

Apan, Hidalgo a 28 de Enero de 2015.



CURRÍCULUM VITAE

Martín Peralta Gil
Dr. en Ciencias Bioquímicas.

Fecha de nacimiento: 2 de Julio de 1968.

Lugar de nacimiento: México D.F.

Edad: 45 años.

Estado civil: casado.

e-mail: mperalta@ibt.unam.mx, martinpergil@gmail.com

ADSCRIPCIÓN ACTUAL

Institución: Universidad Nacional Autónoma de Hidalgo (UAEH).

Dependencia: Escuela Superior de Apan (ASAp).

Línea de Investigación: Genómica Funcional de Microorganismos Patógenos.

Nombramiento: Profesor Investigador Titular C.

Dirección: Carretera Apan-Calpulalpan Km. 8, Col. Chimalpa, C.P. 43920, Apan, Hidalgo.

Tel. Institución: (01 771) 717 2000.

FORMACIÓN ACADÉMICA

Postdoctorado: **Genómica Computacional**

Reestructuración de la base de datos, RegulonDB, relacionada con la regulación del inicio de la transcripción de *Escherichia coli* K-12.

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Dependencia: Centro de Ciencias Genómicas (CCG).

Departamento: Genómica computacional.
Jefe inmediato: Dr. Julio Collado Vides (Premio Nacional Físico-Matemáticas y Naturales 2011 y Premio Robert F. Kennedy por la Universidad de Harvard 2007).
Período: 2005-2007.
Fecha de término: Diciembre de 2008.
Cuernavaca Morelos.

Doctorado Directo: Ciencias Bioquímicas.

Tesis: Control Transcripcional del Operón Divergente *phbBAC*, de Polihidroxibutirato, Mediado por los Reguladores GacA, RpoS y PhbR en *Azotobacter vinelandii*.

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).
Dependencia: Instituto de Biotecnología (IBt).
Departamento: Microbiología Molecular.
Jefe de laboratorio y asesor: Dra. Guadalupe Espín Ocampo.
Fecha de graduación: 24 septiembre 2004
Cuernavaca Morelos.

Maestría: Biotecnología.

Proyecto: “Implementación de la tecnología de Phage Display para la selección de anticuerpos capaces de interactuar con las toxinas de *Bacillus thuringiensis*”.

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).
Dependencia: Instituto de Biotecnología (IBt).
Departamento: Microbiología Molecular.
Jefe del laboratorio y asesor: Dr. Mario Soberón Chávez (Premio de Investigación en Biotecnología Agrícola, AgroBIO, 2006).
Fecha de graduación: 100% de créditos en la Maestría en Biotecnología con pase directo al Doctorado en Ciencias Bioquímicas.
Período: Julio 1996 a Julio 1998.
Cuernavaca Morelos.

Licenciatura: Biología

Tesis: “Selección de péptidos (anticuerpos scFv) capaces de unirse a la δ -endotoxina Cry1Ab de *Bacillus thuringiensis* mediante phage display”

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).
Dependencia: Facultad de Ciencias.
Institución donde se realizó la tesis: Instituto de Biotecnología (IBt)

Departamento: Microbiología Molecular.
Jefe del laboratorio y asesor: Dr. Mario Soberón Chávez.
Promedio: 9.0
Fecha de graduación: 2 Diciembre 1998.
Facultad de Ciencias, Ciudad Universitaria UNAM.

Estancia: Primer proyecto de la Licenciatura.

Institución: Instituto de Biotecnología (UNAM).
Departamento: Ingeniería Celular y Biocatálisis.
Proyecto: Delimitación de la región de control del gene *pykF* (piruvato cinasa I) de *Escherichia coli*.
Jefe del laboratorio: Dr. Francisco Bolívar Zapata (Premio Internacional Príncipe de Asturias de Investigación Científica y Técnica 1991).
Asesor: Dra. Elizabeth Ponce Rivas.
Período: Noviembre de 1995 a Julio de 1996.
Cuernavaca Morelos.

Servicio Social

Institución: Instituto de Biotecnología (UNAM).
Departamento: Ingeniería Celular y Biocatálisis.
Proyecto: Evaluación del uso de un nuevo desintegrador de células para la medición de actividades enzimáticas en extractos de *Escherichia coli*.
Jefe del laboratorio: Dr. Francisco Bolívar Zapata (Premio Internacional Príncipe de Asturias de Investigación Científica y Técnica 1991).
Asesor: Dra. Elizabeth Ponce Rivas.
Período: Julio de 1995 a Noviembre de 1995.
Cuernavaca Morelos.

BECAS OTORGADAS.

Becado por la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) y por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) para continuar con los estudios de Doctorado Directo en el Laboratorio de Microbiología Molecular, del Instituto de Biotecnología UNAM, dirigido por la Dra. Guadalupe Espín Ocampo. Cuernavaca Morelos, 2001-2004.

Becado por la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) y por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) para realizar estudios de Doctorado en

el Laboratorio de Microbiología Molecular, del Instituto de Biotecnología UNAM, dirigido por el Dr. Mario Soberón. Cuernavaca Morelos, 1999-2000.

Becado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) para realizar estudios de Licenciatura y Maestría en el Laboratorio de Microbiología Molecular, del Instituto de Biotecnología UNAM, dirigido por el Dr. Mario Soberón. Cuernavaca Morelos 1996-1998.

Becado por el Instituto de Biotecnología (IBt) para realizar estancia en el Laboratorio de Ingeniería Celular y Biocatálisis, dirigido por el Dr. Francisco Bolívar Zapata (Premio Príncipe de Asturias 1991), Cuernavaca Morelos, 1995.

RECONOCIMIENTOS

R. Nacionales:

Título de la Distinción: Investigador Nacional Nivel I.

Otorgante: Sistema Nacional de Investigadores (SNI).

Institución Otorgante: Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Vigencia: Enero de 2012 al 31 de Diciembre de 2015.

Título de la Distinción: Asesor de la alumna Annett Marianne Peralta Arteaga, del Instituto Tecnológico de Monterrey, ganadora del concurso a nivel nacional: XII Concurso Leamos la Ciencia para Todos 2011-2012.

Premio: Ganadora en la categoría C “Reseña Crítica”.

Otorgante: Fondo de Cultura Económica (FCE).

Institución Otorgante: Secretaría de Educación Pública.

Fecha: Octubre 2012.

Cuernavaca Morelos.

Título de la Distinción: Premio Nacional Físico-Matemáticas y Naturales 2011 al Dr. Julio Collado Vides y a su grupo de investigación.

Descripción de la Distinción: La Distinción se extiende al Grupo del Dr. Julio Collado Vides por el mérito académico y la aportación del desarrollo de la Bioinformática en México.

Otorgante: Presidencia de la República.

Institución Otorgante: Gobierno de la República Mexicana.

Vigencia: Enero a Diciembre de 2012.

Título de la Distinción: Investigador Nacional Nivel I.

Otorgante: Sistema Nacional de Investigadores (SNI).

Institución Otorgante: Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Vigencia: Enero de 2009 al 31 de Diciembre de 2011.

Título de la Distinción: Candidato a Investigador Nacional.

Otorgante: Sistema Nacional de Investigadores (SNI).

Institución Otorgante: Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Vigencia: Enero de 2006 al 31 de Diciembre de 2008.

R. Estatales:

Título de la Distinción: Investigador Honorífico de Morelos 2013.

Otorgante: Sistema Estatal de Investigadores (SEI).

Institución Otorgante: Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

Vigencia: Enero de 2014 al 31 de diciembre de 2014.

Título de la Distinción: Investigador Honorífico de Morelos 2012.

Otorgante: Sistema Estatal de Investigadores (SEI).

Institución Otorgante: Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

Vigencia: Enero de 2013 al 31 de diciembre de 2013.

Título de la Distinción: Investigador Honorífico de Morelos 2011.

Otorgante: Sistema Estatal de Investigadores (SEI).

Institución Otorgante: Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

Vigencia: Enero de 2012 al 31 de diciembre de 2012.

Título de la Distinción: Investigador Honorífico de Morelos 2010.

Otorgante: Sistema Estatal de Investigadores (SEI).

Institución Otorgante: Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

Vigencia: Enero de 2011 al 31 de diciembre de 2011.

Título de la Distinción: Investigador Honorífico de Morelos 2009.

Otorgante: Sistema Estatal de Investigadores (SEI).

Institución Otorgante: Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

Vigencia: Enero de 2010 al 31 de diciembre de 2010.

Distinciones en publicaciones científicas de alto impacto a nivel internacional:

Título de la Distinción: Artículo incluido dentro de las mejores publicaciones del año 2011.

Descripción de la Distinción: El artículo fue galardonado en términos de originalidad, significancia y excelencia científica a nivel mundial.

Revista Otorgante: *Nucleic Acids Research* (NAR).

Otorgantes: Editores ejecutivos, miembros editoriales y revisores de la revista NAR.

Editor: Oxford University Press.

Ciudad de origen: Reino Unido de Gran Bretaña (United Kingdom).

Año: 2011.

Referencia bibliográfica del artículo:

Gama-Castro S, Salgado H, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Muñiz-Rascado L, Solano-Lira H, Jimenez-Jacinto V, Weiss V, García-Sotelo JS, López-Fuentes A, Porrón-Sotelo L, Alquicira-Hernández S, Medina-Rivera A, Martínez-Flores I, Alquicira-Hernández K, Martínez-Adame R, Bonavides-Martínez C, Miranda-Ríos J, Huerta AM, Mendoza-Vargas A, Collado-Torres L, Taboada B, Vega-Alvarado L, Olvera M, Olvera L, Grande R, Morett E, Collado-Vides J. **2011. RegulonDB version 7.0: transcriptional regulation of *Escherichia coli* K-12 integrated within genetic sensory response units (Gensor Units).** *Nucleic Acids Res.* **39**:D98-105.

Título de la Distinción: Artículo incluido dentro de las mejores publicaciones del año 2011.

Descripción de la Distinción: el artículo fue galardonado en términos de originalidad, significancia y excelencia científica a nivel mundial.

Revista Otorgante: *Nucleic Acids Research* (NAR).

Otorgantes: Editores ejecutivos, miembros editoriales y revisores de la revista NAR.

Editor: Oxford University Press.

Ciudad de origen: United Kingdom.

Año: 2011.

Referencia bibliográfica del artículo:

Keseler IM, Collado-Vides J, Santos-Zavaleta A, **Peralta-Gil M**, Gama-Castro S, Muñiz-Rascado L, Bonavides-Martínez C, Paley S, Krummenacker M, Altman T, Kaipa P, Spaulding A, Pacheco J, Latendresse M, Fulcher C, Sarker M, Shearer AG, Mackie A, Paulsen I, Gunsalus RP, Karp PD. **2011. EcoCyc: a comprehensive database of *Escherichia coli* biology.** *Nucleic Acids Res.* **39**:D583-90.

Invitaciones especiales para publicar en revistas científicas mexicanas y extranjeras.

Institución: Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM).

Descripción de la invitación: Invitación especial para publicar un artículo de Divulgación Científica, en el 9 aniversario de la Revista *HYPATIA*.

Revista: *HYPATIA*.

Año: 2010.

Ciudad de origen: Cuernavaca Morelos.

Referencia bibliográfica del artículo: Santos-Zabaleta A., **Peralta-Gil M.** y Gama-Castro S. **2010.** Boiocuradores: su aportación al mundo de la ciencia. *Hypatia.* 34: 26-27pp.

Institución: American Society for Microbiology

Descripción de la invitación: La Sociedad Americana de Microbiología (American Society for Microbiology) nos consideró como uno de los mejores grupos bioinformáticos en el mundo, por tal razón nos extendió la invitación a publicar una revisión en un número especial dedicado a la aplicación de la Bioinformática en el campo experimental.

Revista: *Journal of Bacteriology*.

Ciudad de origen: Estados Unidos. Año: 2009.

Referencia bibliográfica del artículo:

Collado-Vides J, Salgado H, Morett E, Gama-Castro S, Jiménez-Jacinto V, Martínez-Flores I, Medina-Rivera A, Muñoz-Rascado L, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A. 2009. Bioinformatics resources for the study of gene regulation in bacteria. *J Bacteriol.* **191**(1):23-31.

Reconocimientos como evaluador de proyectos y publicaciones científicas:

Título de la Distinción: Evaluador de Proyectos Nacionales, Acreditado por el CONACyT.

Descripción de la distinción: Incluye únicamente a los investigadores y especialistas de cada área de conocimiento para revisar las propuestas y proyectos de investigación científica, desarrollo de innovación tecnológica y formación de recursos humanos, de los Fondos de Investigación y Programas del CONACyT.

Otorgante: Registro CONACyT de Evaluadores Acreditados (RCEA).

Institución Otorgante: Sistema Nacional de Evaluación Científica y Tecnológica (SINECYT)

Vigencia: 2009 a la fecha.

Título de la Distinción: Revisor de artículos de investigación científica.

Descripción de la distinción: Revisión de artículos científicos para su aceptación y publicación.

Revista Otorgante: INTERCIENCIA.

Institución Otorgante: Revista de Ciencia y Tecnología de América, INTERCIENCIA.

Vigencia: 2006 a la fecha.

Título de la Distinción: Evaluador externo de proyectos de investigación.

Descripción de la distinción: Evaluación de proyectos de investigación en la 11ª Convocatoria del Sistema Institucional de Investigación de la Universidad Autónoma de Chiapas.

Otorgante: Sistema Institucional de Investigación de la Universidad Autónoma de Chiapas (SIINV-UNACH).

Institución Otorgante: Universidad Autónoma de Chiapas (UNACH)

Fecha: Octubre de 2012.

Tuxtla Gutiérrez Chiapas.

SOCIEDADES PROFESIONALES A LAS QUE PERTENECE:

Miembro de la Sociedad Mexicana de Bioquímica.

Miembro de la Sociedad Mexicana de Microbiología.

Miembro de la Sociedad de la Red Iberoamericana de Bionformática (REDBIO).

Miembro de la International Society of Biocuration (ISB).

PRODUCCIÓN PRIMARIA.

Capítulos en libros.

Karp PD, Weaver D, Paley S, Fulcher C, Kubo A, Kothari A, Krummenacker M, Subhraveti P, Weerasinghe D, Gama-Castro S, Huerta AM, Muñoz-Rascado L, Bonavides-Martinez C, Weiss V, Peralta-Gil M, Santos-Zavaleta A, Schröder I, Mackie A, Gunsalus R, Collado-Vides J, Keseler IM, Paulsen I. The EcoCyc Database. "EcoSal Plus". 2014;2014.

ASM Press, USA,

EISSN: 2324-6200 (ebook).

doi:10.1128/ecosalplus.ESP-0009-2013.

PMID: 25431773

Publicaciones científicas en revistas, internacionales, indexadas.

Salgado H, **Peralta-Gil M**, Gama-Castro S, Santos-Zavaleta A, Muñoz-Rascado L, García-Sotelo JS, Weiss V, Solano-Lira H, Martínez-Flores I, Medina-Rivera A, Salgado-Ororio G, Alquicira-Hernández S, Alquicira-Hernández K, López-Fuentes A, Porrón-Sotelo L, Huerta AM, Bonavides-Martínez C, Balderas-Martínez YI, Pannier L, Olvera M, Labastida A, Jiménez-Jacinto V, Vega-Alvarado L, Del Moral-Chávez V, Hernández-Alvarez A, Morett E, Collado-Vides J. RegulonDB v8.0: omics data sets, evolutionary conservation, regulatory phrases, cross-validated gold standards and more. *Nucleic Acids Res.* **2013** Jan 1;**41**(D1):D203-D213. PUBMED: 23203884

ISSN: 0305-1048

doi: 10.1093/nar/gks1201

Keseler IM, Mackie A, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Gama-Castro S, Bonavides-Martínez C, Fulcher C, Huerta AM, Kothari A, Krummenacker M, Latendresse M, Muñoz-Rascado L, Ong Q, Paley S, Schröder I, Shearer AG, Subhraveti P, Travers M, Weerasinghe D, Weiss V, Collado-Vides J, Gunsalus RP, Paulsen I, Karp PD. EcoCyc: fusing model organism databases with systems biology. *Nucleic Acids Res.* **2013** Jan 1;**41**(D1):D605-12.

Keseler IM, Collado-Vides J, Santos-Zavaleta A, **Peralta-Gil M**, Gama-Castro S, Muñoz-Rascado L, Bonavides-Martinez C, Paley S, Krummenacker M, Altman T, Kaipa P, Spaulding A, Pacheco J, Latendresse M, Fulcher C, Sarker M, Shearer AG, Mackie A, Paulsen I, Gunsalus RP, Karp PD. **2011**. EcoCyc: a comprehensive database of *Escherichia coli* biology. *Nucleic Acids Res.* **39**:D583-90.

Gama-Castro S, Salgado H, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Muñoz-Rascado L, Solano-Lira H, Jimenez-Jacinto V, Weiss V, García-Sotelo JS, López-Fuentes A, Porrón-Sotelo L, Alquicira-Hernández S, Medina-Rivera A, Martínez-Flores I, Alquicira-Hernández K, Martínez-Adame R, Bonavides-Martínez C, Miranda-Ríos J, Huerta AM, Mendoza-Vargas A, Collado-Torres L, Taboada B, Vega-Alvarado L, Olvera M, Olvera L, Grande R, Morett E, Collado-Vides J. **2011**. RegulonDB version 7.0: transcriptional regulation of *Escherichia coli* K-12 integrated within genetic sensory response units (Sensor Units). *Nucleic Acids Res.* **39**:D98-105.

Collado-Vides J, Salgado H, Morett E, Gama-Castro S, Jiménez-Jacinto V, Martínez-Flores I, Medina-Rivera A, Muñiz-Rascado L, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A. **2009**. Bioinformatics resources for the study of gene regulation in bacteria. *J Bacteriol.* **191**(1):23-31.

Citas-ISI-WEW: 3

Keseler IM, Bonavides-Martínez C, Collado-Vides J, Gama-Castro S, Gunsalus RP, Johnson DA, Krummenacker M, Nolan LM, Paley S, Paulsen IT, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Shearer AG, Karp PD. **2009**. EcoCyc: a comprehensive view of *Escherichia coli* biology. *Nucleic Acids Res.* **37**:D464-70.

Citas-ISI-WEW: 72

Gama-Castro S, Jiménez-Jacinto V, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Peñaloza-Spinola MI, Contreras-Moreira B, Segura-Salazar J, Muñiz-Rascado L, Martínez-Flores I, Salgado H, Bonavides-Martínez C, Abreu-Goodger C, Rodríguez-Penagos C, Miranda-Ríos J, Morett E, Merino E, Huerta AM, Treviño-Quintanilla L, Collado-Vides J. **2008**. RegulonDB (version 6.0): gene regulation model of *Escherichia coli* K-12 beyond transcription, active (experimental) annotated promoters and Textpresso navigation. *Nucleic Acids Res.* **36**(Database issue):D120-4.

Citas-ISI-WEW: 125

Peter D. Karp, Ingrid M. Keseler, Alexander Shearer, Mario Latendresse, Markus Krummenacker, Suzanne Paley, Ian Paulsen, Julio Collado-Vides, Socorro Gama, **Martin Peralta**, Alberto Santos-Zavaleta, Monica Peñaloza, Cesar Bonavides-Martinez, and John Ingraham. **2007**. Multidimensional Annotation of the *E. coli* Genome. *Nucleic Acids Res.* **35**(22):7577-90.

Citas-ISI-WEW: 73

Salgado H, Santos-Zavaleta A, Gama-Castro, **Peralta-Gil M**, Penaloza-Spinola M.I., Martinez-Antonio A, Peter D. Karp, Collado-Vides J. **2006**. The comprehensive updated regulatory network of *Escherichia coli* K-12. *BMC Bioinformatics.* **7**(1):5

Citas-ISI-WEW: 30

Salgado H, Gama-Castro, **Peralta-Gil M**, Diaz-Peredo E, Sanchez-Solano F, Santos-Zavaleta A, Martines-Flores I, Jimenes-Jacinto V, Bonavides-Martínez C, Segura-Salazar J, Martinez-Antonio A, Collado-Vides J. **2006**. RegulonDB (version 5.0): *Escherichia coli* K-12 transcriptional regulatory network, operon organization, and growth conditions. *Nucleic Acids Res.* **1**;34(Database issue):D394-7.

Citas-ISI-WEW: 149

Keseler I M., Collado-Vides J, Gama-Castro S, Ingraham J, Paley S, Paulsen I, **Peralta-Gil M** and Peter D. Karp. **2005**. EcoCyc: a comprehensive database resource for *E. coli*. *Nucleic Acids Res.* **1**;33(Database issue):D334-7.

Citas-ISI-WEW: 283

Salgado H, Gama-Castro S, Martínez-Antonio A, Díaz-Peredo E, Sánchez-Solano F, **Peralta-Gil M**, Garcia Alonso D, Jiménez-Jacinto V, Santos-Zavaleta A, Bonavides-Martínez C and Colado-

Vides J. **2004**. RegulonDB (version 4.0): Transcriptional Regulation, Operon Organization and Growth conditions in *Escherichia coli* K-12. *Nucleic Acids Research*, **32**: D303-D306.

Citas-ISI-WEW: 126

Peralta-Gil M., Segura D., Guzman J., Servin-Gonzalez L. and Espín G. **2002**. Expression of the *Azotobacter vinelandii* Poly-beta-hydroxybutyrate Biosynthetic *phbBAC* Operon is Driven by Two Overlapping Promoters and is Dependent on the Transcriptional Activator PhbR. *Journal of Bacteriology*. **184** (20): 5672-7.

Citas-ISI-WEW: 21

Artículos científicos publicados en revistas de divulgación científica.

Santos-Zabaleta A., **Peralta-Gil M.** y Gama-Castro S. **2010**. Boiocuradores: su aportación al mundo de la ciencia. *Hypatia*. 34: 26-27pp.

Artículos científicos publicados en memorias de congresos.

Martín Peralta-Gil M., Alberto Santos-Zabaleta, Socorro Gama-Castro, Veronica Jiménez-Jacinto, Cesar Bonavides-Martines, Luis Muñis-Rascado, Hilda Solano-Lira, Araceli Huerta, Alejandra Medina-Rivera, Heladia Salgado, Irma Martínez-Flores, Enrique Morett, Ingrid Keseler and Julio Collado-Vides. **2010**. RegulonDB: a new window to the genetic regulation of *Escherichia coli* K-12. *EMBnet.journal*. July, 16:supA

Agradecimientos, en artículos publicados, en revistas arbitradas de alto impacto.

Contreras-Moreira, B. and Collado-Vides. J. **2006**. Comparative footprinting of DNA-binding proteins. *Bioinformatics*. **22**(14):e74-80.

Martines-Antonio A. Janga SC, Salgado H, Collado-Vides J. **2005**. Internal-sensing machinery directs the activity of the regulatory network in *Escherichia coli*. *Trends Microbiol*. **14** (1):22-7. Epub.

Mauricio A. Trujillo-Roldán, Carlos Peña and Enrique Galindo. **2003**. Components in the inoculum determine the kinetics of *Azotobacter vinelandii* cultures and the molecular weight of its alginate. *Biotechnology letters*. **25**: 1251-1254.

Isabel Gómez, Daniela I. Oltean, Sarjeet S. Gill, Alejandra Bravo, and Mario Soberón. **2001**. Mapping the Epitope in Cadherin-like Receptors Involved in *Bacillus thuringiensis* Cry1A Toxin Interaction Using Phage Display. *The Journal of Bacteriological Chemistry*. **276** (31): 28906-28912.

PRESENTACIÓN DE TRABAJOS EN CONGRESOS.

Trabajos presentados en Congresos Internacionales:

Yalbi Balderas-Martínez, Socorro Gama-Castro, **Martin Peralta-Gil**, Alberto Santos-Zavaleta, Verena Weiss and Julio Collado-Vides. Major challenges for a precise curation of knowledge of gene regulation in bacteria. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Sciences, UNAM. Cuernavaca, Mor., México. The 6th International Biocuration Conference. **Churchill College, Cambridge, UK.** April 7-10, **2013.**

***Peralta-Gil, M.**, Ledezma-Tejeida D., Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A. and Collado-Vides J. Integration of the transcriptional regulation of carbon sources, in *Escherichia coli* K-12, with their central metabolism and other cellular systems. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Sciences, UNAM. Cuernavaca, Mor., México. The 6th International Biocuration Conference. **Churchill College, Cambridge, UK.** April 7-10, **2013.** [*martin@ccg.unam.mx](mailto:martin@ccg.unam.mx).

Peralta-Gil Martin*, Oliver Ocaño, P., Muñoz-Rascado, L. J. Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Salgado H., Merino E. and Julio Collado-Vides. Annotation of degenerated transcription factors binding sites in *Escherichia coli* K-12. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 5th International Biocuration Conference. **Washington, D.C., USA.** April 2-4, **2012.** martin@ccg.unam.mx.

Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil Martin***, Gama-Castro S., Weiss, V., Salgado H. and Julio Collado-Vides. RegulonDB: toward a complete view of the cell regulatory knowledge. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 5th International Biocuration Conference. **Washington, D.C., USA.** April 2-4, **2012.** asantos@ccg.unam.mx.

Socorro Gama-Castro*, **Martin Peralta-Gil**, Verena Weiss, Heladia Salgado, Hilda Solano-Lira, Jair S. García-Sotelo, Kevin Alquicira-Hernández, Shirley Alquicira-Hernández, Liliana Porrón-Sotelo and Julio Collado-Vides. Genetic Sensory Response Units (Gensor Units) in RegulonDB. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 5th IECA Conference 2011. Gene Regulatory networks in the Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9, **2011.** [*sgama@ccg.unam.mx](mailto:sgama@ccg.unam.mx)

Pannier, L^{1*}, **Peralta-Peralta, M.**¹, Medina-Rivera, A.¹, Marchal, K.², Collado-Vides, J¹. An integrative approach to map the *E.coli* genotypic network into phenotypic profiles of simple and complex regulation. ¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences. UNAM México. ²Department of Microbial and Molecular Systems, Katholieke Universiteit Leuven, Heverlee-Leuven, Belgium. 5th IECA Conference 2011. Gene Regulatory networks in the Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9. **2011.** lpannier@ccg.unam.mx.

Salgado, H.^{1*}, Gama-Castro, S.¹, **Peralta-Gil, Martin.**¹, Santos-Zavaleta, A.¹, Muñoz-Rascado, L.¹, Martínez-Flores, I.¹, Solano-Lira, H.¹, Weiss V.¹, García-Sotelo J.S.¹, Porrón-Sotelo, L.¹, Alquicira-Hernández, S.¹, Medina-Rivera, A.¹, Alquicira-Hernández, K.¹, Martínez-Adame R.¹,

Salgado-Osorio, G. ¹, López-Fuentes, A. ¹, Del Moral-Chávez, V. ¹, Bonavides-Martínez, C. ¹, Jiménez-Jacinto, V. ², Collado-Torres, L. ³, Kessler, I. ⁴, Morett, E. ⁵ and Collado-Vides, J. ¹. RegulonDB versión 7.2. ¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., ²Unidad de Secuenciación Masiva de DNA Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca-Mor., ³Winter Genomics, USA., ⁴SRI International, Menlo Park C.A., USA., ⁵Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca Mor. 5th IECA Conference 2011. Gene Regulatory networks in the Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9. **2011.**
[*heladia@ccg.unam.mx](mailto:heladia@ccg.unam.mx)

I.M. Keseler¹, T. Altman¹, C. Bonavides-Martinez², J. Collado-Vides², S. Gama-Castro², R. Gunsalus³, A. Kothari¹, M. Krummenacker¹, M. Latendresse¹, A. Mackie⁴, S. Paley¹, I. Paulsen⁴, **M. Peralta-Gil**², A. Santos-Zavaleta², A.G. Shearer¹, V. Weiss², and P.D. Karp¹. The EcoCyc Database—Integrating And Transferring Knowledge About *E. coli*. ¹SRI International, Menlo Park, CA; ²Natl. Autonomous Univ. of México, Cuernavaca, México, ³Univ. of California, Los Angeles, CA, ⁴Macquarie University, Sydney, Australia. 111th General Meeting American Society for Microbiology (ASM). **New Orleans, Louisiana.** May 21-24, **2011.**

* Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil Martin**, Weiss V., Salgado H. Solano H. and Collado-Vides, J. Information on transcriptional regulation and signal transduction of *Escherichia coli* K-12 integrated in the database RegulonDB. Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., Fourth International Biocuration Conference. **Odaiba-Tokyo, Japan.** October 11-14, **2010.** [*sgama@ccg.unam.mx](mailto:sgama@ccg.unam.mx)

I.M. Keseler¹, T. Altman¹, C. Bonavides-Martinez², J. Collado-Vides², C. Fulcher¹, S. Gama-Castro², R. Gunsalus³, A. Kothari¹, M. Krummenacker¹, M. Latendresse¹, A. Mackie⁴, S. Paley¹, M. Sarker¹, I. Paulsen⁴, **M. Peralta-Gil**², A. Santos-Zavaleta², A.G. Shearer¹, V. Weiss², and P.D. Karp¹. The EcoCyc Database—Integrating And Transferring Knowledge About *E. coli*. ¹SRI International, Menlo Park, CA; ²Natl. Autonomous Univ. of México, Cuernavaca, México, ³Univ. of California, Los Angeles, CA, ⁴Macquarie University, Sydney, Australia. Fourth International Biocuration Conference. **Odaiba-Tokyo, Japan.** October 11-14, **2010.**

Peralta-Gil M.*¹, Santos-Zavaleta A. ¹, Gama-Castro S. ¹, Jiménez-Jacinto V. ¹, Bonavides-Martínez C. ¹, Muñoz-Rascado L. ¹, Solano-Lira H. ¹, Huerta A. ¹, Medina-Rivera A. ¹, Salgado H. ¹, Martínez-Flores I. ¹, Morett E.², Keseler IM.³, and Collado-Vides J*. RegulonDB: the computationally modeled bioinformatic platform available to systems and integrative studies of the *E. coli* K-12 cell regulatory repertoire. Program of Computational Genomics, CCG-UNAM, Av. Universidad s/n, Col Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México. ²Instituto de Biotecnología, UNAM, Cuernavaca Mor. Méx. ³SRI International, 333 Ravenswood Ave EK207, Menlo Park CA 94025. 3er International Biocuration Conference. **Berlin, Germany.** April 16-19, **2009.**
[*martin@ccg.unam.mx](mailto:martin@ccg.unam.mx); [*collado@ccg.unam.mx](mailto:collado@ccg.unam.mx).

Peralta-Gil M.*¹, Santos-Zavaleta A. ¹, Gama-Castro S. ¹, Jiménez-Jacinto V. ¹, Bonavides-Martínez C. ¹, Muñoz-Rascado L. ¹, Solano-Lira H. ¹, Huerta A. ¹, Medina-Rivera A. ¹, Salgado H. ¹, Martínez-Flores I. ¹, Morett E.², Keseler IM.³, and Collado-Vides J*¹. RegulonDB: a new window to the genetic regulation of *Escherichia coli* K-12. ¹Program of Computational

Genomics-UNAM, Av. Universidad s/n, Col Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México. ²Instituto de Biotecnología, UNAM, Cuernavaca Mor. Méx. ³SRI International, 333 Ravenswood Ave EK207, Menlo Park CA 94025. “International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009. Puerto Morelos, **Quintana Roo, México**. September 23-29, **2009**. *martin@ccg.unam.mx; collado@ccg.unam.mx.

Santos-Zavaleta, Alberto, Peñaloza-Spinola, Mónica I., Gama-Castro, Socorro; **Peralta-Gil, Martín**, Jiménez-Jacinto, Verónica; Salgado, Heladia; Bonavides-Martínez, César; Segura-Salazar, Juan; Muñiz-Rascado, Luis; Contreras-Moreira, Bruno; Collado-Vides, Julio. RegulonDB, the curation process and content of transcriptional regulation of the largest studied regulatory network of a living cell-*Escherichia coli* 12. 2nd International BIO-Cutariion meeting, **San Jose, CA**. October 25-28 **2007**.

Santos-Zavaleta A., Salgado H., Gama-Castro S., **Peralta-Gil M.**, Contreras-Moreira B., Peñaloza-Spínola M. I., and Collado-Vides J. RegulonDB: The Most Important Database in Transcriptional Regulatory Network, Operon Organization, and Growth Conditions of *Escherichia coli* K-12. The Fifth International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure. **BGRS**. July 16-22, **2006**.

Peñaloza-Spínola M.I., **Peralta-Gil M.***, Gama-Castro S., Contreras-Moreira B., Santos-Zavaleta A., Martínez- and Collado-Vides J. RegulonDB: Going Beyond Transcriptional Regulation. The Fifth International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure **BGRS**. July 16-22, **2006**.

Heladia Salgado, Socorro Gama-Castro, **Martín Peralta-Gil**, Edgar Díaz-Peredo, Fabiola Sánchez-Solano, Alberto Santos-Zavaleta, Verónica Jiménez-Jacinto, Irma Martínez Flores, César Bonavides-Martínez, Juan Segura-Salazar, Mónica I. Peñaloza-Spínola, Bruno Contreras-Moreira, Agustino Martínez-Antonio, Julio Collado-Vides. RegulonDB (version 5.0): *Escherichia coli* K-12 Transcriptional Regulatory Network, Operon Organization, and Growth Conditions.*Program of Computational Genomics, CCG-UNAM, Av. Universidad s/n, Col Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México*correspondence to: collado@ccg.unam.mx. The 1st International Biocurator Meeting, **Asilomar, Ca**. December 8 – 11, **2005**.

Martínez-Flores I., Gama-Castro S., **Peralta-Gil M.**, Santos-Zavaleta A., Peñaloza-Spínola M., Paley S., Bonavides-Martínez C., Contreras-Moreira B., Karp P. and Collado-Vides J. Curation of the transcriptional Regulation in EcoCyc.* Program of Computational Genomics, CCG-UNAM, Av. Universidad s/n, Col Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México +Bioinformatics Research Group, SRI International, 333 Ravenswood Avenue, Menlo Park, CA 94025, USA *correspondence to collado@ccg.unam.mx. The 1st International Biocurator Meeting, **Asilomar, Ca**. December 8 - 11, **2005**.

Gama-Castro S., **Peralta-Gil M.**, Santos-Zavaleta A., Paley S., Bonavides-Martínez C., Contreras-Moreira B., Karp P. and Collado-Vides J. Transcriptional regulation in EcoCyc. FASEB Summer Research Conferences. Mechanisms & Regulation of Prokaryotic Transcription. Saxtons River, **Vermont, USA**. Junio 18-23 **2005**.

Santos-Zavaleta A., Salgado H., Gama-Castro S., **Peralta-Gil M.**, Díaz-Peredo E., Sánchez-Solano F., Martínez-Antonio A., Bonavides-Martínez C., Jiménez-Jacinto V., García-Alonso D. and Collado-Vides J. From RegulonDB to a Prokaryotic Multigenome in silico Environment. FASEB Summer Research Conferences. Mechanisms & Regulation of Prokaryotic Transcription. Saxtons River, **Vermont, USA**. Junio 18-23 **2005**.

Arnaud M., Bonavides C., Collado-Vides J., Gama-Castro S., Hance M., Ingraham J., Paley S., Paulsen I., **Peralta-Gil M.**, Pick J., Saier M., Tran C. and Karp P. “Recent Developments in the EcoCyc *Escherichia coli* Model organism Database” ASM meeting, May **2004**, **EE.UU**.

Gama-Castro S., **Peralta-Gil M.**, Martínez-Antonio A., Santos-Zavaleta A., Salgado H., Jimenez V. and Collado-Vides J. Program of Computational Genomics, CIFN, UNAM, A.P. 565-A, Cuernavaca, Morelos 62100, México. “RegulonDB: Curation, Literature Search, Notation and Evidences about Transcriptional Regulation and Transcription Unit Organization in *Escherichia coli* K12”. The Second Curators Meeting, Medical College of Wisconsin, October 27-28, **2003** at RGD in **Milwaukee, WI**.

Martín Peralta-Gil, Josefina Guzmán, Luis Servín, Raúl Noguez and Guadalupe Espín. “Regulation of the poly- β -hydroxybutyrate biosynthetic genes by GacA and PhbR in *Azotobacter vinelandii*” .ASM Meeting, Conventtion Center, **Salt Lake City, Utha**, May **2002**.

R. Noguez, D. Segura, S. Moreno, J. guzmán, **M. Peralta-Gil**, L. Servín and G. Espín. “The Role of IIA^{ntr} protein in regulation of Polyhydroxybutyrate Acumulation and Cyst formation in *Azotobacter vinelandii*” ASM Meeting, Conventtion Center, **Salt Lake City, Utha**, May **2002**.

Peralta-Gil M., Guzmán J., Moreno S. y Espín G. VI Conference on Bacterial locomotion and Signal Transduction of 14-19 november, **Cuernavaca México**, **2001**.

Peralta-Gil M., A. B. de la Parra and M. Soberón. “Isolation and Characterization of Peptides from a Phage Variant Library which are able of Binding to Cry1A(b) δ -Endotoxin as its Natural Receptor” 12th World Congress on Animal, Plant and Microbial toxins” **Cuernavaca, Morelos**, México from the 21th to the 26th of September, **1997**.

Trabajos presentados en Congresos Nacionales:

¹Teresa, Romero-Cortes, ²Consuelo Paz-Camacho, ¹Jaime, A. Cuervo-Parra, ¹Pablo A. López-Pérez, ¹Victor H. Pérez-España, ¹**Martín Peralta-Gil**, ²Miguel A. García-Alvarado, ²Víctor J. Robles-Olvera y ²Guadalupe del C. Rodríguez-Jimenes*. Efecto del glicerol sobre el contenido de humedad y aw de la cutícula del maguey pulquero (*Agave salmiana*) a temperaturas de refrigeración. ¹Escuela Superior de Apan, UAEH, Carretera Apan-Calpulalpan, Km 8, Chimalpa Tlalayote s/n, Colonia Chimalpa, Apan, Hidalgo. México. C.P. 43900 Tel (771) 7172000 ext 5805. *Email: tromerocortes@gmail.com. ²Unidad de Investigación y Desarrollo en Alimentos.

Instituto Tecnológico de Veracruz. Av. M. A. de Quevedo No. 2779. Col. Formando Hogar C.P. 91897 Veracruz, Ver. México. Fax: (229) 934 57 01. Apan, Hidalgo. Noviembre de 2014.

Peralta-Gil Martín*^{1, 2}, Oliver Ocaño Patricia², Tabche M. L.² y Merino Enrique². Identificación de Sitios de Unión de Factores de Transcripción, de las familias LysR y AraC/XylS, en *Escherichia coli* K-12.¹Dept. Biotecnología, Escuela Superior de Apan Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Apan, Hgo., ²Dpto. Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología UNAM, Cuernavaca Mor. México, Octubre 2014.
*mperalta@ibt.unam.mx

Patricia Oliver Ocaño¹, **Martín Peralta Gil**¹, María Tabche² y Enrique Merino Pérez². Nuevo enfoque integrativo en la identificación de los Sitios de Unión a Factores Transcripcionales.¹Instituto de Biotecnología UNAM. ²Centro de Ciencias Genómicas. Tercer Congreso de Alumnos de Posgrado. Ciudad universitaria, UNAM, México D.F. Abril 2013.

Peralta-Gil Martín.*¹, Oliver Ocaño Patricia², Muñoz-Rascado Luis José¹, Merino Enrique² y Collado-Vides Julio¹. Caracterización biológica de los múltiples arreglos de los sitios de unión, de los Factores de Transcripción en *Escherichia coli* K-12, y sus mecanismos de acción en la regulación transcripcional. ¹Genómica Computacional, Centro de Ciencias Genómicas UNAM, ²Instituto de Biotecnología UNAM, Cuernavaca Mor. México. **Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Posgrado en Biomedicina y Biotecnología Molecular, IPN.** Marzo 19-21. 2013.
*martin@ccg.unam.mx.

Peralta-Gil M.^{1*}, Muñoz –Rascado L.¹, Gama-Castro S.¹, Guzmán J.² and Collado-Vides J¹. Annotation and integration of the transcriptional regulation of carbón sources with their metabolic pathways in *Escherichia coli* K-12. II Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias.¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., ²Departamento de Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca Mor. **Huatusco Veracruz, México.** Noviembre 7-11. 2011.
[*martin@ccg.unam.mx](mailto:martin@ccg.unam.mx)

Peralta-Gil M.^{1*}, Muñoz –Rascado L.¹, Guzmán J.² and Collado-Vides J¹. Characterization of multiple arrangements of binding sites of transcriptional factors in *Escherichia coli* K-12 and their mechanisms of action in gene regulation. II Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias.¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., ²Departamento de Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca Mor. **Huatusco Veracruz, México.** Noviembre 7-11. 2011.
[*martin@ccg.unam.mx](mailto:martin@ccg.unam.mx)

Socorro Gama-Castro, Heladia Salgado, **Martin Peralta-Gil**, Alberto Santos-Zavaleta, Luis Muñoz-Rascado, Hilda Solano-Lira, Verónica Jimenez-Jacinto, Verena Weiss¹, Jair S. García-Sotelo¹, Alejandra López-Fuentes¹, Liliana Porrón-Sotelo¹, Shirley Alquicira-Hernández, Alejandra Medina-Rivera, Irma Martínez-Flores, Kevin Alquicira-Hernández¹, Ruth Martínez-Adame, César Bonavides-Martínez, Juan Miranda-Ríos, Araceli M. Huerta, Alfredo Mendoza-Vargas, Leonardo Collado-Torres, Blanca Taboada, Leticia Vega-Alvarado, Maricela Olvera, Leticia Olvera, Ricardo Grande, Enrique Morett y Julio Collado-Vides. Reunión Académica

2010. **RegulonDB version 7.0**. Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. **Cuernavaca Morelos**. Diciembre 14-16, **2010**.

Peralta-Gil Martin*, Muñis-Rascado L., Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A. y Julio Collado-Vides. Caracterización de los arreglos de múltiples sitios de unión, de los Factores de Transcripción en *Escherichia coli*, y sus mecanismos de acción en la regulación genética. Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas UNAM. **Cuernavaca Morelos** Diciembre 14-16, **2010**. *martin@ccg.unam.mx

Socorro Gama-Castro, Alberto Santos-Zavaleta, **Martin-Peralta Gil**, Heladia Salgado, Hilda Solano-Lira, Jair S. García-Sotelo, Kevin Alquicira-Hernández, Shirley Alquicira-Hernández, Liliana Porrón-Sotelo y Julio Collado-Vides. Genetic Sensory Response Units (Gensor Units) en RegulonDB. Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas UNAM. **Cuernavaca Morelos**. Diciembre 14-16, **2010**.

Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil M.**, Weiss V., Salgado H., Muñiz-Rascado L., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Bonavides- Martinez C., Jiménez-Jacinto V., and Collado-Vides J. Vías de regulación de la expresión genética de *E. coli* k-12 en RegulonDB. Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas UNAM. **Cuernavaca Morelos**. Noviembre, **2009**.

Peralta-Gil M. *, Guzmán A. J., Noguez M. R., Servín G. L., Segura G. D., y Espín G. “Efecto de los reguladores GacA y PhbR sobre la transcripción del operón biosintético de polihidroxibutirato en *Azotobacter vinelandii*”. XXIV Congreso Nacional de la Sociedad Mexicana de Bioquímica. **Puerto Vallarta, Jal.** Noviembre 3-8, **2002** *martin@ibt.unam.mx

Peralta-Gil M. *, Guzmán J., Noguez R., Servín L., y Espín G. “Estudio de la Regulación de la Síntesis de Polihidroxibutirato por el Regulador de Respuesta GacA y el Activador Transcripcional PhbR en *Azotobacter vinelandii*”. XXXIII Congreso Nacional de Microbiología. **Monterrey Nuevo León, 2002**. *martin@ibt.unam.mx

Noguez R., Segura D., Moreno S., Guzmán J., **Peralta-Gil M.** y Espín G. “Papel de la vía de señalización PTS^{nr} en la regulación de la acumulación de poli-β-hidroxibutirato (PHB) y el enquistamiento en *Azotobacter vinelandii*”. XXXIII Congreso Nacional de Microbiología. **Monterrey Nuevo León, 2002**.

Peralta-Gil M. *, J. Guzmán y G. Espín. “Papel de los Reguladores GacA y PhbR en la síntesis del polyester polihidroxibutirato en *Azotobacter vinelandii*”. IX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería. **Veracruz, México**. Septiembre 10-14, **2001**. *martin@ibt.unam.mx

Peralta-Gil M. *, Guzmán J., Moreno S. y Espín G. “Estudio de la Regulación de la Síntesis de Polihidroxibutirato, Mediante el Sistema de dos Componentes GacS/GacA en *Azotobacter vinelandii*”. XXIII Congreso Nacional de Bioquímica. **Acapulco Gro.** Noviembre 14-19, **2000** . *martin@ibt.unam.mx

Peralta-Gil M. *, A. Bravo y M. Soberón. “Aislamiento y Caracterización de Péptidos de una Biblioteca de Variants en Fagos, Capaces de Neutralizar la Interacción de la δ -endotoxina Cry1Ab con su receptor natural”. XXII Congreso Nacional de Bioquímica. **Mérida Yucatán**. Noviembre 1-6, **1998**. *martin@ibt.unam.mx

DIVULGACIÓN CIENTÍFICA.

Conferencias:

Identificación de Sitios de Unión de Factores de Transcripción, de las familias LysR y AraC/XylS, en *Escherichia coli* K-12.

Sede: Escuela Superior de Apan.

Lugar: Auditorio de la ESAp.

Seminario del Grupo de Investigación “Tecnociencias Emergentes”.

Fecha: 1 de Diciembre de 2014.

Predicción de Sitios de Unión de Factores de Transcripción, de las familias LysR y AraC/XylS, mediante una nueva metodología basada en Perfiles Filogenéticos, en *Escherichia coli* K-12.

Sede: Cuernavaca Morelos.

Lugar: Instituto de Biotecnología de la UNAM.

Fecha: 29 de Octubre de 2014.

Estudio de las Características Biológicas de los Sitios de Unión, de los Factores de Transcripción, en *Escherichia coli* K-12.

Sede: Cuernavaca Morelos.

Lugar: Instituto de Biotecnología de la UNAM.

Fecha: 22 de Octubre de 2014.

Título: “RegulonDB: Una ventana a la regulación del inicio de la transcripción de *Escherichia coli* K12”.

Sede: Auditorio de la Universidad Autónoma de Aguascalientes.

Lugar: Aguascalientes, Aguascalientes.

Fecha: 2 de Octubre de 2012.

Título: “Modelando sistemas biológicos: integración de las vías metabólicas con su regulación transcripcional”.

Sede: Auditorio de la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma del estado de Morelos.

Lugar: Cuernavaca, Morelos.

Fecha: 10 de Octubre de 2011.

Título: “RegulonDB: una ventana en la integración y modelado de los sistemas biológicos”

Sede: Auditorio de la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma del estado de Morelos.

Lugar: Cuernavaca, Morelos.

Fecha: 31 de Enero de 2011.

Título: “Integración y Modelado de las Vías Metabólicas en *Escherichia coli* K-12”

Sede: Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma del estado de Morelos.
Lugar: Cuernavaca, Morelos.
Fecha: 6 de Septiembre de 2010.

Entrevistas:

“Modelando sistemas biológicos”.

Lugar: Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma del estado de Morelos.

Canal 3 local del Estado de Morelos.

Fecha: 10 de Octubre de 2011.

PARTICIPACIÓN EN COMISIONES DICTAMINADORAS O EVALUADORAS, NACIONALES O EXTRANJERAS.

Evaluador externo de proyectos de investigación en la 11ª Convocatoria del Sistema Institucional de Investigación de la Universidad Autónoma de Chiapas “SIINV-UNACH” 2012, Tuxtla Gutiérrez Chiapas, Octubre de 2012.

Participación en la evaluación de proyectos relacionados con la Investigación Científica Básica. Asignados por el CONACyT, correspondientes al período 2009-2011.

Evaluación de proyectos de la revista INTERCIENCIAS: Journal of Science and Technology of the Americas.

DOCENCIA Y FORMACIÓN DE RECURSOS HUMANOS.

Codirección de tesis de Doctorado en curso (2012):

Nombre del alumno: M.C.B. Patricia María Rufina Oliver Ocaño.

Título de la tesis: Identificación de sitios de unión de los factores transcripcionales, en el Genoma Bacteriano, basado en el conocimiento biológico-molecular.

Nivel: Doctorado.

Tutor: Dr. Enrique Merino Pérez

Cotutor: Dr. Martin Peralta Gil

Semestre en curso: último semestre de doctorado.

Programa docente: Doctorado en Ciencias Biomédicas.

Institución: Centro de Ciencias Genómicas (CCG), UNAM.

Codirección de tesis concluidas: estudiantes graduados.

Nombre del alumno: Lic. Patricia María Rufina Oliver Ocaño.

Título de la tesis: Análisis de operones divergentes conservados en procariontes para la identificación de potenciales sitios de unión a factores transcripcionales.

Nivel: Maestría.

Fecha de graduación: Enero 2008.

Tutor: Dr. Enrique Merino Pérez

Cotutor: Dr. Martin Peralta Gil

Programa docente: Maestría en Ciencias Biomédicas.
Institución: Instituto de Biotecnología (IBt), UNAM.

Participación en exámenes profesionales.

Nombre del alumno: Lic. Patricia María Rufina Oliver Ocaño.
Título de la tesis: Análisis de operones divergentes conservados en procariontes para la identificación de potenciales sitios de unión a factores transcripcionales.
Nivel: Maestría.
Fecha de graduación: Enero 2008.
Tutor: Dr. Enrique Merino Pérez
Cotutor: Dr. Martin Peralta Gil
Programa docente: Maestría en Ciencias Biomédicas.
Institución: Instituto de Biotecnología (IBt), UNAM.

Participación en comités de evaluación, tutoriales.

Nombre del alumno: Lic. Patricia María Rufina Oliver Ocaño.
Título de la tesis: Análisis de operones divergentes conservados en procariontes para la identificación de potenciales sitios de unión a factores transcripcionales.
Nivel: Maestría.
Periodo: 2006-2008.
Tutor: Dr. Enrique Merino Pérez
Cotutor: Dr. Martin Peralta Gil
Programa docente: Maestría en Ciencias Biomédicas.
Institución: Instituto de Biotecnología (IBt), UNAM.

EXPERIENCIA LABORAL Y ENSEÑANZA

Experiencia profesional:

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).
Dependencia: Instituto de Biotecnología (IBt).
Departamento: Genómica Computacional.
Jefe del laboratorio: Dr. Enrique Merino Perez.
Período: **Enero 2014 a Septiembre de 2014.**
Cuernavaca Morelos.

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).
Dependencia: Centro de Ciencias Genómicas (CCG).
Departamento: Genómica Computacional.
Jefe del laboratorio: Dr. Julio Collado Vides.
Período: **2009 a 2013.**
Cuernavaca Morelos.

Experiencia:

Diseño de una nueva interfaz gráfica, en la base de datos RegulonDB, la cual incluye la información relacionada a los regulones de los factores transcripcionales, y sus sitios de unión, de *E. coli* K-12.

<http://regulondb.ccg.unam.mx/searchregulon?term=ECK120012316&format=jsp&organism=ECK12&type=regulon>

Integración de la información almacenada en la base de datos de RegulonDB y su representación gráfica en circuitos que muestran las cascadas de regulación, denominadas Unidades de respuesta Genética (Genetic Sensory Response Unit” o “Gensor Unit). Así, el circuito inicia con el censado y la transducciones de las señales, el switch genético y la respuesta de la señal la señal. En estos circuitos se representan de una forma integrada las reacciones de transporte, reacciones metabólicas y la regulación transcripcional.

<http://regulondb.ccg.unam.mx/gensorunit?organism=ECK12&term=ECK12M000002&format=jsp&type=gensorunit>

Anotación de objetos biológicos en las bases de datos, más importantes a nivel mundial, de regulación transcripcional: RegulonDB (México) y EcoCyc (Estados Unidos).

<http://regulondb.ccg.unam.mx/>,
http://regulondb.ccg.unam.mx/html/Credits.jsp#RegulonDB_developers
<http://ecocyc.org/>,
<http://ecocyc.org/credits.shtml>

Colaboración con el Dr. Enrique Merino, del Instituto de Biotecnología de la UNAM, en proyectos relacionados con la modificación de algoritmos computacionales capaces de predecir secuencias de unión a los factores de transcripción de *E. coli* K-12. Para validar las predicciones computacionales también he participado en el diseño de experimentos que incluyen la aplicación de metodologías de ADN recombinante, tales como: clonación de secuencias nucleotídicas de ADN, uso de enzimas de restricción, reacción en cadena de la polimerasa (PCR), mutaciones, transcripcionales, etc.

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Dependencia: Centro de Ciencias Genómicas (CCG).

Departamento: Genómica Computacional.

Jefe del laboratorio: Dr. Julio Collado Vides.

Período: **2007-2008.**

Cuernavaca Morelos.

Experiencia:

Anotación de objetos biológicos en las bases de datos, más importantes a nivel mundial, de regulación transcripcional: RegulonDB (México) y EcoCyc (Estados Unidos).

<http://regulondb.ccg.unam.mx/>
<http://ecocyc.org/>

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Dependencia: Centro de Ciencias Genómicas (CCG).

Departamento: Genómica Computacional.
Jefe del laboratorio: Dr. Julio Collado Vides.
Período: **2005-2007**.
Cuernavaca Morelos.

Experiencia:

Reestructuración la base de datos RegulonDB, enfocada a la regulación del inicio de la transcripción de *E. coli* K-12. Reorganización de la interfaz web y análisis de evidencias experimentales, basado en el conocimiento genético y biológico de este microorganismo.

Anotación de objetos biológicos en las bases de datos, más importantes a nivel mundial, RegulonDB y EcoCyc.

<http://regulondb.ccg.unam.mx/>

<http://ecocyc.or>

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Dependencia: Instituto de Biotecnología (IBt).

Departamento: Microbiología Molecular.

Jefe del laboratorio: Dr. Guadalupe Espín Ocampo.

Período: **1999-2004**.

Cuernavaca Morelos.

Experiencia:

Manipulación genética de la bacteria *Azotobacter vinelandii* para la sobreproducción del polihidroxitirato, polímero del cual se hacen plásticos biodegradables. Durante este período utilice herramientas de ingeniería genética para el estudio de la regulación transcripcional del operon involucrado en la síntesis de polihidroxitirato, en *Azotobacter vinelandii*

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Dependencia: Instituto de Biotecnología (IBt).

Departamento: Microbiología Molecular.

Jefe del laboratorio: Dr. Mario Soberón.

Período: **1996-1998**.

Cuernavaca Morelos.

Experiencia:

Desarrolle e implemente la nueva tecnología denominada despliegue de péptidos en fagos filamentosos (Phage Display) para evaluar la interacción de toxinas, de *Bacillus thuringiensis*, con su receptor.

Institución: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Dependencia: Instituto de Biotecnología (IBt).

Departamento: Ingeniería Celular y Biocatálisis.

Jefe del laboratorio: Dr. Francisco Bolívar Zapata.

Período: **1995**.

Cuernavaca Morelos.

Experiencia:

Aplice herramientas de la ingeniería genética en la modificación de la vía de la glicolisis, de *E. coli*, para redirigir el flujo de diferentes fuentes carbono.

Cursos Impartidos

1er Taller de anotación:

Introducción a la regulación genética de bacterias.

Impartido a: estudiantes de la Licenciatura de Ciencias Genómicas

Período: del 14 al 21 de Agosto de 2006.

Sede: Centro de Ciencias Genómicas-UNAM

Tópico selecto de Integración de las señales medioambientales y su respuesta genética en organismos procariontes.

Impartido a: estudiantes de Posgrados del Instituto de Biotecnología-UNAM y de Centro de Ciencias Genómicas-UNAM.

Período: Agosto-Diciembre de 2004.

Sede: Instituto de Biotecnología-UNAM.

Introducción a la regulación genética de bacterias, que incluye diversos temas, tales como:

Respuesta adaptativa al medio ambiente

Paradigma de la biología molecular

Regulación transcripcional

Factores Sigma y su función en la transcripción

Factores de Transcripción

Sitios de unión de los Factores de transcripción

Redes transcripcionales

Diferentes tipos de regulación.

Post-transcripcional

Traduccional

Post- traduccional

Técnicas de Biología molecular.

Tecnología del DNA recombinante

Métodos para identificar Inicio de la transcripción

Métodos para identificar sitios de unión a proteínas

Nuevas tecnologías basadas en la identificación de resultados experimentales a gran escala, tales como: microarreglos de ADN e identificación de sitios de unión de reguladores transcripcionales (SELEX).

Integración biológica de diferentes clases funcionales.

Fuentes de carbono, anaerobiosis, fijación de nitrógeno, sistema ácido, sistema flagelar y quimiotaxis.

CURSOS DE ACTUALIZACIÓN

Nombre del Curso: Competencias en Metodología de la Investigación.

Lugar: Dirección de la División de Docencia, UAEH.

Impartido por: Universidad Autónoma de Hidalgo (UAEH)

Duración: 40 horas.

Nombre del Curso: Liderazgo

Lugar: Apan, Hidalgo.

Impartido por: Fundación Jorge Rojo Lugo.

Duración: 19 y 20 de Septiembre de 2014, (10hrs.)

Nombre del Taller: Planeación Didáctica.

Lugar: Centro de Ciencias Genómicas, Cuernavaca Mor.

Impartido por: Universidad La Salle Cuernavaca.

Duración: 25 Abril al 5 de Mayo de 2011.

Tópico selecto: Ingeniería de Vías metabólicas en Bacterias.

Lugar: Instituto de Biotecnología. Cuernavaca Mor.

Impartido por: Dr. Guillermo Gosset Lagarda.

Duración: Agosto a Noviembre de 2006.

Asistencias a Eventos Académicos Internacionales.

Taller Teórico práctico: Semana nacional de Bioinformática NNB-2010. Impartido en la Licenciatura en ciencias Genómicas, Centro de Ciencias Genómicas-UNAM, Cuernavaca Morelos, del 2 al 6 de Agosto de 2010.

Taller de Genómica: "Winter School in Genomics 2006". Llevado a cabo en el Centro de Ciencias Genómicas en Cuernavaca Morelos, del 7 al 10 de febrero de 2006.

ÁREA DE CONOCIMIENTO ESPECIALIZADA, ENFOCADA EN: BIOTECNOLOGÍA, BIOLOGÍA MOLECULAR y BIOINFORMÁTICA.

Conocimiento teórico practico de técnicas aplicadas en biología molecular.

Tecnología del ADN recombinante: clonación de secuencias nucleotídicas de ADN, uso de vectores para clonación de ADN, uso de enzimas de restricción, reacción en cadena de la polimerasa (PCR), mutaciones, fusiones traduccionales y transcripcionales, etc.

Técnicas de mapeo del inicio de la transcripción: ensayos de exonucleasa S1 y primer extensión.

Ensayos para determinar la región de unión, o la secuencia exacta, de proteínas reguladoras al ADN, EMSA y footprinting.

Métodos de hibridación molecular: Southern blot, Northern blot, Western blot.

Manejo de técnicas de purificación de proteínas (Toxinas y Factores de transcripción).

Método de estudio de interacción proteína-proteína, proteína-péptido y proteína-DNA denominada despliegue de péptidos en fagos filamentosos o “phage display”.

Biología molecular: conocimiento de diferentes mecanismos de regulación genética en bacterias.

Regulación a nivel del inicio de la transcripción:

Interacción de proteínas reguladoras sobre secuencias de ADN cercanas al promotor.

Sustitución del factor sigma de la ARN-polimerasa.

Terminación prematura de la transcripción.

Unidades genéticas reguladas.

Operon, Regulon, Sigmulon, Regulación compleja de operones, regulación local y global, etc.

Otro tipo de regulación.

Nivel post-transcripcional: estabilidad del ARN mensajero, regulación de la elongación del ARNm, antiterminación.

Nivel traduccional: Factores traduccionales, atenuación y eficiencia de la traducción.

Nivel postraduccional: Modificación covalente, metilación, fosforilación, acetilación, interacción proteína-proteína, maduración de las proteínas, estabilidad del producto.

Vías metabólicas.

Manejo de bases de datos.

Bases de datos bibliográficas sobre regulación transcripcional y expresión genética de procariontes: RegulonDB, EcoCyc, AraC/XylS database, ProDoric.

Bases de datos relacionadas con sitios de unión de los reguladores transcripcionales: RegPrecise y TRactorDB.

Bases de datos que almacenan secuencias de proteínas: Swiss Prot.

Bases de datos de rutas metabólicas: EcoCyc, Kegg.

Bases de datos que contienen información sobre el genoma de *E. coli* K-12: EcoGene.

ÁREA DE CONOCIMIENTO ESPECIALIZADA, ENFOCADA EN LA INFORMÁTICA.

Aplicación de programas informáticos para análisis de secuencias.

Uso de programas informáticos que nos permite realizar alineamientos múltiples contra otras secuencias provenientes de diversas bases de datos: ClustalW, Blast.

Manejo de herramientas informáticas que permiten la obtención de motivos en el DNA: Regulatory Sequence Analysis Tools (RSAT). <http://rsat.ulb.ac.be/rsat/>

Actualmente se está diseñando, en colaboración con el Dr. Enrique Merino, un nuevo programa para identificación de sitios de unión en secuencias ortólogas.

ANOTADOR Y DISEÑADOR DE BASES DE DATOS.

RegulonDB:

<http://regulondb.ccg.unam.mx/>

<http://regulondb.ccg.unam.mx/html/Credits.jsp#Collaborators>

EcoCyc:

<http://ecocyc.org/>

<http://ecocyc.org/credits.shtml>

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN.

PROYECTO I

Curación de la base de datos de RegulonDB.

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: Dr. Julio Collado Vides

Corresponsables: **Dr. Martín Peralta Gil**, M. en C. Socorro Gama Castro, M. en C. Alberto Santos Zavaleta.

Instituciones involucradas: Centro de Genómicas.

Período: Enero 2009 a Diciembre de 2013.

Regulon DB es una base de datos relacional que almacena información de la regulación del inicio de la transcripción en *Escherichia coli* K12. En la actualidad RegulonDB es la base de datos más importante a nivel internacional y el principal aporte de información a la base de datos de EcoCyc. La información almacenada en RegulonDB es de gran apoyo para la publicación artículos científicos, en el mundo, en diferentes ramas de las ciencias biológicas.

El soporte técnico fundamentalmente consiste en la curación de información del inicio de la transcripción de diferentes objetos, tales como: unidades de transcripción, promotoras, terminadoras, condiciones, genes afectados, proteínas reguladoras, y sus sitios de unión. La validación de esta información es soportada por referencias, notas descriptivas y evidencias experimentales. Además continuamos enriqueciendo la información relacionada con otro tipo de regulación: la elongación de la transcripción, de nivel post-transcripcional y del inicio de la traducción. Activamente mantenemos comunicación con los autores para resolver dudas o

preguntas. Y complementamos la base de datos con notas descriptivas que permitan entender mejor los datos.

Grado de avance.

Actualizamos la base de datos hasta el mes de diciembre del 2012, con diez liberaciones durante este período. http://regulondb.ccg.unam.mx/html/New_database_features.jsp

Cuatro liberaciones en 2012: Marzo (7.4), Agosto (7.5), Octubre (8.0), Diciembre (8.1).

Tres liberaciones en 2011: Enero (7.0), Mayo (7.2) y Noviembre (7.3)

Dos liberaciones en 2010: Marzo (6.7) y Agosto (6.8).

Dos liberaciones en 2009: Febrero (6.3) y Agosto (6.4).

Productos generados de este trabajo:

Artículos:

Salgado H, **Peralta-Gil M**, Gama-Castro S, Santos-Zavaleta A, Muñoz-Rascado L, García-Sotelo JS, Weiss V, Solano-Lira H, Martínez-Flores I, Medina-Rivera A, Salgado-Orsorio G, Alquicira-Hernández S, Alquicira-Hernández K, López-Fuentes A, Porrón-Sotelo L, Huerta AM, Bonavides-Martínez C, Balderas-Martínez YI, Pannier L, Olvera M, Labastida A, Jiménez-Jacinto V, Vega-Alvarado L, Del Moral-Chávez V, Hernández-Alvarez A, Morett E, Collado-Vides J. **RegulonDB v8.0: omics data sets, evolutionary conservation, regulatory phrases, cross-validated gold standards and more.** *Nucleic Acids Res.* 2013 Jan 1;**41**(D1):D203-D213.

Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil M.** y Gama-Castro S. 2010. **Boiocuradores: su aportación al mundo de la ciencia.** *Hypatia.* 34: 26-27pp.

Collado-Vides J, Salgado H, Morett E, Gama-Castro S, Jiménez-Jacinto V, Martínez-Flores I, Medina-Rivera A, Muñoz-Rascado L, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A. 2009. **Bioinformatics resources for the study of gene regulation in bacteria.** *J Bacteriol.* Jan;191(1):23-31. Epub 2008 Oct 31

Congresos.

Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil Martin***, Gama-Castro S., Weiss, V., Salgado H. and Julio Collado-Vides. **RegulonDB: toward a complete view of the cell regulatory knowledge.** Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 5th International Biocuration Conference. **Washington, D.C., USA.** April 2-4, 2012. asantos@ccg.unam.mx.

Salgado, H. ^{1*}, Gama-Castro, S. ¹, **Peralta-Gil, Martin.** ¹, Santos-Zavaleta, A. ¹, Muñoz-Rascado, L. ¹, Martínez-Flores, I. ¹, Solano-Lira, H. ¹, Weiss V. ¹, García-Sotelo J.S. ¹, Porrón-Sotelo, L. ¹, Alquicira-Hernández, S. ¹, Medina-Rivera, A. ¹, Alquicira-Hernández, K. ¹, Martínez-Adame R. ¹, Salgado-Orsorio, G. ¹, López-Fuentes, A. ¹, Del Moral-Chávez, V. ¹, Bonavides-Martínez, C. ¹,

Jiménez-Jacinto, V. ², Collado-Torres, L. ³, Kessler, I. ⁴, Morett, E. ⁵ and Collado-Vides, J. ¹. **RegulonDB versión 7.2.** ¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., ²Unidad de Secuenciación Masiva de DNA Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca-Mor., ³Winter Genomics, USA., ⁴SRI International, Menlo Park C.A., USA., ⁵Departamento de Ingeniería Celular y Biotatálisis, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca Mor. 5th IECA Conference 2011. Gene Regulatory networks in the Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9. **2011.** [*heladia@ccg.unam.mx](mailto:heladia@ccg.unam.mx)

Socorro Gama-Castro, Heladia Salgado, **Martin Peralta-Gil**, Alberto Santos-Zavaleta, Luis Muñoz-Rascado, Hilda Solano-Lira, Verónica Jimenez-Jacinto, Verena Weiss1, Jair S. García-Sotelo1, Alejandra López-Fuentes1, Liliana Porrón-Sotelo1, Shirley Alquicira-Hernández, Alejandra Medina-Rivera, Irma Martínez-Flores, Kevin Alquicira-Hernández1, Ruth Martínez-Adame, César Bonavides-Martínez, Juan Miranda-Ríos, Araceli M. Huerta, Alfredo Mendoza-Vargas, Leonardo Collado-Torres, Blanca Taboada, Leticia Vega-Alvarado, Maricela Olvera, Leticia Olvera, Ricardo Grande, Enrique Morett y Julio Collado-Vides. Reunión Académica 2010. **RegulonDB version 7.0.** Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. **Cuernavaca Morelos.** Diciembre 14-16, **2010.**

Peralta-Gil M.* ¹, Santos-Zavaleta A. ¹, Gama-Castro S. ¹, Jiménez-Jacinto V. ¹, Bonavides-Martinez C. ¹, Muñoz-Rascado L. ¹, Solano-Lira H. ¹, Huerta A. ¹, Medina-Rivera A. ¹, Salgado H. ¹, Martínez-Flores I. ¹, Morett E.², Keseler IM.³, and Collado-Vides J*. **RegulonDB: the computationally modeled bioinformatic platform available to systems and integrative studies of the *E. coli* K-12 cell regulatory repertoire.** Program of Computational Genomics, CCG-UNAM, Av. Universidad s/n, Col Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México. ²Instituto de Biotecnología, UNAM, Cuernavaca Mor. Méx. ³SRI International, 333 Ravenswood Ave EK207, Menlo Park CA 94025. 3er International Biocuration Conference. **Berlin, Germany.** April 16-19, **2009.** [*martin@ccg.unam.mx](mailto:martin@ccg.unam.mx); [*collado@ccg.unam.mx](mailto:collado@ccg.unam.mx).

Peralta-Gil M.* ¹, Santos-Zavaleta A. ¹, Gama-Castro S. ¹, Jiménez-Jacinto V. ¹, Bonavides-Martinez C. ¹, Muñoz-Rascado L. ¹, Solano-Lira H. ¹, Huerta A. ¹, Medina-Rivera A. ¹, Salgado H. ¹, Martínez-Flores I. ¹, Morett E.², Keseler IM.³, and Collado-Vides J*¹. **RegulonDB: a new window to the genetic regulation of *Escherichia coli* K-12.** ¹Program of Computational Genomics-UNAM, Av. Universidad s/n, Col Chamilpa, Cuernavaca, Mor., México. ²Instituto de Biotecnología, UNAM, Cuernavaca Mor. Méx. ³SRI International, 333 Ravenswood Ave EK207, Menlo Park CA 94025. “International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009. Puerto Morelos, **Quintana Roo, México.** September 23-29, **2009.** [*martin@ccg.unam.mx](mailto:martin@ccg.unam.mx); collado@ccg.unam.mx.

Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil M.**, Weiss V., Salgado H., Muñoz-Rascado L., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Bonavides- Martinez C., Jiménez-Jacinto V., and Collado-Vides J. **Vías de regulación de la expresión genética de *E. coli* k-12 en RegulonDB.** Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas UNAM. **Cuernavaca Morelos.** Noviembre, **2009.**

PROYECTO II

Anotación en las bases de datos de EcoCyc.

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: Peter Karp, Dra. Ingrid Keseler y Dr. Julio Collado Vides.

Corresponsables: **Dr. Martín Peralta Gil**, M. en C. Socorro Gama Castro, M. en C. Alberto Santos Zavaleta

Colaborador: Dra. Verena Weiss.

Instituciones involucradas: SRI- EcoCyc y Centro de Genómicas.

Período: Enero 2009 a Diciembre de 2013.

EcoCyc es una base de datos relacional que almacena información de las vías metabólicas de *E. coli* y otros microorganismos, también almacena información sobre la regulación del inicio de la transcripción. En la actualidad mantenemos una estrecha colaboración con EcoCyc y en este proyecto me encargo de mantener actualizada la curación relacionada con la regulación transcripcional.

Grado de avance.

Actualizamos la base de datos hasta el mes de diciembre del 2012 con 14 liberaciones durante 2009-2012: <http://ecocyc.org/release-notes.shtml>

Tres liberaciones en 2012: Febrero (16.0), Julio (16.1) y Noviembre (16.5).

Tres liberaciones en 2011: Marzo (15.0), Junio (15.1) y Octubre (15.5).

Cuatro liberaciones en 2010: Marzo (14.0), Junio (14.1), Octubre (14.5) y Diciembre (14.6).

Cuatro liberaciones en 2009: Marzo (13.0), Junio (13.1), Octubre (13.5) y Noviembre (13.6).

Productos generados de este trabajo:

Artículos:

Keseler IM, Mackie A, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Gama-Castro S, Bonavides-Martínez C, Fulcher C, Huerta AM, Kothari A, Krummenacker M, Latendresse M, Muñoz-Rascado L, Ong Q, Paley S, Schröder I, Shearer AG, Subhraveti P, Travers M, Weerasinghe D, Weiss V, Collado-Vides J, Gunsalus RP, Paulsen I, Karp PD. **EcoCyc: fusing model organism databases with systems biology**. *Nucleic Acids Res.* **2013** Jan 1; **41**(D1):D605-12.

Keseler IM, Collado-Vides J, Santos-Zavaleta A, **Peralta-Gil M**, Gama-Castro S, Muñoz-Rascado L, Bonavides-Martínez C, Paley S, Krummenacker M, Altman T, Kaipa P, Spaulding A, Pacheco J, Latendresse M, Fulcher C, Sarker M, Shearer AG, Mackie A, Paulsen I, Gunsalus RP, Karp PD. **2011. EcoCyc: a comprehensive database of *Escherichia coli* biology**. *Nucleic Acids Res.* **39**:D583-90.

Keseler IM, Bonavides-Martínez C, Collado-Vides J, Gama-Castro S, Gunsalus RP, Johnson DA, Krummenacker M, Nolan LM, Paley S, Paulsen IT, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Shearer AG, Karp PD. **2009. EcoCyc: a comprehensive view of *Escherichia coli* biology**. *Nucleic Acids Res.* **37**:D464-70.

PROYECTO III

Diseño y creación de las Genetic Sensory Response Unit o Gensor Unit (GU).

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: Dr. Julio Collado Vides.

Corresponsables: M. en C. Socorro Gama Castro y **Dr. Martin Peralta Gil**.

Colaborador: Dra. Verena Weiss.

Instituciones involucradas: Centro de Genómicas.

Período: Enero 2010 a Diciembre de 2013

RegulonDB es una base de datos muy importante a nivel internacional y en la actualidad cuenta con gran cantidad de información almacenada. Por esta razón nos hemos propuesto integrar dicha información en circuitos que muestren las cascadas de regulación. Dichos circuitos los hemos definido como “Genetic Sensory Response Unit” o “Gensor Unit (GU)”, que es la unidad lógica que nos proporciona el conocimiento fisiológico de la regulación genética. De esta forma podemos por primera vez, en RegulonDB, integrar el metabolismo celular con la regulación transcripcional. En estos circuitos representamos, de una forma integrada, las reacciones de transporte, reacciones metabólicas y la regulación transcripcional. Cada una de estas reacciones dentro de los GUs se encuentra descrita detalladamente y están ligadas a otras bases de datos, tales como KEGG y EcoCyc.

Esta unidad o circuitos están formada por cuatro componentes, todos ellos concatenados en un circuito de procesamiento de información que inicia con una señal medioambiental, seguida por una vía de traducción de señales hacia un core de regulación o “genetic switch” el cual modifica la expresión genética para generar una respuesta molecular para compensar la señal. Así, el circuito está constituido por señal-traducción de señal-genetic switch-response-signal.

Grado de avance.

Durante este período he construido los diagramas de los GUs relacionados con las siguientes clases funcionales: Azúcares Ácidos (D-fructuronato, D-tagaturonato, Glucuronato y D-galactonato), Glicerol, Salicina, Maltosa, sistema PTS de Glucosa, Sistema Acido (GadE, GadX, GadW, GadE/RcsB, RcsB/BglJ, RcsBA, RcsB, AdiY) y sus pequeños RNAs (gadY y rprA), y Sistemas de dos Componentes (DcuB/DctA, RstA/RstB, PhoQ/PhoP, PhoB, EvgS/EvgA, RcsD/RcsF/RcsB). Aún falta la información descriptiva de cada uno.

Resultados previos de los GUs en RegulonDB, corresponden a la liberación 7.0 (Enero de 2011), y se pueden observar en la siguiente liga:

http://regulondb.ccg.unam.mx/html/New_database_features.jsp

Productos generados de este trabajo:

Artículos:

Carretera Apan Calpulalpan, Km. 8.
Col. Chimalpa, C.P. 43920
Apan Hidalgo.

Gama-Castro S, Salgado H, **Peralta-Gil M**, Santos-Zavaleta A, Muñoz-Rascado L, Solano-Lira H, Jimenez-Jacinto V, Weiss V, García-Sotelo JS, López-Fuentes A, Porrón-Sotelo L, Alquicira-Hernández S, Medina-Rivera A, Martínez-Flores I, Alquicira-Hernández K, Martínez-Adame R, Bonavides-Martínez C, Miranda-Ríos J, Huerta AM, Mendoza-Vargas A, Collado-Torres L, Taboada B, Vega-Alvarado L, Olvera M, Olvera L, Grande R, Morett E, Collado-Vides J. **RegulonDB version 7.0: transcriptional regulation of Escherichia coli K-12 integrated within genetic sensory response units (Gensor Units)**. Nucleic Acids Res. 2011 Jan;39 (Database issue):D98-105. Epub 2010 Nov 4.]

Congresos:

Socorro Gama-Castro*, **Martin Peralta-Gil**, Verena Weiss, Heladia Salgado, Hilda Solano-Lira, Jair S. García-Sotelo, Kevin Alquicira-Hernández, Shirley Alquicira-Hernández, Liliana Porrón-Sotelo and Julio Collado-Vides. **Genetic Sensory Response Units (Gensor Units) in RegulonDB**. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 5th IECA Conference 2011. Gene Regulatory networks in the Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9, **2011**. [*sgama@ccg.unam.mx](mailto:sgama@ccg.unam.mx)

* Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., **Peralta-Gil Martin**, Weiss V., Salgado H. Solano H. and Collado-Vides, J. **Information on transcriptional regulation and signal transduction of Escherichia coli K-12 integrated in the database RegulonDB**. Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., Fourth International Biocuration Conference. **Odaiba-Tokyo, Japan**. October 11-14, **2010**. [*sgama@ccg.unam.mx](mailto:sgama@ccg.unam.mx)

Socorro Gama-Castro, Alberto Santos-Zavaleta, **Martin-Peralta Gil**, Heladia Salgado, Hilda Solano-Lira, Jair S. García-Sotelo, Kevin Alquicira-Hernández, Shirley Alquicira-Hernández, Liliana Porrón-Sotelo y Julio Collado-Vides. **Genetic Sensory Response Units (Gensor Units) en RegulonDB**. Reunión Académica Anual del Centro de Ciencias Genómicas UNAM. **Cuernavaca Morelos**. Diciembre 14-16, **2010**.

PROYECTO IV

Estudio Mecanístico de los Factores Transcripcionales en *Escherichia coli*.

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: **Dr. Martin Peralta Gil**

Corresponsables: Dr. Julio Collado Vides.

Instituciones involucradas: Centro de Genómicas.

Período: Julio 2010 a Diciembre de 2013

Los sitios de unión de los Factores de Transcripción (FTs) o reguladores transcripcionales están representados por secuencias en el ADN. Y aunque en la actualidad, estas secuencias, en *cis*, han sido analizadas por múltiples métodos experimentales o predicciones computacionales existen pocos estudios que engloben la información biológica de los sitios de unión de los FTs en *Escherichia coli*. RegulonDB, versión 7.0, es una base de datos que cuenta con gran cantidad de

sitios de unión, un total de 1939 para 141 distintos FTs, soportados por evidencias experimentales y computacionales. Este gran cúmulo de información nos permite analizar y estudiar con precisión los sitios de unión de los FTs en *E. coli*. En este proyecto se analizan diferentes características de los sitios de unión, tales como: simetría interna, orientaciones, longitudes, identificaciones de secuencias consenso y corregir con precisión los sitios de unión, más allá de los datos experimentales de footprinting que en ocasiones muestran regiones protegidas de 40 a 100 pares de bases, su relación con los promotores, así como entender sus arreglos específicos y sus mecanismos acción.

De tal forma que el conocimiento biológico de los sitios de unión nos permitirá entender los mecanismos de acción de los FTs y su organización en “frases de regulación”. En su conjunto la descripción detallada de su organización nos permite construir modelos computacionales más precisos tanto en *E. coli* K12 como en microorganismos cercanos.

Grado de avance en 2010.

A partir de nuestros estudios se han corregido e identificado muchos sitios de unión, en las bases de datos de RegulonDB y EcoCyc, estos resultados se han visto reflejados en tres de las cuatro liberaciones que se hacen anualmente. Se espera que en el presente año se pueda enviar a publicación una revisión biológica sobre los sitios de unión de los FT. A la fecha se ha estudiado aproximadamente 180 FT de *Escherichia coli* incluidas sus características biológicas.

Productos generados de este trabajo:

Página denominada Regulon:

<http://regulondb.ccg.unam.mx/searchregulon?term=ECK120012316&format=jsp&organism=EK12&type=regulon>

Seminarios:

Martin Peralta-Gil. Sitios de unión de los Factores de Transcripción, en *Escherichia coli* K-12: sus características, frases de regulación y mecanismos de acción. Seminario del laboratorio de Genómica Computacional. Auditorio “Guillermo Soberón”. Centro de Ciencias Genómicas UNAM. Cuernavaca Morelos, Noviembre 2012.

Congresos:

Peralta-Gil Martin*, Oliver Ocaño, P., Muñoz-Rascado, L. J. Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Salgado H., Merino E. and Julio Collado-Vides. **Annotation of degenerated transcription factors binding sites in *Escherichia coli* K-12.** Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 5th International Biocuration Conference. **Washington, D.C., USA.** April 2-4, **2012.** martin@ccg.unam.mx.

Pannier, L^{1*}, **Peralta-Peralta, M.**¹, Medina-Rivera, A.¹, Marchal, K.², Collado-Vides, J¹. An integrative approach to map the *E.coli* genotypic network into phenotypic profiles of simple and complex regulation. ¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences. UNAM México. ²Department of Microbial and Molecular Systems, Katholieke Universiteit Leuven, Heverlee-Leuven, Belgium. 5th IECA Conference 2011. **Gene Regulatory networks in the**

Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9. **2011.**
lpannier@cgg.unam.mx.

Peralta-Gil M. ^{1*}, Muñoz –Rascado L. ¹, Guzmán J. ² and Collado-Vides J¹. **Characterization of multiple arrangements of binding sites of transcriptional factors in *Escherichia coli* K-12 and their mechanisms of action in gene regulation.**¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., ²Departamento de Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca Mor. II Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias. **Huatusco Veracruz, México.** (Noviembre 7-11. **2011**).
*martin@cgg.unam.mx

Peralta-Gil Martin*, Muñoz-Rascado L., Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A. y Julio Collado-Vides. **2010. Caracterización de los arreglos de múltiples sitios de unión, de los Factores de Transcripción en *Escherichia coli*, y sus mecanismos de acción en la regulación genética.** Reunión Académica 2010. **Centro de Ciencias Genómicas UNAM**, Diciembre 14-16, Cuernavaca Morelos **2010.** *martin@cgg.unam.mx

PROYECTO IV

Identificación de Sitios de Unión de los Factores Transcripcionales, en el Genoma Bacteriano, basado en el conocimiento Biológico-Molecular.

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: Dr. Martin Peralta Gil.

Corresponsables: Dr. Enrique Merino.

Colaborador: Dr. Raúl Noguez, M. en C. María Luisa Tabche.

Alumna: Patricia María Rufina Oliver Ocaño.

Instituciones involucradas: Instituto de Biotecnología y Centro de Genómicas.

Período: Enero 2009 a la fecha.

En la identificación computacional de los sitios de unión de los factores de transcripción en genomas bacterianos está basada exclusivamente en métodos informáticos que estiman la sobrerrepresentación de motivos o secuencias. Aunque estas aproximaciones han resultado exitosas, en la identificación de un número importante de sitios de regulación, en este proyecto nosotros proponemos la inclusión de características biológicamente relevantes, tales como: simetría de los sitios de unión, longitudes de las secuencias, reglas mecanísticas de los reguladores, conservación de las secuencias, entre otros.

Productos generados de este trabajo:

Cotutor de un estudiante de doctorado, en proceso.

Congresos:

Peralta-Gil Martin*, Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Salgado H. and Julio Collado-Vides. Annotation of degenerated transcription factors binding sites in *Escherichia coli* K-12. Program

on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México.
5th International Biocuration Conference. **Washington, D.C., USA.** (April 2-4, **2012**).
martin@ccg.unam.mx.

Se esperan dos publicaciones científicas de este proyecto, uno informático y otro experimental.

PROYECTO VI

Integración de la regulación transcripcional de la fuentes de carbono, con el metabolismo central (principales vías metabólicas/cadena respiratoria) y el sistema ácido en *Escherichia coli*.

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: **Dr. Martín Peralta Gil**

Instituciones involucradas: Instituto de Biotecnología.

Período: Julio 2011 a Diciembre de 2014.

En 2006 se curó la información correspondiente al metabolismo central y a 35 regulones relacionados con las diferentes fuentes de carbono que asimila *E. coli* (liberaciones 5.0 y 5.1). En 2011 se construyeron los diagramas de 15 GUs relacionados con las fuentes de carbono (liberación 7.0) y en 2012 se inició la construcción de un mega diagrama que incluye la integración de GUs relacionados con las siguientes clases funcionales: Azúcares Ácidos, otras fuentes de carbono (Glicerol, Salicina, Maltosa, sistema PTS de Glucosa), Glucolisis, Sistema Ácido (sus pequeños RNAs) y seis Sistemas de dos Componentes. Este diagrama incluyen las interacciones reguladoras diferentes a la regulación del inicio de la transcripción.

Grado de avance.

A la fecha se ha construido un mega diagrama, en CellDesigner, en el que se han integrado los GUs relacionados con Azúcares Ácidos, Glicerol, Salicina, Maltosa, sistema PTS de Glucosa, Glucolisis, Sistema Ácido y sus pequeños RNAs y seis Sistemas de dos Componentes. Cabe mencionar que en este diagrama se incluyen las interacciones reguladoras diferentes a la regulación del inicio de la transcripción.

Plan de trabajo a futuro:

Continuación de la construcción del mega diagrama y la integración de los GUS relacionados con las siguientes clases funcionales: fuentes de carbono, metabolismo central (Glucolisis, Ciclo de Krebs, Gluconeogénesis, Entner Doudoroff, almacenamiento de Glucógeno, Cadena Respiratoria), sistema CsrA/csrB/csrC (involucrado en la inducción y bloqueo del metabolismo central, durante la fase exponencial y la fase estacionaria) y Sistema Ácido. Integración de los Sistemas de Dos Componentes, que estén relacionados, y el sigmulon RpoS. Subirlos a la base de datos.

Productos generados de este trabajo:

Seminarios:

Martín Peralta-Gil. Integración de la regulación transcripcional de la fuentes de carbono,

con el metabolismo central (principales vías metabólicas/cadena respiratoria) en *Escherichia coli*. Presentación en la reunión anual del grupo de Genómica Computacional, en el auditorio “Guillermo Soberón”. Centro de Ciencias Genómicas UNAM. Cuernavaca Morelos, Noviembre 2012.

Congresos:

Peralta-Gil Martin*, Gama-Castro S., Salgado H. and Julio Collado-Vides. Integration of the transcriptional regulation of carbon sources, in *Escherichia coli* K-12, with their central metabolism and other cellular systems. Program on Computational Genomics, Center for Genomic Science UNAM, Cuernavaca, Mor., México. 6th International Biocuration Conference. Churchill College, **Cambridge, UK**. (April 7-10, **2013**). martin@ccg.unam.mx.

Peralta-Gil M.^{1*}, Muñiz –Rascado L.¹, Gama-Castro S.¹, Guzmán J.² and Collado-Vides J¹. **Annotation and integration of the transcriptional regulation of carbón sources with their metabolic pathways in *Escherichia coli* K-12.**¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences-UNAM, Cuernavaca-Mor., ²Departamento de Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca Mor. II Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias. **Huatusco Veracruz, México**. (Noviembre 7-11. **2011**). *martin@ccg.unam.mx

PROYECTO VII

FRASES DE REGULACION.

PARTICIPANTES:

Director de proyecto: Dr. Julio Collado Vides.

Alumna: Lucia Pannier.

Colaborador: **Dr. Martin Peralta Gil**.

Instituciones involucradas: Centro de Genómicas.

Período: Julio 2011 a Diciembre de 2013

Productos generados de este trabajo:

Congresos:

Pannier, L^{1*}, **Peralta-Peralta, M.**¹, Medina-Rivera, A.¹, Marchal, K.², Collado-Vides, J¹. An integrative approach to map the *E.coli* genotypic network into phenotypic profiles of simple and complex regulation. ¹Computational Genomics Program, Center of Genomic Sciences. UNAM México. ²Department of Microbial and Molecular Systems, Katholieke Universiteit Leuven, Heverlee-Leuven, Belgium. 5th IECA Conference 2011. Gene Regulatory networks in the Enterobacteriaceae. Occidental Grand Xcaret, **Cancún, Méx.** December 5-9. **2011**. lpannier@ccg.unam.mx.