## M. en C. María Dolores Sánchez Soler

## Secretaria Técnica del Consejo Nacional de Posgrado

## Directora Adjunta de Posgrados y Becas

Presente  
ASUNTO: Respuesta y consideraciones con respecto a la evaluación de pares hecha al Programa de Doctorado en Ciencias en Biología Integrativa (003649) del Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N.

Estimada M. en C. María Dolores Sánchez Soler,

Respecto a la situación de Condicionamiento del programa de DOCTORADO EN CIENCIAS EN BIOLOGÍA INTEGRATIVA que usted coordina, le comento que el CNP nos solicita por escrito los avances y la fecha en que la estudiante Nelly Sélem Mojica podrá tener el grado. Sugiero que en una carta sencilla pudiera hacernos llegar esta información.

# Requisitos Cubiertos:

Todos los créditos del programa.  
Estancia académica internacional: 1.5 meses Wageningen UR con Marnix Medema.  
Congreso internacional: ISBA, Jeju Corea 2017. Premio al mejor poster (Microbiology Society).  
Trabajo de divulgacion: UNAM taller del genoma bacteriano 50 hrs  
Colaboraciones: Artículos publicados:3, artículos sometidos:2, artículos en borrador:4, agradecimientos:5.

# Requisitos faltantes:

Para concluir el programa de posgrado se requiere la publicación de un artículo y la entrega y revisión de tesis, para ello se propone el siguiente calendario:  
2 artículos sometidos de primer autor en abril de 2018.  
Entrega del primer borrador de tesis mayo 2018.  
Entrega de la primera revisión de tesis junio 2018.  
Obtención de grado julio 2018.

La tesis constará de cinco capítulos soportados por los siguientes trabajos:  
- Introducción: Una introducción a mi trabajo citado en las revisiones: Briefings in bioinformatics 2017(<https://doi.org/10.1093/bib/bbx146>) y Nature chemical Biology 2015 (<doi:10.1038/nchembio.1884>)  
- Capítulo uno: El trabajo de el artículo sometido *The cycad coralloid root contains a diverse endophytic bacterial community with novel biosynthetic gene clusters unique to its microbiome.* donde soy coautora.  
- Capítulo 2: El trabajo de dos artículos, el primero donde soy coautorapublicado en Genome Biol Evol. 2016 y el segundo *EvoMining 2.0: A customizable computational pipeline for evolutionary reconstructions during genome mining.* propuesto como el primero de mis artículos como primer autor.  
- Capitulo 3 El trabajo de dos artículos el primero donde soy coautora *Actinobacteria phylogenomics, selective isolation from an iron oligotrophic environment and siderophore functional characterization, unveil novel desferrioxamine molecular ecological and functional traits* publicado en FEMS Microbiology Ecology 2017 y el segundo será el segundo de mis artículos como primer autor \* A computational framework for rapid exploration and classification of biosynthetic diversity from large-scale genomic and metabolomic data*.*  
*- capítulo 4: Artículo en borrador* Evolution of multi-functionality imposes strong canalization of evolutionary trajectories and limits Darwinian evolution\*.

Atentamente,

Dra. Laila Pamela Partida Martínez Coordinadora Académica Programa de Posgrado en Biología Integrativa [laila.partida@cinvestav.mx](mailto:laila.partida@cinvestav.mx)

Más información sobre el contenido de la tesis, publicaciones, congresos y cursos se adjunta en el Anexo.

# ANEXO

## Artículos propuestos de primer autor:

* EvoMining 2.0: A customizable computational pipeline for evolutionary reconstructions during genome mining. Nelly Selem-Mojica, Pablo Cruz-Morales, Christian Eduardo, ..., and Francisco Barona-Gómez  
  <https://github.com/nselem/EvoMining/wiki>
* A computational framework for rapid exploration and classification of biosynthetic diversity from large-scale genomic and metabolomic data by Jorge Navaro & Sélem-Mojica Nelly, Cruz-Morales Pablo, Satria A. Kautsar, Neil L. Kelleher, William W. Metcalf, Marnix Medema and Barona-Gomez Francisco  
  <https://github.com/nselem/EvoDivMet/wiki> <https://docs.google.com/document/d/10lcpxyZ7kYx_rQFy8ECseRL6obDmnWn8mPm2rFQ-6CU/edit?usp=sharing>

### Talleres y congresos en los que se ha participado:

2018 Ponente en Software tools for mathematics. Morelia, Michoacán.  
2017 Ponente de BIRS en la Casa Matemática de Oaxaca en el taller: Challenges and Synergies in the Analysis of Large-Scale Population-Based Biomedical Data.  
2017 Curso de Genómica microbiana de Asociación Mexicana de Microbiología (Ayudante)  
2017 Software carpentry Certificación de instructor.  
2017 Nebula guanajuato colabora. Proyecto MicroZoo.  
2016 Software carpentry. LANGEBIO, México. (Asistente)  
2015 Anotación y genome mining RAST y Patric. Argonne National Laboratory.  
2014 Google summer of code terminado o bien el google summer of code 2018.

## Artículos publicados

1. Phylogenomic Analysis of Natural Products Biosynthetic Gene Clusters Allows Discovery of Arseno-Organic Metabolites in Model Streptomycetes. Cruz-Morales P, Kopp JF, Martínez-Guerrero C, Yáñez-Guerra LA, Selem-Mojica N, Ramos-Aboites H, Feldmann J, Barona-Gómez F. Genome Biol Evol. 2016 Jul 2;8(6):1906-16. doi: 10.1093/gbe/evw125. <http://gbe.oxfordjournals.org/content/8/6/1906>
2. Actinobacteria phylogenomics, selective isolation from an iron oligotrophic environment and siderophore functional characterization, unveil novel desferrioxamine molecular ecological and functional traits. Pablo Cruz-Morales Hilda E. Ramos-Aboites Cuauhtémoc Licona-Cassani Nelly Selem-Mójica Paulina M. Mejía-Ponce Valeria Souza-Saldívar Francisco Barona-Gómez. FEMS Microbiology Ecology, Volume 93, Issue 9, 1 September 2017, fix086, <https://doi.org/10.1093/femsec/fix086>
3. Expanding Primary Metabolism Helps Generate the Metabolic Robustness To Facilitate Antibiotic Biosynthesis in Streptomyces. Jana K. Schniete, Pablo Cruz-Morales, Nelly Selem-Mojica, Lorena T. Fernández-Martínez, Iain S. Hunter, Francisco Barona-Gómez, Paul A. Hoskisson. Mbio 2018. <https://doi.org/10.1128/MBIO.02283-17>

## Artículos sometidos

1. The cycad coralloid root contains a diverse endophytic bacterial community with novel biosynthetic gene clusters unique to its microbiome. Angelica Cibrian Jaramillo, Pablo Cruz-Morales, Antonio Corona-Gomez, Nelly Selem-Mojica, Miguel A. Perez-Farrera, Francisco Barona-Gomez, doi: <https://doi.org/10.1101/121160>
2. Typhoid toxins and VirB/D4 plasmids in environmental nontyphoidal Salmonella: a fitness advantage in the bovine host? Enrique Jesús Delgado-Suárez, , Nelly Selem-Mojica, Rocío Ortíz-López, Wondwossen A. Gebreyes, Marc W. Allard, Francisco Barona-Gómez, and María Salud Rubio-Lozano

## Artículos en borrador

1. Evolution of multi-functionality imposes strong canalization of evolutionary trajectories and limits Darwinian evolution. Lianet Noda-García, Ernesto A. Verduzco-Castro, Nelly Sélem-Mojica & Francisco Barona-Gómez
2. A computational framework for rapid exploration and classification of biosynthetic diversity from large-scale genomic and metabolomic data by Jorge Navaro & Sélem-Mojica Nelly, Cruz-Morales Pablo, Satria A. Kautsar, Neil L. Kelleher, William W. Metcalf, Marnix Medema and Barona-Gomez Francisco
3. EvoMining 2.0: A customizable computational pipeline for evolutionary reconstructions during genome mining. Nelly Selem-Mojica, Pablo Cruz-Morales, Christian Eduardo, ..., and Francisco Barona-Gómez
4. An exploration of tRNA-utilizing enzymes using EvoMining reveals novel BGCs in Actinobacteria. Paulina M. Mejía-Ponce, César Aguilar, Nelly Selem-Mojica, Hilda E. Ramos-Aboites, Pablo Cruz-Morales and Francisco Barona-Gómez

## Agradecimientos recibidos en artículos publicados

* Espinosa-Cantú, A., Ascencio, D., Barona-Gómez, F., & DeLuna, A. (2015). Gene duplication and the evolution of moonlighting proteins. Frontiers in Genetics, 6, 227. <http://doi.org/10.3389/fgene.2015.00227>
* Ana Lilia Juárez-Vázquez et al (2017) Evolution of substrate specificity in a retained enzyme driven by gene loss. E-life DOI: 10.7554/eLife.22679
* Lianet Noda-García, Ana L. Juárez-Vázquez, María C. Ávila-Arcos, Ernesto A. Verduzco-Castro, Gabriela Montero-Morán, Paul Gaytán, Mauricio Carrillo-Tripp and Francisco Barona-Gómez.Insights into the evolution of enzyme substrate promiscuity after the discovery of isomerase evolutionary intermediates from a diverse metagenome. BMC Evolutionary Biology 2015.
* Karina Gutiérrez-García, Adriana Neira-González, Rosa Martha Pérez-Gutiérrez, Giovana Granados-Ramírez, Ramon Zarraga, Kazimierz Wrobel, Francisco Barona-Gómez and Luis B. Flores-Cotera. Phylogenomics of 2,4-Diacetylphloroglucinol-Producing Pseudomonas and Novel Antiglycation Endophytes from Piper auritum. J. Nat. Prod., 2017, 80 (7), pp 1955–1963. DOI: 10.1021/acs.jnatprod.6b00823

## Tesis

### Un enfoque integrativo hacia la detección de divergencia funcional enzimática.

### Introducción.

1. Biológica. Core Genome, relaciones filogenéticas, familias enzimáticas, función, metabolismo secundario, promiscuidad.   
2. Informatica. Repetibilidad, open software, Documentación.

### Capítulo 1.

Orthocore: Una plataforma estandarizada para encontrar genes conservados en grupos de genomas procariotes para una adecuada reconstrucción filogenética. (ESPECIES core/pangenomas)  
1.1 El core de Actinomicetes y el pseudocore de micrococcales.

### Capítulo 2

EvoMining: estudio de expansiones de familias enzimáticas en distintos grupos de procariontes mediante el desarrollo de un software portable. (FAMILIAS DE ENZIMAS con miembros divergentes)  
2.1 Actinobacteria  
2.2 Cyanobacteria  
2.3 Archaea  
2.4 Expansiones de Pseudomonas de la familia enzimática TauD  
2.5 Por qué el contexto genómico aportaría al conocimiento de la función enzimática.

### Capítulo 3.

CORASON software portable para el estudio de variantes en el contenido génico de clusters biosintéticos y su relación con la variación metabólica, usando la enzima TauD como caso de estudio. (CLUSTERS DE ENZIMAS)  
3.1 Clusters biosintéticos, concepto de similitud en un cluster  
3.2 Qué es CORASON y cómo CORASON aborda los subclusters utilizando orthocore.  
3.3 Relación con otros programas de análisis de clusters  
3.4 TauD ejemplo de la relación entre la variación del contenido genico de un cluster con la variación en la producción de metabolitos.

### Capítulo 4. PriA: las expansiones son una marca que suele señalar divergencia funcional, pero no son necesarias para que esta ocurra. (UNA ENZIMA SIN EXPANSIONES PERO CON DIVERGENCIA FUNCIONAL)

4.1 PriA es una enzima promiscua no expandida en Actinobacteria.  
4.2 PriA está en distintos contextos genómicos relacionados a sus dos funciones conocidas.  
4.3 Modelado computacional de sustratos alternativos de PriA  
4.4 Análisis de trayectorias Evolutivas de PriA 4.5 Interacción de sustratos de PriA durante la promiscuidad enzimática.  
4.6 Análisis de promiscuidad mediante la medición de flexibilidad conformacional mediante el estudio de residuos covariados.