz Gutiérrez, Rosaura, Ricardo Noguera Solano, *Darwin en (y desde) México, Siglo XXI editores/UNAM*, 2015
- García-Deister, Vivette y Carlos López-Beltrán. “País de gordos/país de muertos: Obesity, death and nation in biomedical and forensic genetics in Mexico”. *Social Studies of Science*, v. 45, n. 6, 2015. pp. 797-815
- Kent, Michael, Vivette Garcia-Deister, Carlos Lopez-Beltran, et al. “Building the genomic nation: ‘Homo Brasilis’ and the ‘Genoma Mexicano’ in comparative cultural perspective”. *Social Studies of Science*, v. 45, n. 6, 2015. pp. 839-861.
- Wade, Peter, Carlos Lopez-Beltran, Eduardo Restrepo y Ricardo Ventura Santos. “Genomic research, publics and experts in Latin America: Nation, race and body”. *Social Studies of Science* v.45, n. 6, 2015. pp. 775-796

Sergio Martínez Muñoz

Semblanza

Doctor en Filosofía por la Universidad de Indiana

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Ciencia, tecnología y espacio público
- Entendimiento
- Modelos evolucionistas de la cultura
- Prácticas, artefactos e instituciones

Rosaura Martínez Ruiz

Semblanza

Doctora en Filosofía por la UNAM

Campos

- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Filosofía de las ciencias sociales
- Psicología y psicoanálisis

María Teresa Muñoz Sánchez

Semblanza

María Teresa Muñoz Sánchez (Mayte) es actualmente profesora de la del Universidad Nacional Autónoma de México. Obtuvo su doctorado en Filosofía en la Universidad Nacional Autónoma de México. Tiene estudios de doctorado en Filosofía en la Universidad Complutense de Madrid (España) y de maestría en Filosofía en la Universidad Nacional Autónoma de México. Es licenciada en Filosofía en la Universidad Complutense de Madrid (España). Es miembro del Sistema Nacional de Investigadores desde enero del 2004. Actualmente SNI-II período 2018-2021. Actualmente trabaja en el proyecto de investigación personal: Lo común y el problema del juicio: Verdad, Objetividad y Libertad, enero 2017/diciembre 2018, que se enmarca dentro del grupo de investigación Re-inversiones de lo común y nuevos antagonismos políticos. Líder: Laura Quintana. Proyecto Intertitucional-internacional CLASO. Entidades participantes: Universidad de los Andes, Colombia; Universidad Nacional de Colombia, Universidad Paris 7; Universidad Nacional Autónoma de México; Universidad Autónoma de México; Université d'État d'Haïti; FLACSO- Ecuador Universidade Federal do Paraná, Brasil; Universidad de Buenos Aires. Duración: 2016-2019.

En los años recientes participó en los grupos:

1. Philosophy of History and Globalisation of Knowledge. Cultural Bridges Between Europe and Latin America: WORLDBRIDGES (F7-PEOPLE-2013-IRSES: PIRSES-GA-2013-612644). Líder: Concha Roldán, Entidad financiadora: Unión Europea (European Comisión, 7th Framework Programm on Research) Entidades participantes: CSIC-España; Univ. Potsdam-Alemania; TU Dresden-Alemania; Univ. Estambul Turquía; CIF-Argentina; UNAM-México. 1 de enero 2014 hasta 31 de diciembre 2017
2. Cultura democrática, ciudadanía y derechos humanos. Líder: María Teresa Muñoz, Universidad Intercontinental, enero 2017 a diciembre 2017
3. Filosofía y Violencia, Líder: Efraín Lazos, proyecto UNAM, PAPIIT IN 401415, enero 2015-Julio 2017
4. Ciudadanía, republicanismo y derechos humanos, Líder: Ma. Teresa Muñoz S., Universidad Intercontinental, marzo de 2011 a diciembre 2016
5. Los Límites de la Confianza: justicia, derecho y cultura cívica. Líder: Carlos Pereda. Proyecto interinstitucional UNAM/UACM apoyado por CONACYT, núm.134051, enero 2011- Julio 2016

Campos

Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Epistemología
- Filosofía política

Publicaciones recientes

Capítulos de Libros:

- “Certezas, prácticas y contextos en Sobre la Certeza. Un rechazo al escepticismo desde el naturalismo pragmático-social”, David Pérez Chico (Comp.), Wittgenstein y el escepticismo, Zaragoza, Prensas Universitarias de Zaragoza, 2018 (en prensa)
- “El juicio político”, entrada en Carlos Pereda (ed), J. Marcone, M.T. Muñoz y S. Ortiz (coords.) Diccionario de Justicia, México, Ed. Siglo XXI, 2016. ISBN: 978-607-03-0812-3.

- Amor mundi y amistad cívica. Reflexiones sobre la posibilidad del juicio político en Sergio Ortiz Leroux (comp.), Las formas de la fraternidad, México, Ed. Coyoacan, 2016, ISBN: 978-607-935265-3
- “Introducción. La tarea del pescador de perlas” en Marco Estrada y María Teresa Muñoz (comp.), Violencia y Revolución en la filosofía de Hannah Arendt. Reflexiones críticas, México, Colegio de México (Colmex), 2015. ISBN: 978-607-462-841-8
- “Violencia y revolución. Reflexiones en torno a lo político”, en Marco Estrada y María Teresa Muñoz (comp.), Violencia y Revolución en la filosofía de Hannah Arendt. Reflexiones críticas, México, Colegio de México (Colmex), 2015. ISBN: 978-607-462-841-8
- “Una mirada arendtiana al concepto de violencia” en Luis Eduardo Hoyos, (comp), Violencia, democracia y normatividad, Bogotá, Universidad Nacional de Colombia, 2014 ISBN: 978-958-761-863-1

Libros:

- Marco Estrada y María Teresa Muñoz (comp.), Violencia y Revolución en la filosofía de Hannah Arendt. Reflexiones críticas, México, Colegio de México (Colmex), 2015. (compilación) Pensar el espacio público. Ensayos críticos desde el pensamiento arendtiano, Universidad Intercontinental, México, 2011
- Un acercamiento crítico a la epistemología, México, Universidad Intercontinental, 2016
- Wittgenstein y la articulación lingüística de lo público. Un camino de la semántica a la política, Instituto Internacional del Filosofía, México, 2009
- Carlos Pereda (ed), J. Marcone, M.T. Muñoz y S. Ortiz (coords.) Diccionario de Justicia, México, Ed. Siglo XXI, 2017
- Efraín Lazos y María Teresa Muñoz (comp.) Filosofía para tiempos violentos (Libro en proceso)

Artículos de investigación:

- “Validez ejemplar y comunidades de certezas. Kant, Arendt, Wittgenstein sobre el poder de juzgar críticamente”. Isegoría, Revista de Filosofía Moral y Política, núm. 57, julio-diciembre, 2017. ISSN: 1130-2097 doi: 10.3989/isegoria.2017.057.05
- “Wittgenstein: terapia frente a fundacionismo epistémico” Revista de Filosofía, Universidad de Zulia, núm. 80, mayo-agosto 2015-II, pp. 29-42, ISSN: 0798-1171
- “Wittgenstein, McDowell y el reto escéptico”, Revista de Filosofía, Universidad Complutense de Madrid, Vol. 38, núm. 2 (2013). ISSN: 0034-8244

Artículos de divulgación:

- “Ciudadanía y derechos” Revista UIC Foro Multidisciplinario de la Universidad Intercontinental, No. Octubre-diciembre, 2017, ISSN: 1870-8218
- “Violencia contra las mujeres” Revista UIC Foro Multidisciplinario de la Universidad, No. julio-septiembre 2014, ISSN: 1870-8218 <http://foro.uic.edu.mx/violencia-contra-las-mujeres>

Adriana Murguía Lores

Correo electrónico amurllores@gmail.com

Semblanza

Licenciada y Maestra en Sociología, Doctora en Filosofía de la Ciencia por la UNAM. Profesora de carrera Titular. Medalla Alfonso Caso al Mérito universitario por estudios de doctorado. Sistema Nacional de Investigadores nivel I.

Campos

- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Epistemología social

- Estudios sociales de la medicina

Publicaciones recientes

- (2019a) "La medicina como objeto de los estudios sociales de la ciencia", Estudios sociales de la ciencia y reflexiones desde la metodología de las ciencias sociales, Adalberto de Hoyos y Jesús Enrique Morales Rico, coords. México, Gernika.
- (2019), "Injusticias Epistémicas y práctica médica", En-Claves del pensamiento, XIII: 26.
- (2017a),(2016), "Epistemología social", Fernando Castañeda et. al. Léxico de la vida social" Fernando Castaneda et. al. (coords.) México, FCPyS, UNAM
- (2017), "Religión y política. Sobre el discurso religioso en la esfera pública", Rodrigo Jokisch y Fernando Castañeda (coords.), Religión y Sociedad, México, UNAM.
- (2016d), Un buena muerte en la era de la biomedicina. Cuidados paliativos, tanatología y la medicalización-desmedicalización del proceso de morir, Murguía, A y Teresa Ordorika, coords. La medicalización en México. Acercamientos a la medicalización en México, México, UNAM
- (2016c) Murguía, A., "Injusticias epistémicas y Teoría Social", Dilemata. Revista Internacional de Éticas Aplicadas, año 8 núm. 22
- (2016b) Murguía, A. Teresa Ordorika y Fabrizzio Guerrero, "Consideraciones epistemológicas en torno a la medicalización en América Latina", Ludus Vitalis, vol. XXIV núm. 46.
- (2016a) Murguía, A., Teresa Ordorika y León Lendo, (2016a) "El estudio de los procesos de medicalización en América Latina", Manguinhos, História, Ciências, Saúde, volume 23
- (2016) Murguía, A. y Teresa Ordorika (coords.) La medicina en expansión. Acercamientos a la medicalización en México, México, FCPyS, UNAM.

Ricardo Noguera Solano

Semblanza

Doctor en Ciencias por la UNAM

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la biología
- Historia de la biología
- Teorías evolutivas de la herencia

Elías Okón Gurvich

Semblanza Mis principales intereses de investigación comprenden cuestiones fundacionales en la física, particularmente en el traslape de fenómenos cuánticos y gravitacionales. Me atraen también las interpretaciones de la mecánica cuántica y varios asuntos relacionados con el espaciotiempo.

Campos

- Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la física
- Fundamentos de mecánica cuántica
- Filosofía de la física contemporánea

Publicaciones recientes

- E. Okon and M. A. Sebastián, A Consciousness-Based Quantum Objective Collapse Model, Aceptado en Synthese.
- G. León, A. Majhi, E. Okon and D. Sudarsky, Expectation of primordial gravity waves generated during inflation, Phys. Rev. D 98, 023512 (2018)
- E. Okon and D. Sudarsky, Losing stuff down a black hole, Found. Phys. (2018) 48:411–428.
- E. Okon and D. Sudarsky, The weight of collapse: dynamical reduction models in general relativistic contexts, Collapse of the Wave Function: Models, Ontology, Origin, and Implications, Shan Gao editor, Cambridge University Press (2018).
- Y. Bonder y E. Okon, Los principios de la relatividad: Una introducción pedagógica, Rev. Mex. Fis. E. 64 (2018) 87–91.
- G. León, A. Majhi, E. Okon and D. Sudarsky, Reassessing the link between B-modes and inflation, Phys. Rev. D 96, 101301(R) (2017).
- E. Okon and D. Sudarsky, Black Holes, Information Loss and the Measurement Problem, Found. Phys. (2017) 47:120-131.
- E. Okon and D. Sudarsky, A (not so?) novel explanation for the very special initial state of the universe, Class. Quant. Grav. 33 (2016) 22, 225015.
- E. Okon and D. Sudarsky, Less Decoherence and More Coherence in Quantum Gravity, Inflationary Cosmology and Elsewhere, Found. Phys. (2016) 46:852-879.
- E. Okon and M. A. Sebastián, How to Back Up or Refute Quantum Theories of Consciousness, Mind and Matter 14, 1 (2016).
- Y. Bonder, E. Okon and D. Sudarsky, Questioning universal decoherence due to gravitational time dilation, Nature Phys. 12, 2 (2016).
- Y. Bonder, E. Okon and D. Sudarsky, Can gravity account for the emergence of classicality?, Phys. Rev. D 92, 124050 (2015).
- E. Okon and D. Sudarsky, The Consistent Histories Formalism and the Measurement Problem, Stud. Hist. Phil. Mod. Phys. 52 (2015) 217–222.
- E. Okon and D. Sudarsky, The Black Hole Information Paradox and the Collapse of the Wave Function, Found. Phys. (2015) 45:461-470.
- E. Okon, El problema de la medición en mecánica cuántica, Rev. Mex. Fis. E 60 (2014) 130–140.
- E. Okon and D. Sudarsky, Measurements according to Consistent Histories, Stud. Hist. Phil. Mod. Phys. 48 (2014) 7–12.
- E. Okon and D. Sudarsky, Benefits of Objective Collapse Models for Cosmology and Quantum Gravity, Found. Phys. (2014) 44:114-143
- E. Okon and D. Sudarsky, On the Consistency of the Consistent Histories Approach to Quantum Mechanics, Found. Phys. (2014) 44:19–33.

Álvaro Peláez Cedrés

Semblanza

Licenciado en Filosofía por la Universidad de la República, Uruguay. Maestro y doctor en Filosofía de la Ciencia por la Universidad Nacional Autónoma de México.

Profesor-Investigador de tiempo completo del Departamento de Humanidades de la UAM-Cuajimalpa, donde hace parte del Cuerpo Académico de Estudios sobre saberes. Secretario Académico de la División de Ciencias Sociales y Humanidades desde julio de 2013.

Pertenece al Sistema Nacional de Investigadores en el nivel 1.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas
- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Epistemología kantiana y neokantiana
- Filosofía de la geometría
- Historia de la filosofía analítica de la ciencia
- Teoría de la percepción

Publicaciones recientes

- “Cassirer, Habermas, y el problema de la unidad de la razón”, de próxima publicación en Los antimodernos, Eikasía, (2011).
- “El empirismo lógico y el problema del fundamento de las ciencias sociales”, en Tratado de metodología de las Ciencias Sociales, Enrique de la Garza y Gustavo Leyva, (comps.), México, FCE, (2011).
- “Kant y Frege sobre geometría: intuición, esquemas y generalidad”, en Éndoxa, vol. 28, (2011).
- “Disyuntivismo y argumentos trascendentales. El caso de J. McDowell”.

Ana Rosa Pérez Ransanz

Semblanza Doctora en Filosofía por la UNAM.

Investigadora Nacional Nivel III, Sistema Nacional de Investigadores del CONACYT (ingreso en 1985).

Investigadora Titular “C”, de la UNAM (ingreso en 1985).

Estancias de investigación: Universidad de Salamanca, Universidad de Princeton, Universidad de California (Berkeley), Universidad Nacional de Educación a Distancia, Universidad de Santiago de Compostela, Universidad de Georgetown.

Publicaciones: autora o editora de 8 libros en reconocidas editoriales académicas; más de 50 trabajos de investigación (artículos, capítulos de libros, discusiones y estudios críticos) y más de 15 productos de divulgación.

Profesora-investigadora en la UAM-I (1978-1985).

Profesora invitada en diversas instituciones de México y el extranjero.

Organizadora de más de veinte eventos académicos y ponente en más de ciento cincuenta reuniones académicas.

Campos

- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Dinámica científica: problemas epistemológicos, ontológicos y pragmáticos (línea central)
- Variedades del empirismo en la filosofía de la ciencia del siglo XX
- Emociones, conocimiento, acción y racionalidad
- Pluralismo ontológico y realismo científico
- Creatividad e innovación en ciencia y tecnología

Publicaciones recientes

- “La filosofía pluralista de Ulises Moulines”, en *Exploraciones Pluralistas. Las filosofías de C.U. Moulines*, J. Díez Calzada (coordinador), UNAM y Editorial Tecnos (pp. 33-43) (en prensa).
- “Sobre la evolución del pensamiento epistemológico de León Olivé”, *Revista Iberoamericana de Ciencia, Tecnología y Sociedad*, dossier sobre la obra de León Olivé, Vol. 13, Núm. 38, por aparecer en junio 2018.
- *Experiencia, creatividad e imaginación. Dos aproximaciones pragmatistas: Charles S. Peirce y John Dewey*, en *Imaginación y Conocimiento*. Z. Monroy y L.M. Rodríguez-Salazar (eds.), Corinter y Gedisa Editorial, México, 2016 (pp. 151-165). ISBN 978-607-7618-63-8
- “La filosofía de la ciencia en Iberoamérica en el siglo XX”, en coautoría con A. Marcos, *Filosofía iberoamericana del siglo XX*, Vol. 33, R. Mate, O. Guariglia y L. Olivé (eds.), ENCICLOPEDIA IBEROAMERICANA DE FILOSOFÍA, Editorial Trotta, Madrid 2015 (pp. 171-230).

Nora Delia Rabotnikof Maskivker

Semblanza Doctora en Filosofía por la UNAM

Campos

- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de las ciencias sociales
- Filosofía política

Fernanda Samaniego Bañuelos

Semblanza

Tras licenciarse en Física en la Universidad Autónoma de Baja California, Fernanda Samaniego estudió una maestría en filosofía de la ciencia en la UNAM, donde escribió una tesis acerca de las consecuencias filosóficas de la “Electrodinámica Estocástica Lineal” bajo la dirección del Dr. Luis de la Peña. Trabajó como asistente de investigación en la UNAM, tanto en centros de investigación científica (CICESE) como en el . En el 2008 terminó una segunda maestría en filosofía e historia de la ciencia en la *London School of Economics* e ingresó al doctorado en filosofía en la Universidad Complutense de Madrid. Ahí desarrolló una investigación acerca de las explicaciones intervencionistas del incremento entrópico. Obtuvo su doctorado *Cum Laude* en diciembre de 2011. Posteriormente realizó una estancia posdoctoral en el Instituto de Investigaciones Filosóficas, impartiendo varios cursos en el Posgrado de Filosofía de la Ciencia y actualmente es profesora de tiempo completo en la de la UNAM, específicamente en el Sistema de Universidad Abierta (SUA), donde imparte los cursos de “Filosofía de la Ciencia en el siglo XX”, “Filósofos de la Ciencia Viv@s” y “Filosofía del Tiempo”. Como actividad extra-curricular, escribe cuentos y los presenta en ferias de libros.

Campos

Filosofía de la Ciencia

Líneas de investigación

- Explicaciones Causales
- Filosofía del Tiempo.

Publicaciones recientes

- “Manipulating Spins: Causality and Decoherence” *Recent Developments in Philosophy of Science EPSA13* Páginas, 183 - 203. Suiza, 2015.
- “Causation and the Interventionist Vector of Explanatory Depth” Capítulo del Libro. *New Advances in Causation, Agency and Moral Responsibility*, Cambridge Scholars Publishing. Eds. Fabio Bacchini, Massimo Dell’Utri and Stefano Caputo. ISBN (13): 978-1-4438-6625-5 Italia. Febrero 2015.

- “Filosofía del tiempo: ¿Cientismo vs Fenomenología?” *Revista de Ciencias Básicas del CIIDET* Páginas, 6-13. ISSN: 2448-7260 Querétaro, México. Enero de 2017. “How physicist create time?” Páginas, 93-99. Revista: *Philosophy Study* ISSN 2159-5313 NY, USA. Febrero 2017.
- “La Concepción Bohmiana de la Creatividad Científica” Tipo de Publicación: Capítulo de Libro. Libro: *Creatividad e Innovación en las Ciencias* Eds. Ana Rosa Pérez Ransanz y Ana Ponce Fecha: Programado para diciembre de 2018.

Pedro Stepanenko Gutiérrez

Semblanza Doctor en Filosofía por la UNAM

Campos

- Filosofía de las ciencias cognitivas

Líneas de investigación

- Historia de la filosofía
- Teoría del conocimiento

Edna María Suárez Díaz

Correo electrónico ednasuarez@ciencias.unam.mx

Semblanza

La Dra. Edna Suárez-Díaz es profesora titular “C” de la de la UNAM y miembro del SNI (nivel 3). Entre 2005 y 2008 fue Research Fellow en el Max Planck Institute for the History of Science en Berlín, Alemania, y ha realizado estancias académicas en la Universidad de Harvard, la Universidad de California Irvine, y la Universidad del Ruhr en Bochum, Alemania. Recientemente recibió, con colegas de la Universidad de Exeter y Birkbeck College de Londres, el destacado financiamiento de investigación para ciencias sociales y humanidades, el “Wellcome Trust Collaborative Award”.

Se ha especializado en la historia y la epistemología histórica de las ciencias de la vida en la segunda mitad del siglo veinte, contribuyendo a la historia de la “molecularización” de la biología y la introducción de las computadoras y bases de datos en esta disciplina. Hoy en día sus proyectos se enfocan al impacto de los programas de desarrollo y las relaciones interamericanas en el desarrollo de la física y las ciencias biológicas de la posguerra, así como la intersección entre los estudios sobre enfermedades moleculares y campañas de salud pública durante la Guerra Fría. Con la Dra. Gisela Mateos se encuentra escribiendo un libro sobre el impacto de la asistencia técnica en el desarrollo de las ciencias nucleares y biológicas en México.

Ha participado en numerosos comités editoriales (incluyendo *Osiris* y *History and Philosophy of the Life Sciences*), y de sociedades académicas como la ISHPSSB y la *History of Science Society*. Actualmente participa en los comités editoriales de *Isis*, *Historical Studies in the Natural Sciences*, *Perspectives on Science*, *Theoria*, *Acta Biotheoretica*, *Bulletin of the History of Anthropology*, y el *History of Science Newsletter*.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Historia de las ciencias de la vida en el siglo veinte
- Historia de la tecnología y el desarrollo
- Epistemología histórica

Publicaciones recientes

- Estrada, Amadeo, Suárez-Díaz Edna and Becerra-Bracho Arturo. (enviado) “Reconstructing the Last Common Ancestor: Epistemological and empirical challenges”. *European Journal for Philosophy of Science*.

- Torres-Cruz César y Suárez-Díaz Edna (en prensa). “La biomedicalización del riesgo sexual en América Latina en el siglo XXI”. *Revista Ciencias de la Salud*.
- Mateos Gisela y Suárez-Díaz Edna (en prensa). “Misiones seculares: la asistencia técnica nuclear en la primera década del Organismo Internacional de Energía Atómica (1958-1968)”. *Revista Interdisciplina*.
- Joseph D. Martin, Gisela Mateos, David P. D. Munns, and Edna Suárez-Díaz (2021 in press) “Historical Peculiarity and the Order of the Phoenix”. Introduction to Special Issue. *Historical Studies in the Natural Sciences*.
- Mateos, Gisela and Edna Suárez-Díaz (2021 in press). “The Door to the Promised Land of Atomic Peace and Plenty”: Mexican Students and the Phoenix Memorial Project. *Historical Studies in the Natural Sciences*.
- Mateos, Gisela and Edna Suárez-Díaz (2020 in press). “Atomic ambassadors: the IAEA’s First Preliminary Assistance Mission (1958). *History and Technology* (Special issue on Nuclear diplomacy edited by Maria Rentetzi and Kenji Ito).
- Mateos, Gisela and Edna Suárez-Díaz (2020 in press). “Development interventions: science, technology and technical assistance.” *History and Technology*. Vol. 3:
- Mateos, Gisela and Edna Suárez-Díaz (2020 in press). “Creating the need in Mexico: the IAEA’s technical assistance programs for less developed countries (1958-68)”. *History and Technology*. Vol. 3:
- Torres-Cruz, César and Edna Suárez-Díaz (2019): The stratified biomedicalization of HIV prevention in Mexico City, *Global Public Health*, DOI: 10.1080/17441692.2019.1679217
- Mateos, Gisela and Edna Suárez-Díaz (2019). “Technical assistance in movement: nuclear knowledge crosses Latin American borders”. In: Krige John (ed.). *How Knowledge Moves. Writing the Transnational History of Science and Technology*. Chapter 12. Chicago: The University of Chicago Press. Pp. 345- 367. ISBN: 9780226605999, pp.
- Suárez-Díaz, Edna (2019) “The molecular basis of disease and evolution: a Cold War alliance”. *Journal of the History of Biology*. 52(2): 325-347.
- Suárez-Díaz Edna y Anaya-Muñoz Victor (2018). “Matematizar la objetividad: la sistemática molecular y la reconstrucción de la historia de la vida”. *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia*. 18(37):293-316.
- Anaya-Muñoz Victor H., García-Deister Vivette, Suárez-Díaz Edna. 2018. “Aplanar y exhibir la variación: dos estrategias de investigación de la genética humana en México”. *Revista Ciencias de la salud*. 16 (3): 510-533.
- Suárez-Díaz Edna. (2018) “The Historiography of Molecular Evolution”. In: Dietrich, Michael, Mark Borrello, and Oren Harmann (Editors). *Handbook of the Historiography of Biology*. Berlin: Springer Verlag.
- Suárez-Díaz Edna. (2018). “Local traditions and the death of diffusion: Jean Gayon’s contributions to contemporary narratives of ‘the molecular vision of life’”. In: Francesca Merlin and Philippe Huneman (eds). *Volume collectif au Jean Gayon*. Paris: Editions Matériologiques, Paris. Pp. 121-134. ISBN 978-2-37361-144-1.
- Suárez-Díaz Edna, García-Deister Vivette and Vasquez Emily. (2017). “Populations of Cognition: Practices of Inquiry into Human Populations in Latin America”. *Perspectives on Science*. 2017 (5): 551-563.
- Suárez-Díaz Edna. (2017). “Blood diseases in the backyard. Mexican “indígenas” as a Population of Cognition In the Mid-1960s”. *Perspectives on Science*. Special Issue on Populations of Cognition (ed. By Edna Suárez-Díaz, Vivette García and Emily Vazquez). 2017(5): 606-630.
- Suárez-Díaz, E. (2017). “Porous borders: coming to the history of anthropology from abroad”. *History of Anthropology Newsletter*. Special Focus Section. 41 (2017): <http://histanthro.org/porous-borders/>.
- Anaya Victor, García Vivette and Edna Suárez-Díaz. (2017) “Flattening and unpacking human genetic variation in Mexico, postwar to present”. *Science in Context*, 30(1): 89-112.
- Mateos, Gisela y Edna Suárez-Díaz (2016). “Expectativas (des)encontradas: Asistencia Técnica Nuclear en América Latina”. En: Mateos, G. Y E. Suárez Díaz (compiladoras), *Aproximaciones a lo local y lo global: América Latina en la historia de la ciencia contemporánea*. México: CEIICH-UNAM. Pp. 215-241.

- Dietrich Michael and Suárez-Díaz Edna (2016). “History of Molecular Evolution”. Encyclopedia of Biological Evolution. Volume 3. Editor in Chief Richard M. Kliman; Section editor: Betty V. Smocovitis. New York: Elsevier Press. pp. 55-60. ISBN: 978-0-12-800426-5
- Mateos, Gisela and Suárez-Díaz Edna (2016). “Atoms for Peace in Latin America”. In: Oxford Research Encyclopedia of Latin American History, Editor-in-Chief William Beezley. United States: Oxford University Press.
- Suárez-Díaz, Edna (2016). “Molecular evolution in historical perspective”. Journal of Molecular Evolution, 83: 204-213
- Suárez-Díaz, Edna (2016). “The History Manifesto as read from Latin America”. Isis. 107 (2): 334-335.

Rodolfo Suárez Molnar

Semblanza

Doctor en Filosofía de la Ciencia por la UNAM

Campos

Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Epistemología
- Filosofía de la ciencia

Carlos David Suárez Pascal

Campos Filosofía de la ciencia

Alessandro Torza

Semblanza Alessandro Torza es Investigador Titular en el de la UNAM. Obtuvo su licenciatura de la Universidad de Pisa y la Scuola Normale Superiore (Italia), y el grado de doctor de la Universidad de Boston (EEUU) bajo la dirección de Jaakko Hintikka. Realizó estancias posdoctorales en el de la UNAM, y en la Universidad de Tubinga (Alemania). Es director de *Crítica: Revista Hispanoamericana de Filosofía*.

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Metafísica
- Filosofía de la lógica
- Filosofía del lenguaje
- Ontología
- Metaontología
- Fundamentalidad
- Modalidad
- Vaguedad e indeterminación

Publicaciones recientes

- (con Pau Luque) Conflictos prácticos genuinos y racionalidad práctica. Una solución modal. En Libertad, razón y normatividad. La vigencia del pensamiento de G.H. von Wright a los 100 años de su nacimiento. Palestra editores, Lima, Perú. (De próxima aparición).
- Ideology in a Desert Landscape. Philosophical Issues, vol. 27, no. 1 (2017), pp. 383–406. *Quantum Metaphysical Indeterminacy and Worldly Incompleteness*. Synthese (2017).
- Vague Existence. En: Bennett K. y Zimmerman D. (eds.) Oxford Studies in Metaphysics, vol. 10 (2017), pp. 201–33.
- Necessarily Maybe. Quantifiers, Modality and Vagueness. En: Quantifiers, Quantifiers, and Quantifiers. Themes in Logic, Metaphysics, and Language. Synthese Library, vol. 373. Springer (2015), pp. 367–87.
- Introduction. En: Quantifiers, Quantifiers, and Quantifiers. Themes in Logic, Metaphysics, and Language. Synthese Library, vol. 373. Springer (2015), pp. 1–15.
- Speaking of Essence. The Philosophical Quarterly 65 no. 261 (2015), pp. 754– 71.
- What Trans-World Causation Could and Could Not Be. *Metaphysica* 15, no. 1 (2014), pp. 187–208.
- (Reseña) Iacona, Andrea (2018). Logical Form: Between Logic and Natural Language. Springer International, 2018, pp. vi + 133. *Argumenta* (forthcoming). Turner, Jason (2016). The Facts in Logical Space: A Tractarian Ontology. Oxford University Press. *Philosophical Review*, vol. 127, No. 2 (2018), pp. 273–277.
- (Compilación) Quantifiers, Quantifiers, and Quantifiers. Themes in Logic, Metaphysics, and Language. (2015) Synthese Library, vol. 373. Springer International.

Ricardo Vázquez Gutiérrez

Campos Filosofía de la ciencia

Alejandro Vázquez del Mercado Hernández

Semblanza

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Filosofía de las ciencias cognitivas

Ambrosio F. J. Velasco Gómez

Semblanza

Doctor en Filosofía por la Universidad de Minnesota

Campos

- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de las ciencias sociales
- Filosofía política
- Historia de las ciencias sociales

Francisco Vergara Silva

Correo electrónico fvs@ib.unam.mx

Semblanza

Doctor en Ciencias por la UNAM (2002). Actualmente labora como Investigador Titular, de tiempo completo y definitivo, en el (IBUNAM). Perteneció al Sistema Nacional de Investigadores (SNI), Nivel II. Se especializa en estudios históricos, filosóficos y sociológicos de la biología, en particular en sus interacciones disciplinarias con la antropología (por ejemplo, en el contexto de la antropología biológica y la etnobiología). Además, desde el IBUNAM participa en diversos estudios taxonómicos y evolutivos sobre géneros selectos de la flora de México. Ha publicado más de 70 trabajos académicos, de los cuales más de 45 han aparecido en revistas internacionales en inglés con arbitraje por pares.

Es miembro regular de la International Society for the History, Philosophy and Social Studies of Biology (ISHPSSB) desde 1999, del Seminario de Historia, Filosofía y Sociología de la Antropología Mexicana, con sede en la Dirección de Etnología y Antropología Social (DEAS) del INAH, desde 2009, y de la American Anthropological Association (AAA), desde 2019. En 2014 fue parte del comité fundador de la Red de Investigación Interdisciplinaria sobre Identidades, Racismo y Xenofobia en América Latina ('Red INTEGRA'), financiada por CONACYT, y es integrante del Seminario Universitario Interdisciplinario sobre Racismo y Xenofobia (SURXE) de la UNAM, desde su inicio (2019). Entre 2019 y 2021 ha sido colaborador en el proyecto Noticonquista, con sede en el Instituto de Investigaciones Históricas de la UNAM.

Campos

Filosofía de la ciencia

Marcia Villanueva Lozano

Correo electrónico marcia.villanueva@filosoficas.unam.mx

Campos

- Filosofía de la ciencia
- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología

José Antonio Chamizo Guerrero

Semblanza

Cursó la licenciatura y la maestría en la Facultad de Química de la Universidad Nacional Autónoma de México y el doctorado en la School of Molecular Sciences de la University of Sussex, Inglaterra. Profesor de la Facultad de Química desde 1977 y actualmente adscrito al , ha impartido más de 100 cursos desde la secundaria hasta el doctorado, publicado más de 110 artículos arbitrados sobre química, educación, filosofía, historia y divulgación de la ciencia y dirigido cerca de 30 tesis de licenciatura, maestría y doctorado.

Es autor o coautor de más de 70 capítulos en libros y de otros tantos libros de texto y divulgación entre los que sobresalen los Libros de Texto Gratuito de Ciencias Naturales, coordinados por él, y editados por la Secretaría de Educación Pública de los cuales se han publicado a la fecha más de cien millones de ejemplares.

Ha sido Director General del Colegio Madrid AC (1989-1997) y de la Dirección General de Divulgación de la Ciencia de la UNAM (1997-2000) así como profesor de la Universidad Autónoma Metropolitana (1987), la Universidad Autónoma de Puebla (1988, 2002) y la Universidad Autónoma de Barcelona (2005).

Es integrante del Sistema Nacional de Investigadores (NII) en el área de humanidades. Ha recibido diferentes reconocimientos, entre los que sobresalen: Premio Nacional de Química "Andrés Manuel del Río" de la Sociedad Química de México (1994), Premio Universidad Nacional Autónoma de México en docencia en Ciencias Naturales (1996), Premio Third World Award of Network of Scientific Organizations (TWNISO) otorgado por la Academia Mexicana de Ciencias (1996), Premio Roberto Moreno de los Arcos que otorga la Sociedad Mexicana de Historia de la Ciencia y de la Tecnología (2006).

Campos

- Comunicación de la ciencia
- Estudios filosóficos y sociales de la ciencia y la tecnología
- Filosofía de la ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la química
- Historia de la química
- Enseñanza de las Ciencias
- Filosofía de las Ciencias

Publicaciones recientes

Artículos

- Chamizo J.A.(2014) “The role of instruments in Three Chemical’ Revolutions”, *Science & Education*, 23, 955-982.
- Hernández-García Y., Chamizo J.A., Kleiche-Dray M. & Russell J. (2016) “The scientific Impact of Mexican Steroid Research (1935-1965). A Bibliometric and Historiographic Analysis, *Journal of the Association for Information Science and Technology*, 67, 1245-1256.
- Pérez Campillo Y. y Chamizo J.A (2016) Análisis curricular de la enseñanza química en México en los niveles preuniversitarios. Parte II: La educación media superior,, *Educación Química*, 27 182-194.
- Chamizo J.A. y Rios G. (2017) “Diseño y evaluación de una estrategia didáctica para enseñar a preguntar” *Revista Científica*, 28, 32-40
- Chamizo J.A. (2017) “La cuarta Revolución Química. De las sustancias a las especies químicas” *Educación Química*, 28, 202-210.
- Chamizo, J. A., & Pérez, Y. (2017) “Sobre la enseñanza de las ciencias naturales”, *Revista Iberoamericana de Educación*, 74, 23-40.
- Chamizo J.A. (2017) The Fifth Chemical Revolution: 1973-1999, *Foundations of Chemistry*, 19, 157-179.
- Chamizo J.A. (2018) About continuity and rupture in the history of chemistry: the fourth chemical revolution (1945-1966), *Foundations on Chemistry*, Online First

Capítulos en libros

- “Modelos y modelaje en la enseñanza de las ciencias: Una experiencia de formación con profesores mexicanos en servicio” Chamizo J.A. y García A. en Merino C., Adúriz-Bravo A. y Arellano M. (eds.) *Avances en didáctica de la química: Modelos y lenguajes*, PUCV, Valparaíso, 2014. ISBN 978-956-17-0593-7
- “Historical Teaching of Atomic and Molecular Structure” Chamizo J.A. and Garritz A. en Matthews M. (ed) *International Handbook of research in History Philosophy and Science Teaching*, Springer, Dordrecht, 2014. ISBN 978-94-007-7653-1
- “The History and Philosophy of Science and their Relationship to the Teaching of Sciences in Mexico” Barahona A., Chamizo J.A., Garritz A, and Slisko J. en Matthews M. (ed) *International Handbook of research in History Philosophy and Science Teaching* Springer, Dordrecht, 2014. ISBN 978-94-007-7653-1
- “La Historia de la Ciencia: Un tema pendiente en la educación latinoamericana”, Chamizo J.A. en Quintanilla M., Daza S. y Cabrera G. (coord.) *Historia y Filosofía de la Ciencia. Aportes para una “nueva aula de ciencias” promotora de ciudadanía y valores*. Editorial Bellaterra, Santiago 2014. ISBN 978.956-332-719-9
- “Novohispanos y mexicanos en las revoluciones químicas” Chamizo J.A. en Ramos M.P y León F. (coord). *Aportes Recientes a la Historia de la Química en México*, CIICH-IQ-UNAM, México, 2014. ISBN 978-607-02-5696-7

- “Pedagogies of teacher assessment” García-Franco A. and Chamizo J.A. in Craig C. (ed) International Teacher Education, Emerald Group Publishing, Bradford, 2015. ISBN: 978-1-78441-674-4
- “How to teach atomic structure using computer simulations of fundamental experiments and heuristic diagrams for historical context,?” Chamizo J.A. in Proceedings of the ICERI 2015 Conference, Sevilla 2015. ISBN: 978-84-608-2657-6

Mario Casanueva López

Semblanza Doctor en Filosofía de la Ciencia por la Universidad Autónoma de Barcelona

Campos

Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la biología
- Filosofía de la ciencia

Posgrado en Filosofía

Carmen Martínez Adame Isais

Correo electrónico cmadame@posgrado.unam.mx

Semblanza

Carmen Martínez Adame realizó los estudios de licenciatura en matemáticas en la Facultad de Ciencias de la UNAM y obtuvo el doctorado en matemáticas en 2005 en King's College de la Universidad de Londres, Reino Unido. Hizo un posdoctorado trabajando en temas de historia de las matemáticas y desde entonces ha trabajado temas de historia y filosofía de las matemáticas en la Facultad de Ciencias de la UNAM en donde es profesora titular.

Cuenta con publicaciones especializadas en las áreas de historia y filosofía de las matemáticas así como de análisis matemático y teoría espectral.

Entre sus líneas de investigación se encuentran la filosofía de la práctica matemática, la historia del análisis matemático, la teoría de la medida y su relación con la teoría de conjuntos, los objetos patológicos en matemáticas, la comprensión matemática y la historia de la teoría de integración, entre otros.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de las matemáticas
- Historia de las matemáticas
- Historia del análisis matemático

Francisco Hernández Quiroz

Semblanza

Estudí las licenciaturas en Filosofía y Matemáticas en la UNAM. Hice el doctorado en Ciencias de la Computación en el Imperial College London. Fui coordinador del Posgrado en Filosofía de la Ciencia de la UNAM, de 2015 a 2018. En la actualidad soy Profesor Titular C en la Facultad de Ciencias. Imparto cursos en la licenciatura en Ciencias de la Computación y en los posgrados de Filosofía de la Ciencia y Ciencia e Ingeniería de la Computación, y he dirigido 4 tesis de licenciatura, 10 de maestría y 2 de doctorado.

La lógica es un terreno común para las matemáticas, la filosofía y la computación. Una buena parte de los fundamentos teóricos de las ciencias de la computación surgieron como respuesta a preocupaciones lógicas y matemáticas fundacionales, como el problema de la decisión de Hilbert. En la actualidad, muchas cuestiones aparentemente técnicas siguen teniendo un correlato teórico y filosófico muy importante. En sentido opuesto, nociones básicas de la teoría de la computación, como la máquina de Turing, han influido en la filosofía de la mente y las ciencias cognitivas en general. Es en esta intersección donde realizo una buena parte de mi actividad académica. Mi otra área de interés son las lógicas modales y sus descendientes, sobre todo su aplicación en el razonamiento humano y computacional.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Lógicas modales y sus aplicaciones
- Lógica y computabilidad
- Computabilidad y sus implicaciones filosóficas

Publicaciones recientes

- Santiago Hernández-Orozco, Francisco Hernández-Quiroz, Hector Zenil, Wilfried Sieg, "Shortening of Proof Length is Elusive for Theorem Provers", Parallel Processing Letters. Aceptado.

- Jesús Mauricio Andrade Guzmán, Francisco Hernández Quiroz, “Natural Deduction and Semantic Models of Justification Logic in the Proof Assistant COQ”, *Logic Journal of the IGPL* (2020), <https://doi.org/10.1093/jigpal/jzaa007>.
- Rodrigo Medina-Vega, Francisco Hernández-Quiroz, Fernando R Velázquez-Quesada, “Minimal Abductive Solutions with Explicit Justification”, *Logic Journal of the IGPL* (2020), <https://doi.org/10.1093/jigpal/jzz036>.
- Hector Zenil, Liliana Badillo, Santiago Hernández-Orozco, Francisco Hernández-Quiroz, “Coding-theorem Like Behaviour and Emergence of the Universal Distribution from Resource-bounded Algorithmic Probability”, *International Journal of Parallel, Emergent and Distributed Systems* 34.2 (2019), pp. 161-180.
- Santiago Hernández-Orozco, Francisco Hernández-Quiroz y Héctor Zenil, “Undecidability and Irreducibility Conditions for Open-Ended Evolution and Emergence”, *Artificial life* 24.1 (2018), pp. 56-70.
- Eduardo Espinosa-Avila, Pablo Padilla-Longoria y Francisco Hernández-Quiroz, “Game Theory and Dynamic Programming in Alternate Games”, en: *Journal of Dynamics and Games* 4.3 (2017), pp. 205-216.

Capítulos de libros

- Alberto Hernández-Espinosa, Francisco Hernández-Quiroz y Héctor Zenil, “Is there any Real Substance to the Claims for a ‘New Computationalism’?”, en: *Unveiling Dynamics and Complexity: 13th Conference on Computability in Europe, CiE 2017*, ed. por Jarkko Kari, Florin Manea y Ion Petre, *Lecture Notes in Computer Science* 10307, Springer, 2017, pp. 14-23.
- Santiago Hernández-Orozco, Francisco Hernández-Quiroz y Héctor Zenil, “The Limits of Decidable States on Open-Ended Evolution and Emergence”, en: *Proceedings of the Fifteenth International Conference on the Synthesis and Simulation of Living Systems*, ed. por C. Gershenson y Tom Froese, MIT Press, 2016, pp. 200-207.

Capítulos de libros

- Francisco Hernández-Quiroz, “Logics of Programs as a Fuelling Force for Semantics”, en: *Logic and Philosophy of Logic: Recent Trends in Latin America and Spain*, ed. por Max A. Freund, Max Fernández de Castro y Marco Ruffino, vol. 78, *Studies in Logic*, College Publications, 2018, pp. 273-280.

Artículos en actas de congreso arbitradas e indexadas

- Alberto Hernández-Espinosa, Francisco Hernández-Quiroz y Héctor Zenil, “Is there any Real Substance to the Claims for a ‘New Computationalism’?”, en: *Unveiling Dynamics and Complexity: 13th Conference on Computability in Europe, CiE 2017*, ed. por Jarkko Kari, Florin Manea y Ion Petre, *Lecture Notes in Computer Science* 10307, Springer, 2017, pp. 14-23.
- Santiago Hernández-Orozco, Francisco Hernández-Quiroz y Héctor Zenil, “The Limits of Decidable States on Open-Ended Evolution and Emergence”, en: *Proceedings of the Fifteenth International Conference on the Synthesis and Simulation of Living Systems*, ed. por C. Gershenson y Tom Froese, MIT Press, 2016, pp. 200-207.

Favio Ezequiel Miranda Perea

Semblanza

Soy matemático (1997) y maestro en ciencias (2000) por la Facultad de Ciencias de la UNAM.

En el periodo 2000-2004 hice estudios de doctorado en los Institutos de Matemáticas y Ciencias de la Computación de la Universidad Ludwig-Maximilians en München, Alemania, donde obtuve el grado con una disertación en el área de Ciencia de la Computación Teórica, específicamente en Teoría de Lenguajes de Programación. Desde el 1 de mayo de 2007 soy profesor de tiempo completo en el Departamento de Matemáticas de la Facultad de Ciencias UNAM, actualmente en el nivel Titular “B”. Fui coordinador de la licenciatura en Ciencias de la Computación de la Facultad de Ciencias en el periodo 2018-2022.

Soy investigador nacional nivel 1 (SNI-Conacyt), mi área de investigación general radica en aspectos deductivos de las lógicas no clásicas (teoría estructural de la prueba) y sus aplicaciones desde la Ciencia de la Computación Teórica (sistemas de cálculo lambda, Correspondencia de Curry-Howard) hasta la Filosofía. A este respecto me interesa el

desarrollo de sistemas deductivos útiles para la práctica matemática y filosófica, así como el estudio de aspectos epistemológicos de las pruebas asistidas por computadora y sus repercusiones en el concepto de demostración en matemáticas. En específico me interesa analizar pruebas mecanizadas originadas en procesos de verificación formal de programas funcionales y aquellas producidas por la mecanización de teorías matemáticas, en especial las que involucran la formalización de razonamientos diagramáticos. Estos temas resultan relevantes para la Filosofía de la Computación y de la Práctica Matemática.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Filosofía de la ciencia

Alejandro Garcíadiego Dantán

Correo electrónico: gardan@ciencias.unam.mx

Semblanza

Alejandro Garcíadiego Dantan. Licenciatura en Matemáticas, Universidad Nacional Autónoma de México (1977). Master of Arts (1979) y PhD (1983) en el Instituto para la Historia y Filosofía de la Ciencia y la Tecnología de la Universidad de Toronto (Toronto, Ontario, Canadá) en Historia de las Matemáticas con el propósito de mejorar los procesos de enseñanza y aprendizaje de las matemáticas. Premio al mejor proyecto de disertación doctoral en su especialidad. Labora en el Departamento de Matemáticas de la Facultad de Ciencias de la UNAM, donde imparte cursos relacionados con la historia, filosofía, pedagogía y popularización de las matemáticas y de las ciencias. Ha realizado estancias anuales de investigación en el Departamento de Matemática Educativa del Cinvestav, en el Departamento de Matemáticas de la Universidad de Ball State (Fulbright Scholar), en el Instituto de Historia de la Ciencia del MIT (Dibner Fellow) y en el Departamento de Física y Matemáticas de la Universidad Iberoamericana. Cofundador. Director de *Mathesis*, revista dedicada a la investigación de frontera en historia y filosofía de las matemáticas. Ha sido parte de los cuerpos editoriales de las revistas *Historia Mathematica*, *Modern Logic* y *Revista Brasileira de História da Matemática*, entre otras; y colabora periódicamente con arbitrajes y reseñas en revistas especializadas. De su libro de investigación, *Bertrand Russell y los orígenes de las paradojas de la teoría de conjuntos* existe tanto la versión en inglés (New York: Springer-Verlag. 1992), como en español (Madrid: Alianza Editorial. 1992). También ha publicado, en coautoría (Madrid: Nivola. 2011), una novela pedagógica, dirigida a público general, donde se aprenden, de manera subliminal, los principios de la teoría de conjuntos. Las listas de sus publicaciones y de las conferencias ofrecidas suman más de un centenar cada una de ellas. Es presidente fundador de la Asociación para la Historia, Filosofía y Pedagogía de las Ciencias Matemáticas. Es participante, a partir de su fundación, del Sistema Nacional de Investigadores (México. SEP. Conacyt. 1984). Es miembro por invitación de la Academia Internacional de Historia de las Ciencias (Francia) y del Comité Internacional de Historiadores de las Matemáticas (U. S. A.). También ha sido publicado su libro: *Infinito, paradojas y principios. Escritos históricos en torno a los fundamentos de las matemáticas* (Madrid: PlazayValdés. 2014). Esta monografía reúne, dividida en cinco categorías, diversos ensayos de su autoría sobre la historia, filosofía, enseñanza, aprendizaje, difusión y divulgación de las matemáticas.

Garcíadiego ha colaborado con el Grupo Internacional sobre las Relaciones entre la Historia y la Pedagogía de las Matemáticas desde 1978, aproximadamente. Las conferencias y publicaciones realizadas a nivel mundial en este contexto lo han conducido a la creación de la plataforma digital *Matecracia*, cuyo propósito es la construcción de una herramienta remedial y cultural en matemáticas para todos los niveles del sector educativo nacional.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Historia de las Matemáticas
- Matemática Educativa
- Comunicación de las Matemáticas

Publicaciones recientes

- Sinopsis ponencia. “A new interpretation of the history of the foundations of mathematics. Francisco Vera, a case study”. Book of Abstracts. 25th International Congress of History of Science and technology. Julio 2017. Página 239.
- “El cumpleaños” Matecracia 11 (2020)
- “Me llamo Pedro” Matecracia 11 (2020)
- “Características versión impresa” Matecracia 11 (2017) Canteraestudio.com/Matecracia/
- “Secciones” Matecracia 11 (2017) Canteraestudio.com/Matecracia/
- “Objetivos y Metodología” Matecracia 11 (2017)
- Canteraestudio.com/Matecracia/
- “Problemática” Matecracia 11 (2017) Canteraestudio.com/Matecracia/

Carlos Álvarez Jiménez

Correo electrónico alvarji@unam.mx

Semblanza Doctorado en Francia en Filosofía de la Ciencia, ha trabajado temas de historia y filosofía de las matemáticas. Sus áreas de mayor interés son la historia y la filosofía de la geometría, del álgebra, del análisis matemático y la teoría de conjuntos.

Ha publicado diversos artículos y libros de investigación sobre estos temas, entre los que destacan una historia del Teorema Fundamental del Álgebra (en colaboración con Jean Dhombres), y un libro sobre la geometría euclidiana. Sus textos cubren temas sobre los orígenes del álgebra y la ciencia analítica en los siglos XVII y XVIII, el desarrollo del análisis matemático en el siglo XIX, así como temas relacionados con la evolución de la teoría de conjuntos en el siglo XX.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Historia de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de las matemáticas
- Historia de las matemática

Luis Estrada González

Semblanza

Luis Estrada González es investigador del Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM, habiendo trabajado previamente en las universidades de Tartu (Estonia) y Groninga (Países Bajos). Obtuvo el doctorado en Filosofía Contemporánea en la Universidad Autónoma del Estado de Morelos bajo la supervisión de Ivonne Pallares Vega. Es un orgulloso miembro de la Logicians' Liberation League y también pertenece al Sistema Nacional de Investigadores en el nivel I. Su número de Erdős no es tan pequeño como para ser presumido. Ha impartido clases de lógica y áreas relacionadas durante nueve años de manera casi ininterrumpida. Cuando la burocracia se lo permite, le gusta ser de hecho un investigador, ver telenovelas y ver y jugar fútbol.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia

Líneas de investigación

- Lógica (lógicas no clásicas: paraconsistentes, conexivas, de la relevancia)
- Filosofía de la lógica (teorías generales de la lógica, significado de las conectivas lógicas, pluralismo lógico, teoremas limitativos y paradojas)

- Filosofía de la matemática (teoría general de la matematicidad, teoremas limitativos y paradojas, objetos matemáticos vagos, estructura matemática de lo trivial, pluralismo de teorías de conjuntos)
- Matemática no clásica (teorías intuitivas de conjuntos, aritmética inconsistente y relevantista, matemática constructiva en topos, análisis infinitesimal suave, computabilidad ultrafinitista)

Publicaciones recientes

- “Disputing the many-valuedness of topos logic”, en Jean-Yves Béziau, Alexandre Costa Leite e Ítala D’Ottaviano, editores, *Aftermath of the Logical Paradise*, Campinas: CLE, pp. 65-96.
- (con María del Rosario Martínez Ordaz): “The possibility and fruitfulness of a debate on the principle of non-contradiction”, en Walter Carnielli y Jacek Malinowski, editores, *Contradictions, from Consistency to Inconsistency*, Springer, Cham, pp. 33-51.
- (con María del Rosario Martínez Ordaz): “May the Reinforcement be with you: on the reconstruction of scientific episodes”, *Journal of the Philosophy of History* 12(2): 259-283.
- “(In some fictions) Everything is true”, *Australasian Journal of Logic* 15(2): 64-76
- “Limitaciones expresivas y fundamentación: la teoría ingenua de conjuntos basada en LP”, en Max Fernández de Castro, Max Freund y Marco Ruffino, editores, *Logic and Its Philosophy: Contemporary Trends in Latin America and Spain*, Londres: College Publications, pp. 167-178.
- “Algunas dificultades lógicas en la filosofía leibniziana de la cuantificación”, en Roberto Casales y Paniel Reyes, coordinadores, *Leibniz en México. Homenaje a Alejandro Herrera*, México: Editorial Torres Asociados, pp. 41-58.
- “Impossible worlds and the intensional sense of ‘and’”, *Argumenta* 2(2): 227-239. “The (non-)classicality of (non-)classical mathematics”, *Journal of Indian Council of Philosophical Research* 34(2): 365-377.
- “Prospects for triviality”, en Andreas Holger y Peter Verdée, editores, *Logical Studies of Paraconsistent Reasoning in Science and Mathematics*, Springer, pp. 81-89. (con Elisángela Ramírez Cámara): “A comparison of connexive logics”, *IfCoLog Journal of Logic and their Applications* 3(3): 341-356.
- “Through Full Blooded Platonism, and what Paraconsistentists could find there”, *Logique et Analyse* 59(235): 283-300.
- “The evil twin: The basics of complement-toposes”, en Jean-Yves Béziau, Mihir Chakraborty y Soma Dutta, editores, *New Directions in Paraconsistent Logic*, Alemania: Springer, pp. 375-425.
- “Some clearer reactions: Gauker on the validity of Universal Instantiation”, *Philosophical Inquiries* 4(1): 9-24.
- “Fifty (more or less) shades of logical consequence”, en Pavel Arazim y Michal Dančák (eds.), *The LOGICA Yearbook*, College Publications, pp. 127-148.
- “From (paraconsistent) topos logic to Universal (topos) logic”, en Arnold Koslow y Arthur Buchsbaum, editores, *The Road to Universal Logic. Festschrift for Jean-Yves Béziau in his 50th Birthday. Volume II*, Springer, pp. 263-295.
- “Las personas como particulares básicos en la metafísica descriptiva de Strawson”, *Metafísica y persona* 6 (12): 11-36.
- “Questions for Mion on proof and evidence”, *The Reasoner* 8(4): 38-39. “On the possibility of realist dialetheism”, *Northern European Journal of Philosophy* 15(2): 197-217., 2014

Favio Ezequiel Miranda Perea

Semblanza

Soy matemático (1997) y maestro en ciencias (2000) por la de la UNAM.

En el periodo 2000-2004 hice estudios de doctorado en los Institutos de Matemáticas y Ciencias de la Computación de la Universidad Ludwig-Maximilians en München, Alemania, donde obtuve el grado con una disertación en el área de Ciencia de la Computación Teórica, específicamente en Teoría de Lenguajes de Programación. Desde el 1 de

mayo de 2007 soy profesor de tiempo completo en el Departamento de Matemáticas de la UNAM, actualmente en el nivel Titular “B”. Fui coordinador de la licenciatura en Ciencias de la Computación en el periodo 2018-2022.

Soy investigador nacional nivel 1 (SNI-Conacyt), mi área de investigación general radica en aspectos deductivos de las lógicas no clásicas (teoría estructural de la prueba) y sus aplicaciones desde la Ciencia de la Computación Teórica (sistemas de cálculo lambda, Correspondencia de Curry-Howard) hasta la Filosofía. A este respecto me interesa el desarrollo de sistemas deductivos útiles para la práctica matemática y filosófica, así como el estudio de aspectos epistemológicos de las pruebas asistidas por computadora y sus repercusiones en el concepto de demostración en matemáticas. En específico me interesa analizar pruebas mecanizadas originadas en procesos de verificación formal de programas funcionales y aquellas producidas por la mecanización de teorías matemáticas, en especial las que involucran la formalización de razonamientos diagramáticos. Estos temas resultan relevantes para la Filosofía de la Computación y de la Práctica Matemática.

Campos

- Filosofía de las Matemáticas y Lógica de la Ciencia
- Filosofía de la ciencia

Natalia Carrillo Martínez de la Escalera

Correo electrónico natalia.carrillo-escalera@univie.ac.at

Semblanza

Natalia Carrillo estudió matemáticas en la UNAM, seguida de una maestría en filosofía de las ciencias cognitivas y un doctorado en filosofía de la ciencia en la misma institución. Desde 2019 realiza una estancia postdoctoral en el departamento de Filosofía de la Universidad de Viena. Su investigación doctoral involucró un análisis filosófico de una reciente controversia en la neurociencia respecto de cómo debemos de explicar el impulso nervioso, en la cual ha jugado un papel importante la modelación matemática. Tomando como referencia a la práctica científica, se hace preguntas acerca del razonamiento basado en modelos, el pluralismo científico, el papel de la historia para entender resultados científicos, la relación entre tecnología y ciencia y el papel de la materialidad en la modelación científica. También ha abordado el papel que la ciencia puede tener como estudio de caso para analizar el papel cognitivo de la materialidad y la artefactualidad en las prácticas humanas a un nivel más general.

Campos

Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la Ciencia
- Filosofía de la Artefactualidad
- Relación entre Ciencia y Tecnología
- Filosofía de la Tecnología
- Modelación Científica
- Epistemología
- Narrativas
- Relación entre Historia y Filosofía de la Ciencia

Publicaciones recientes

- Carrillo, N., y Martínez, S. F. “Scientific Inquiry: From Metaphors to Abstraction.” Aceptado para publicación en *Perspectives on Science*
- Carrillo, N., and T. Knuuttila, (2022) “Holistic Idealization: An Artifactual Standpoint.” *Studies in the History and Philosophy of Science*, 91, 49–59. <https://doi.org/10.1016/j.shpsa.2021.10.009>

- Martínez, S. F. y Carrillo, N. (2022) “The Metaphoric Sources of Scientific Innovation.” En Shyam Wuppuluri, A. C. Grayling (eds.), *Metaphors and Analogies in Sciences and Humanities: Words and Worlds*, Synthese library series, Springer.
- Carrillo, N., y Knuuttila, T. (2021) “An artefactual perspective on idealization: Galvanic cells and electric circuits in nerve signal research.” en: Alejandro Cassini y Juan Redmond (eds.) *Models and Idealizations in Science: Fictional and Artefactual Approaches* (Cham: Springer).
- Carrillo, N. (2018) “Integración de analogías en la modelación científica.” *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia*, no. 37 julio-diciembre. <https://doi.org/10.18270/rcfc.v18i37.2580>

Alfonso Arroyo Santos

Correo electrónico agripas@gmail.com

Semblanza

Alfonso Arroyo Santos es doctor en filosofía por la Universidad Autónoma de Barcelona. Fue investigador posdoctoral en el y en la actualidad es CTO del Centro de Información Geoprospectiva dedicado al desarrollo de teoría, modelos y herramientas prospectivas. Es miembro del Sistema Nacional de Investigadores nivel 1 y ha sido docente y tutor dentro del Programa de Maestría y Doctorado en Filosofía de la Ciencia desde 2010.

Su investigación se divide en dos grandes partes: por una, se pregunta cómo se construyen los conceptos científicos y las maneras en que los conceptos pasan a constituir entidades de la naturaleza. Por otra, una crítica a las teorías de probabilidad. En particular, los límites de las versiones construidas sobre los axiomas de Kolmogorov, y las maneras en que se podrían resolver dichos problemas sobre todo para la construcción de proyecciones a futuro en situaciones de acceso a poca información; la probabilidad “kolmogoroviana” requiere de muchos datos para proyectar con niveles aceptables de incertidumbre.

El vínculo entre los dos proyectos de investigación supone comprender cómo se evalúan y justifican los argumentos en la ciencia contemporánea basada primordialmente en análisis estadísticos: si la probabilidad es el estándar, pero los análisis estadísticos son poco confiables dadas ciertas condiciones, ¿qué nos dice esto de: los alcances de la ciencia contemporánea y de la idea de que la probabilidad (la teoría matemática de probabilidades) sea el estándar?

El trabajo del Dr. Arroyo Santos se ha publicado tanto en el ámbito filosófico como en el ámbito científico, en particular en el campo de la biología. Su trabajo sobre prospectiva ha dado pie a numerosos desarrollos metodológicos que se aplican al presente, por ejemplo, en estudios sobre cambio climático, ordenamiento ecológico y territorial, o evaluación de riesgos financieros.

Campos

Filosofía de la ciencia

Líneas de investigación

- Filosofía de la biología
- filosofía de la probabilidad

Publicaciones recientes

- Mercado-Reyes, A. & Arroyo-Santos A. (2018). The limits of measuring information in biology: an ontological approach. *Biosemitotics*. En prensa.
- Arroyo-Santos, A. (2017). Paragras y enunciados en la construcción filosófica del mundo. **Methateoria* 8(1): 107-116.
- Mercado, A., Padilla Longoria, P., y Arroyo-Santos, A. (2015). Objects and processes: two notions for understanding biological information. *Journal of Theoretical Biology* 380: 115-122
- Olson M.E. y Arroyo-Santos, A. (2015). How to study adaptation (and why to do it that way). *The Quarterly review of Biology*. 90:1-29
- Arroyo-Santos, A., Olson, M.E. y Vergara-Silva, F. (2015). Practice oriented controversies and borrowed epistemic support in current evolutionary biology. The case of phylogeography. *Perspectives on science*. 23: 310-334

- Arroyo-Santos, A. (2014). Identidad e individualidad como motores en la construcción de la inmunología. *Metatheoria*. 5: 49-63