

# Unidad de Análisis Bioinformáticos

## Descripción de Servicios Externos

La Bioinformática es una herramienta que nos permite aplicar recursos computacionales (software y hardware) a estudios en el área de biología, permitiendo poder ver la biología en otra dimensión con datos masivos.

La Unidad de Análisis Bioinformáticos (UAB) del Centro de Ciencias Genómicas se ha dedicado a dar apoyo en esta área de bioinformática a la comunidad del CCG dentro de una gran diversidad de análisis; participando también en talleres y cursos dentro del CCG, así como en otras entidades educativas foráneas. Lo que le ha permitido tener experiencia y diversificación en el área de la Bioinformática.

## Infraestructura

Nuestro equipo de cómputo consta principalmente de 2 servidores con las siguientes características:

2 CPUs Xeon 2.4 GHZ, 32 cores, 256 GB de RAM, 24 TB de HD y 48 TB de HD externo.

2 CPUs Xeon 2.4 GHZ, 32 cores, 256 GB de RAM, 16 TB de HD.

Y un clúster con 7 nodos, 220 cores y 40 TB.

## Algunas de Nuestras Publicaciones

### Ensamblajes PacBio

2017 Ruíz-Valdiviezo VM, Rogel-Hernandez MA, Guerrero G, Rincón-Molina CI, García-Pérez LG, Gutiérrez-Miceli FA, Villalobos Maldonado JJ, López-López A, Martínez-Romero, E. and Rincón-Rosales R. "Complete genome sequence of a novel nonnodulating Rhizobium species isolated from Agave Americana L. rhizosphere". *Genome Announcements*. 5(46):e01280-17-.doi:10.1128/genomeA.01280-17] PMID:29146860.

2017 Rogel-Hernandez M.A., Guerrero G., Rincón-Molina C.I., Ruiz-Valdiviezo V.M., Cisneros-Pérez C., Castañón-Gonzalez J.H., López-López A., Martínez-Romero, E. and Rincón-Rosales R.. "Genome sequence of Acinetobacter Lactucae OTEC-02, isolated from hydrocarbon contaminated soil". *Genome Announcements*. 5(21):e00400-17-. [doi:10.1128/genomeA.00400-17] PMID:28546491.

### Análisis Genómico

2014 Mora, Yolanda, Diaz, Rafael, Vargas-Lagunas, Carmen, Peralta, Humberto, Guerrero, Gabriela, Aguilar, Alejandro, Encarnacion, Sergio, Girard, L. and Mora, J. "Nitrogen-fixing rhizobial strains isolated from common bean seeds: Phylogeny, physiology, and genome analysis". *Applied And Environmental Microbiology*. 80(18):5644-5654.[doi:10.1128/AEM.01491-14] PMID:25002426.

2011 Peralta Díaz, Humberto, Guerrero Ruiz, Maria Gabriela, Aguilar Vera, Omar Alejandro and Mora, J. "Sequence variability of Rhizobiales orthologs and relationship with physico-chemical characteristics of proteins". *Biology Direct*. 6():48-48. [doi:10.1186/1745-6150-6-48]PMID:21970442.

2005 Guerrero, G, Peralta, H, Aguilar, A, Diaz, R, Villalobos, MA, Medrano-Soto, A and Mora, J. "Evolutionary, structural and functional relationships revealed by comparative analysis of syntenic genes in Rhizobiales". *Bmc Evolutionary Biology*. 5():55-55. [doi:10.1186/1471-2148-5-55] PMID:16229745.

### Transcriptómica

Ignacio Sepúlveda-Cisternas, Luis Lozano Aguirre, Andrés Fuentes Flores, Ignacio Vásquez Solís de Ovando and Víctor Antonio García-Angulo. 2018. Transcriptomics reveals a cross modulatory effect between riboflavin and iron and outlines responses to riboflavin biosynthesis and uptake in *Vibrio cholerae*. *Scientific Reports* 8:3149.DOI:10.1038/s41598-018-21302-3

Julio Guerrero-Castro, Luis Lozano and Christian Sohlenkamp. 2018. Dissecting the Acid Stress Response of *Rhizobium tropici* CIAT 899. *Front. Microbiol.* 9:846. doi: 10.3389/fmicb.2018.00846

Beatriz Casasola-Rodríguez, Guillermo M. Ruiz-Palacios, Ramos-Cervantes Pilar, Luis Lozano, Monje-Ramírez Ignacio and María Teresa Orta de Velásquez. 2018. Detection of VBNC *Vibrio cholerae* by RT-Real Time PCR based on differential gene expression analysis. *FEMS Microbiol Lett.* Aug 1;365(15). doi: 10.1093/femsle/fny156

Marlene Ortiz-Berrocal, Luis Lozano, Alejandro Sanchez-Flores, Noreide Nava, Georgina Hernandez and Pallavolu M. Reddy. 2017. Expression in rice of an autoactive variant of *Medicago trunculata* DMI3, the Ca<sup>2+</sup>/calmodulin-dependent protein kinase from the common symbiotic pathway modifies root transcriptome and improves mycorrhizal colonization. *Plant Biotechnol Rep.* DOI 10.1007/s11816-017-0449-4

### Genómica

Renaud Condé, Pérez de la Rosa Diego, Lozano Luis, Hernández Salgado Homero, Rocha-Martínez Karina, Rojas-Ramírez E. Edmundo, Sachman-Ruiz Bernardo. 2018. Antibiotic Resistance and Potential Pathogenicity of an Isolate *Salmonella enterica enterica* Based on Genomic Comparison with of 103 and 2199 Strains Obtained from Contaminated Chicken Meat in Mexico. *Advances in Microbiology*, 2018, 8, 465-475. JCR Impact Factor: 1.17

Solís-González CJ, Domínguez-Malfavón L, Vargas-Suárez M, Gaytán I, Cevallos MA, Lozano L, Cruz-Gómez MJ, Loza-Tavera H. 2017. Novel metabolic pathway for N-methylpyrrolidone degradation in *Alicyclophilus* sp. strain BQ1. *Appl Environ Microbiol* 84:e02136-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.02136-17>.

Ramirez-Puebla, S. T., E. Ormeno-Orrillo, A. Vera-Ponce De Leon, L. Lozano, A. Sanchez, M. Rosenblueth, and E. Martinez-Romero. 2016. "Genomes of *Candidatus Wolbachia Bourtzisii* WDacA and *Candidatus Wolbachia Pipientis* WDacB from the Cochineal Insect *Dactylopius Coccus* (Hemiptera: Dactylopiidae)." *Genes|Genomes|Genetics*. doi:10.1534/g3.116.031237.

Rogel M.A., Bustos P., Santamaría R.I., González V., Romero D., Cevallos M.A., Lozano L., Castro-Mondragón J., Martínez J., Ormeño-Orrillo E., Martínez-Romero E. "Genomic basis of symbiovar mimosae in *Rhizobium etli*". *BMC Genomics* 2014, 15:575. Factor de impacto: 4.04, DOI:10.1186/1471-2164-15-575. ISSN: 1471-2164 (Online)

#### Genome Announcements

Reyna-Flores F, Barrios-Camacho H, Dantán-González E, Ramírez-Trujillo JA, Lozano Aguirre Beltrán LF, Rodríguez-Medina N, Garza-Ramos U, Suárez-Rodríguez R. 2018. Draft genome sequences of endophytic isolates of *Klebsiella variicola* and *Klebsiella pneumoniae* obtained from the same sugarcane plant. *Genome Announc* 6:e00147-18. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00147-18>.

Steffani-Vallejo JL, Zuñiga C, Cruz-Morales P, Lozano L, Morales M, Licona-Cassani C, Revah S, Utrilla J. 2017. Draft genome sequence of *Sphingobacterium* sp. CZ-UAM, isolated from a methanotrophic consortium. *Genome Announc* 5:e00792-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00792-17>.

Salgado-Morales R, Rivera-Gómez N, Lozano-Aguirre Beltrán LF, Hernández-Mendoza A, Dantán-González E. 2017. Draft genome sequence of a *Pseudomonas aeruginosa* NA04 bacterium isolated from an entomopathogenic nematode. *Genome Announc* 5:e00746-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00746-17>.

Salgado-Morales R, Rivera-Gómez N, Martínez-Ocampo F, Lozano-Aguirre Beltrán LF, Hernández-Mendoza A, Dantán-González E. 2017. Draft genome sequence of *Photorhabdus luminescens* HIM3 isolated from an entomopathogenic nematode in agricultural soils. *Genome Announc* 5:e00745-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00745-17>.

Santamaría RI, Bustos P, Pérez-Carrascal OM, Miranda-Sánchez F, Vinuesa P, Martínez-Flores I, Juárez S, Lozano L, Martínez-Romero E, Cevallos MÁ, Romero D, Dávila G, Ormeño-Orrillo E, González V. 2017. Complete genome sequences of eight *Rhizobium* symbionts associated with common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Genome Announc* 5:e00645-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00645-17>.

Moreno-Avitia F, Lozano L, Utrilla J, Bolívar F, Escalante A. 2017. Draft genome sequence of *Pseudomonas chlororaphis* ATCC 9446, a nonpathogenic bacterium with bioremediation and industrial potential. *Genome Announc* 5:e00474-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00474-17>.

Cossío-Bayúgar R, Miranda-Miranda E, Arreguín-Pérez CA, Lozano L, Pérez de la Rosa D, Rocha-Martínez MK, Bravo-Díaz MA, Sachman-Ruiz B. 2017. Draft genome sequence of *Enterococcus casseliflavus* PAVET15 obtained from the oviduct infection of the cattle tick (*Rhipicephalus microplus*) in Jiutepec, Morelos, Mexico. *Genome Announc* 5:e00196-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00196-17>.

Bustos P, Santamaría RI, Pérez-Carrascal OM, Acosta JL, Lozano L, Juárez S, Martínez-Flores I, Martínez-Romero E, Cevallos MA, Romero D, Dávila G, Vinuesa P, Miranda F, Ormeño E, González V. 2017. Complete genome sequences of three *Rhizobium gallicum* symbionts associated with common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Genome Announc* 5:e00030-17. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00030-17>.

Garza-Ramos, U., J. Silva-Sánchez, J. Catalán-Nájera, H. Barrios, N. Rodríguez-Medina, E. Garza-González, M. A. Cevallos, and L. Lozano. 2016. "Draft Genome Sequence of a Hypermucoviscous Extended-Spectrum- $\beta$ -Lactamase-Producing *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* Clinical Isolate." *Genome Announc.* 4, no. 4. doi:10.1128/genomea.00475-16.

Castro-Jaimes, Semiramis, Abraham David Salgado-Camargo, Lucía Graña-Miraglia, Luis Lozano, Paola Bocanegra-Ibarias, Patricia Volkow-Fernández, Jesus Silva-Sanchez, Santiago Castillo-Ramírez, and Miguel A. Cevallos. 2016. "Complete Genome Sequence of a Multidrug-Resistant *Acinetobacter Baumannii* Isolate Obtained from a Mexican Hospital (Sequence Type 422)." *Genome Announc.* 4, no. 3. doi:10.1128/genomea.00583-16.

## Evolución/Otros

Duran-Bedolla Josefina, Bocanegra-Ibarias Paola, Silva-Sanchez Jesús, Garza-González Elvira, Morfín-Otero Rayo, Hernández-Castro Rigoberto, Lozano L, Garza-Ramos Ulises, Barrios-Camacho Humberto. 2018. Genetic characterization of multiple NDM-1-producing clinical isolates in Mexico. *Diagnostic Microbiology & Infectious Disease*. Aceptado: 2 diciembre 2018. DOI:10.1016/j.diagmicrobio.2018.12.002

Checa-Rojas A, Delgadillo-Silva LF, Velasco-Herrera MDC, Andrade-Domínguez A, Gil J, Santillán O, Lozano L, Toledo-Leyva A, Ramírez-Torres A, Talamas-Rohana P, Encarnación-Guevara S. 2018. GSTM3 and GSTP1: novel players driving tumor progression in cervical cancer. *Oncotarget*. 2018 Apr 24;9(31):21696-21714. doi: 10.18632/oncotarget.24796. eCollection 2018 Apr 24.

Renaud Condé, Pérez de la Rosa Diego, Lozano Luis, Hernández Salgado Homero, Rocha-Martínez Karina, Rojas-Ramírez E. Edmundo, Sachman-Ruiz Bernardo. 2018. Antibiotic Resistance and Potential Pathogenicity of an Isolate *Salmonella enteric enterica* Based on Genomic Comparison with of 103 and 2199 Strains Obtained from Contaminated Chicken Meat in Mexico. *Advances in Microbiology*, 2018, 8, 465-475. JCR Impact Factor: 1.17

Graña-Miraglia L, Lozano LF, Velázquez C, Volkow-Fernández P, Pérez-Oseguera Á, Cevallos MA and Castillo-Ramírez S. 2017. Rapid Gene Turnover as a Significant Source of Genetic Variation in a Recently Seeded Population of a Healthcare-Associated Pathogen. *Front. Microbiol.* 8:1817. doi: 10.3389/fmicb.2017.01817

Esposti, Mauro Degli, Diego Cortez, Luis Lozano, Simon Rasmussen, Henrik Bjørn Nielsen, and Esperanza Martinez Romero. 2016. "Alpha Proteobacterial Ancestry of the [Fe-Fe]-hydrogenases in Anaerobic Eukaryotes." *Biology Direct Biol Direct* 11, no. 1. doi:10.1186/s13062-016-0136-

## Cursos/Talleres

TIB 2018. Talleres Internacionales de Bioinformática, Módulo: NGS Ensamble y Anotación de Genomas.

Programa docente e institución: Nodo Nacional de Bioinformática y Sociedad Iberoamericana de Bioinformática.

Nivel: maestría, doctorado, especialidad.

TIB 2017. Talleres Internacionales de Bioinformática, Módulo: NGS Ensamble y Anotación de Genomas.

Programa docente e institución: Nodo Nacional de Bioinformática y Sociedad Iberoamericana de Bioinformática.

Nivel: maestría, doctorado, especialidad.

Taller: Ensamble, anotación y creación de grupos de homólogos de genomas bacterianos.

Programa docente e institución: Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. (2017)

Nivel: maestría y doctorado

Taller: Taller de Herramientas Bioinformáticas Básicas para el Análisis de Datos Genómicos: Anotación, Genómica Comparativa y Filotecnia de genes específicos. (2017)

Programa docente e institución: Parque de Innovación Tecnológica, Universidad Autónoma de Sinaloa. Laboratorio nacional para la Investigación en Inocuidad Alimentaria

Nivel: maestría y doctorado

Curso: Introducción a la Programación Perl para el Análisis de Genomas Bacterianos. (2017)

Programa docente e institución: Licenciatura en Ciencias, área terminal Bioquímica y Biología Molecular, Instituto de Investigación en Ciencias Básicas y Aplicadas

Nivel: licenciatura

Plática: Metagenómica 16s: Preparación de muestras para la plataforma Illumina y análisis de datos. (2017)

Programa docente e institución: Instituto Nacional de Medicina Genómica

Nivel: especialidad

Plática: Ensamble y Análisis de Metagenomas. (2017)

Programa docente e institución: Instituto Nacional de Cancerología

Nivel: especialidad

Nombre del curso: Curso Básico de Genómica y Proteómica (Temas: Alineamiento de Secuencias, Análisis Bioinformático de Genomas. (2017)

Programa docente e institución: Posgrado en Ciencias. Instituto Nacional de Salud Pública

Nivel: posgrado

Curso: Transcriptómica: Análisis de datos de RNA-Seq para el Estudio de la Expresión Génica en Procariotes y Eucariotes (2016)

Programa docente e institución: Impartido a 8 investigadores de Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agronómicas y Pecuarias (INIFAP) de Morelos.

Curso impartido en el Centro de Ciencias Genómicas.

Nivel: especialidad

Taller: Análisis de Datos Genómicos y Transcriptómicos en Procariotes (2016)

Programa docente e institución: Universidad de Chile, Santiago de Chile.

Nivel: maestría y doctorado

Taller: Taller de Metagenómica Viral (2016)

Programa docente e institución: Centro de Investigación en Dinámica Celular, UAEM

Nivel: maestría y doctorado

Curso: Genómica Comparativa y Evolutiva de Bacterias (2016)

Programa docente e institución: Licenciatura en Ciencias Genómicas, CCG, UNAM

Nivel: licenciatura

Curso: Predicción y regulación de genes y Análisis de genomas

Programa docente e institución: Posgrado en Ciencias, UAEM

Nivel: especialidad y doctorado

Curso: Introducción a la Bioinformática (Tema: Filogenias) (2016)

Programa docente e institución: Licenciatura en Ciencias Genómicas, CCG, UNAM

Nivel: licenciatura

Curso: Herramientas Bioinformáticas para el Análisis de Genomas Bacterianos en Ecología y Epidemiología (2015)

Programa docente e institución: Universidad Autónoma de Sinaloa

Nivel: especialidad y doctorado

## Servicios Disponibles:

Ensamble de novo de genomas bacterianos y/o (illumina y PacBio)

Mapeo de lecturas versus genoma de referencia

Transcriptómica

Genómica Comparativa

Metagenómica

Análisis Evolutivo

Cursos

Consultorías

Asesorías técnicas para instalación de software

Si el análisis que requiere no aparece en la lista consúltenos!!

[uab-externos@ccg.unam.mx](mailto:uab-externos@ccg.unam.mx)

## Costos 2021

La **UAB** cobra sus servicios en base al tiempo requerido de procesamiento de cómputo. Los costos estimados dependen del tamaño del genoma del organismo y de la cantidad de lecturas.

Ejemplo:

Buscar:

Análisis	Tamaño de Genoma	Cantidad de Lecturas illumina paired-end	Horas de procesamiento	Total
Ensamble genoma de novo	6 Mb	5 M	2 hr	\$1,000.00 MN
Identificación de SNPs	6 Mb	50 M	5 hr	\$2,500.00 MN
Transcriptoma 2 condiciones (3 réplicas x condición )	6 Mb	20 M x réplica	15 hr	\$7,500.00 MN
Metagenómica 16S	-	0.5 M	2 hr	\$1,000.00 MN
Metagenómica shotgun (x muestra)	-	10 M	4 hr	\$2,000.00 MN

## ¿Qué se entrega?

Un reporte detallado de la metodología aplicada en un archivo PDF

Archivos de resultados que se podrán entregar al servidor que nos proporcione el solicitante y/o en un dispositivo de almacenamiento externo también proporcionado por el solicitante.

¿Tiene dudas? ... contáctenos a:

[uab-externos@ccg.unam.mx](mailto:uab-externos@ccg.unam.mx)

