



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA**

**UNIDAD XOCHIMILCO**

**DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD**

**DEPARTAMENTO DEL HOMBRE Y SU AMBIENTE**

**LICENCIATURA EN BIOLOGÍA**

**INFORME FINAL DE SERVICIO SOCIAL POR ACTIVIDADES RELACIONADAS  
CON LA PROFESIÓN**

“Validación de la microbiota respiratoria en pacientes con tuberculosis”

**QUE PRESENTA EL ALUMNO**

Derek Angelo Vergara Orduña

**Matrícula:**

2203020813

**ASESOR EXTERNO**

**Dra. Eugenia Luisa Silva-Herzog Márquez**

Ced. 3336779

Unidad de Vinculación Científica Facultad de Medicina-INMEGEN

**ASESOR INTERNO**

**Dra. María Jesús Ferrara Guerrero**

(No. Eco. 22662)

Departamento del Hombre y su Ambiente

Laboratorio de Ecología Microbiana -UAM-X

Ciudad de México, septiembre 2025

## **Validación de la microbiota respiratoria en pacientes con tuberculosis**

### **Resumen**

El presente informe detalla las actividades realizadas durante la estancia de servicio social en el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), dentro del proyecto “*Validación de la microbiota respiratoria en pacientes con tuberculosis*”, cuyo objetivo es validar la composición taxonómica de la microbiota respiratoria previamente determinada mediante secuenciación 16S rRNA, con la finalidad de generar conocimiento que permita una mejor comprensión del desarrollo de la tuberculosis y su relación con la microbiota, en beneficio de la salud de la sociedad.

Las actividades realizadas incluyeron la participación en etapas clínicas de reclutamiento de pacientes, la obtención y el manejo integral de muestras biológicas, la extracción y el análisis de ADN humano y microbiano, así como la estandarización de protocolos de reacciones PCR, la obtención de suero, plasma y células mononucleares de sangre periférica (PBMCs). Asimismo, se llevaron a cabo actividades académicas mediante la asistencia a seminarios, cursos y talleres de actualización.

En conjunto, estas actividades permitieron adquirir y fortalecer los conocimientos teórico-prácticos necesarios para comprender y aplicar estudios de *metabarcoding*, lo cual constituye una base sólida para la futura elaboración de investigaciones en el área del microbioma humano.

**Palabras clave:** Microbiota, tuberculosis, 16SrRNA, metabarcoding, *Mycobacterium*.

# Índice

<b>Introducción</b> .....	4
<b>Marco institucional</b> .....	5
<b>Visión</b> .....	6
<b>Justificación</b> .....	6
<b>Aporte a la sociedad</b> .....	6
<b>Objetivo general</b> .....	7
<b>Actividades realizadas</b> .....	7
<b>Bibliografía</b> .....	15

## Introducción

Durante miles de años microorganismos de diferentes reinos (bacterias, hongos, arqueas, protozoos y virus) han co-evolucionado con los seres humanos, estableciendo una red de interacciones hospedero-microbio; microbio-microbio y ambiente-hospedero-microbio. La comunidad de microorganismos presentes en un hospedero, junto con su “escenario de actividad”; es decir, los metabolitos, moléculas de señalización y elementos estructurales producidos tanto por los microorganismos como por el hospedero, se denomina microbioma; mientras que “microbiota” hace referencia al conjunto total de microorganismos de una comunidad que forma parte de la fisiología normal del hospedero (Morgan & Huttenhower, 2012; Pérez-Cobas et al., 2023).

En el tracto respiratorio la microbiota está determinada por un equilibrio entre la inmigración-eliminación microbiana de las vías respiratorias y sus tasas de reproducción (Pérez & Moya, 2023). Dicha microbiota se ha caracterizado mediante la secuenciación del gen 16S rRNA (Turnbaugh et al., 2007).

El microbioma oral es la fuente principal de la composición microbiana en los pulmones y en conjunto, estas comunidades actúan como barrera previniendo la adhesión de patógenos, modulan la liberación de factores importantes en la función respiratoria, como el surfactante alveolar y se ha asociado con el desarrollo y maduración del sistema inmune, diferentes enfermedades respiratorias como la tuberculosis, están asociadas al desbalance de la composición microbiana o disbiosis y afecciones a funciones respiratorias (Pérez & Moya, 2023).

La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa cuyo agente etiológico es el bacilo *Mycobacterium tuberculosis*, su transmisión se da mediante aerosoles producidos al toser, estornudar, o hablar. La TB está catalogada como la principal causa de muerte por un único agente infeccioso por la OMS, y se presenta como TB activa (TBA) caracterizado por manifestaciones clínicas (presente en el 5-10% de individuos infectados) y TB latente (TBL) caracterizado por una infección asintomática (WHO, 2024).

En 2023 a nivel global 10,8 millones de personas contrajeron TB, de las cuales 1,25 millones fallecieron (WHO, 2024). En las Américas en el mismo año se estimaron 342,000 casos (OPS, n.d.); mientras que en México en 2023 hubo 20,794 casos acumulados (Secretaría de Salud, 2025).

Sin embargo, aún no está claro si la disbiosis es causa de una enfermedad o resultado del proceso de enfermedad, lo cual ha permitido formular la hipótesis de que el desarrollo de TBA puede estar determinada no solo por el agente causal, sino también por la interacción con las comunidades microbianas locales y factores inmunológicos (Elizalde et al., 2023). Por ende, las actividades de investigación correspondientes al período de Servicio Social, se realizarán con el propósito de asentar las bases teóricas y prácticas para poder validar la composición taxonómica de la microbiota respiratoria de pacientes con tuberculosis, en el laboratorio de la Unidad de Vinculación Científica de la Facultad de Medicina del Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), dentro del proyecto “Validación de la microbiota respiratoria en pacientes con tuberculosis”.

La misión del INMEGEN es contribuir a la salud de la población de México mediante el desarrollo de proyectos de investigación básica, médica y formación de recursos humanos.

### **Marco institucional**

El servicio social se realizó en la modalidad de actividades relacionadas con la profesión en el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) el cual es el undécimo Instituto Nacional de Salud, fundado en el 2004, como resultado del trabajo efectuado desde 2001 por el Consorcio Promotor del Instituto de Medicina Genómica, integrado por la Universidad Nacional Autónoma de México, el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, de la Secretaría de Salud, y la Fundación Mexicana para la Salud. Cuya misión es contribuir a la salud de la población de México, mediante la investigación, la formación de recursos humanos, así como la vinculación con el sector productivo para acelerar el acceso a bienes y servicios innovadores que eleven los niveles en la calidad de vida de los mexicanos e impulsen una cultura de prevención. Todo esto regido por investigación de punta

para desarrollar nuevas tecnologías enfocadas en la detección oportuna de las enfermedades más frecuentes en México (INMEGEN, n.d.).

### **Visión**

El Instituto será el referente nacional e internacional de investigación, desarrollo de políticas públicas e innovación en la salud preventiva. Sentando precedente de cómo la investigación en genómica puede tener un impacto directo en la toma de decisiones que cambien el panorama de las enfermedades que más afectan a México (INMEGEN, n.d.).

### **Justificación**

Para que se produzca la infección por *M. tuberculosis*, los aerosoles deben depositarse en los alvéolos pulmonares. Las manifestaciones clínicas de la TBA se caracterizan por tos persistente, dolor torácico, astenia, pérdida de peso, fiebre y sudores nocturnos. Sin embargo, existen mecanismos protectores del hospedero que pueden limitar su capacidad infectiva, lo que da lugar a una infección TBL asintomática (Frahm et al., 2011; Pere- Joan, 2018; WHO, 2025). El desarrollo de TBA podría estar determinada no solo por el agente causal, sino también por la interacción con el microbioma y factores inmunológicos con el bacilo, por lo tanto es importante caracterizar y analizar el microbioma de los pacientes con TBA así como contactos cercanos, para aportar información importante que permita un mayor entendimiento del desarrollo de la enfermedad. Ya que el plan de estudios de la carrera de biología busca formar profesionales creativos y críticos capaces de realizar actividades científicas, se llevaron a cabo actividades que permitieron aprender y perfeccionar técnicas de biología molecular con el fin de adquirir autonomía, aunado a las metas del Tronco Divisional cuyo énfasis se encuentra en el proceso salud-enfermedad el cual es posible analizar en la TB.

### **Aporte a la sociedad**

Existe una fuerte asociación entre la Tuberculosis y el cambio en la composición del microbioma respiratorio, es posible que el desarrollo de la TB esté determinado no

solo por el agente causal de la enfermedad, sino también por la interacción con las comunidades microbianas locales y factores inmunológicos, por lo tanto, los servicios que se prestaron se hicieron a favor de la generación de conocimiento que permitirá una mejor comprensión del desarrollo de la enfermedad y su relación con la microbiota en beneficio de la salud de la sociedad.

### **Objetivo general**

Validar la composición taxonómica de la microbiota respiratoria de pacientes con tuberculosis previamente determinada por secuenciación de 16S rRNA.

### **Objetivos particulares**

1. Comprender las bases moleculares de la secuenciación y del diseño de primers
2. Aprender técnicas de biología molecular incluyendo extracción de DNA, PCR, electroforesis, cuantificación de ácidos nucleicos y proteínas, documentación y densitometría
3. Seleccionar los géneros y especies bacterianas a validar

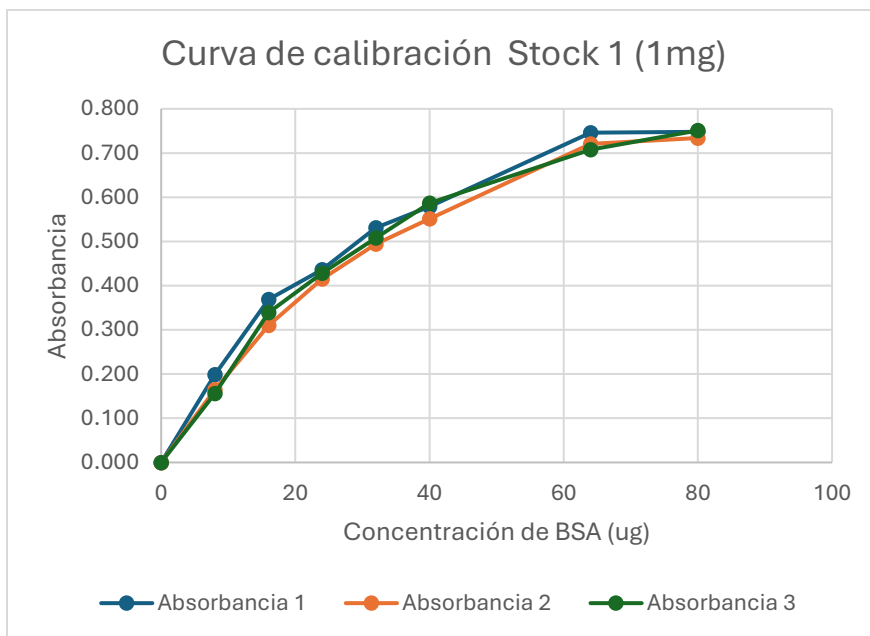
### **Actividades realizadas**

En el Instituto Nacional de Medicina Genómica realicé diversas actividades orientadas al análisis del microbioma humano con un enfoque particular en pacientes con tuberculosis mediante “metabarcoding”, la cual es una técnica que permite la identificación taxonómica de múltiples especies a partir de una muestra mediante la secuenciación de un marcador de ADN específico, en el caso de las bacterias se basa en la secuenciación de fragmentos del gen 16SrRNA y en hongos a partir de las regiones espaciadoras del transcrito interno (ITS), la aplicación de esta técnica en estudios de microbioma permite la identificación de la microbiota, revelar formas no cultivadas y estimar su abundancia (Burtseva et al., 2021; Liu et al., 2020)

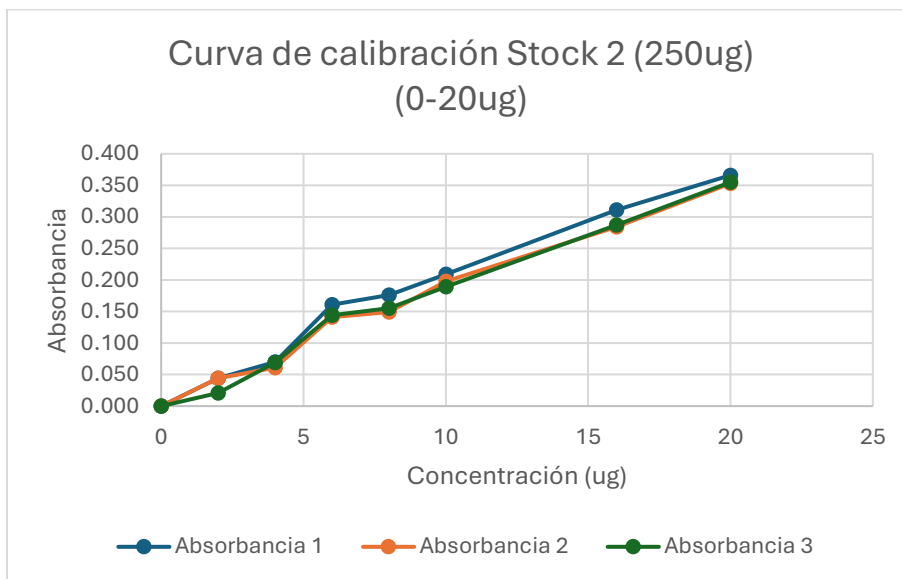
Previo a la realización de cualquiera de las técnicas de biología molecular se enfatizó la importancia en el manejo preciso de micropipetas mediante diversos ensayos de cuantificación de proteínas y la posterior elaboración de curvas de calibración.

La determinación de proteínas se llevó a cabo mediante el ensayo de Bradford el cual es un método que permite la unión del colorante Azul de Comassie G-250 a proteínas (principalmente se une a aminoácidos básicos y aromáticos); cuando el colorante se une a la proteína presenta una forma azul estable no protonada con una absorción máxima de 595 nm. En cualquier ensayo de proteínas, la proteína ideal para usar como estándar es una preparación purificada de la proteína que se analiza. Sin embargo, si solo se desean valores relativos, se puede seleccionar cualquier proteína purificada como estándar en este caso se utilizó Albumina de Suero Bovino (BSA).

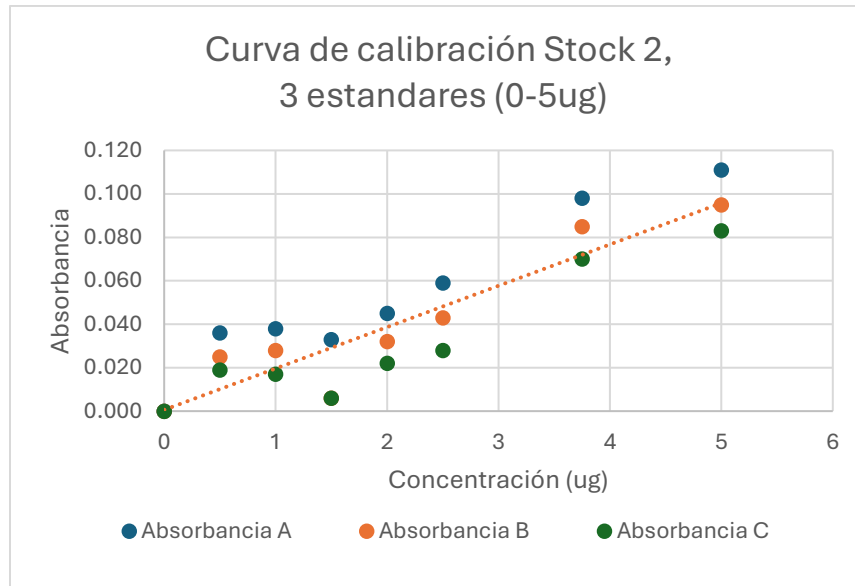
Previo a la ejecución de la técnica, se preparó el reactivo Bradford 1X como lo indica el fabricante (Bio-Rad, 2000), así como soluciones stock de BSA a 1 mg/mL (stock 1) y 0.250 mg/mL (stock 2). Posteriormente, se realizaron ocho diluciones por triplicado del stock 1, con concentraciones de 0 a 80  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ , y del stock 2, con rangos de 0 a 20  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$  y de 0 a 5  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ , con el fin de trabajar con concentraciones progresivamente menores. Para continuar con el procedimiento, se añadieron 150  $\mu\text{L}$  de cada dilución y 150  $\mu\text{L}$  del reactivo Bradford en cada pozo de la microplaca, dispensando y aspirando con la micropipeta para mezclar el reactivo con la solución. La mezcla se incubó durante 5 minutos y posteriormente se realizó la lectura a 595 nm en un lector de placas, con el objetivo de obtener los datos necesarios para la elaboración de la curva de calibración.



**Figura 1.** Ejemplo de la curva de calibración a partir de las diluciones por triplicado del stock 1 (0 a 80  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ )



**Figura 2.** Ejemplo de la curva de calibración a partir de las diluciones por triplicado del stock 2 (0 a 20  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ ).

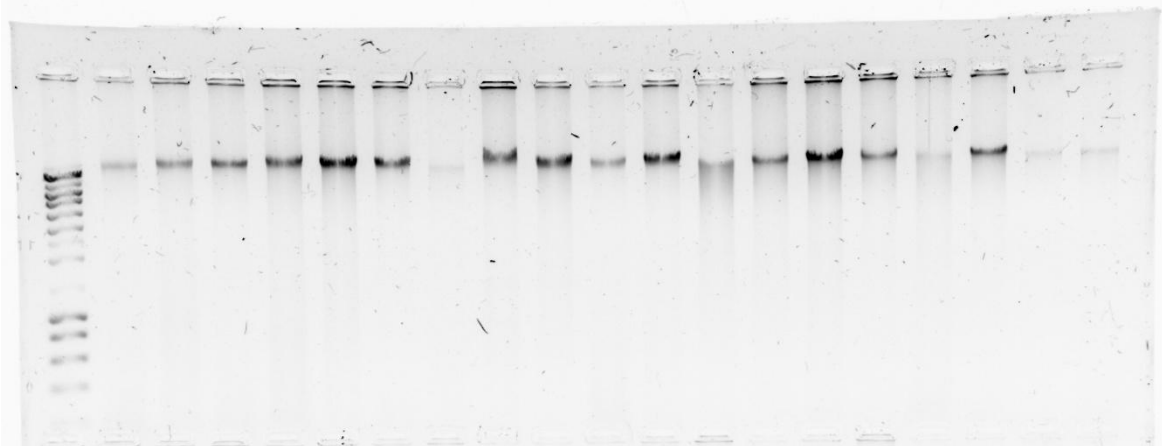


**Figura 3.** Ejemplo de la curva de calibración a partir de las diluciones por triplicado del stock 2 (0 a 5  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ ).

Asimismo, se enfatizó en la comprensión de los fundamentos teóricos de las diferentes metodologías moleculares empleadas en el estudio del microbioma, mediante la asistencia a seminarios, talleres y cursos, así como a través de la lectura, el análisis, la presentación de resultados y la formulación de preguntas. Se proporcionaron instrucciones detalladas sobre el manejo integral de muestras biológicas y ácidos nucleicos, desde su descongelación hasta su almacenamiento.

Junto al análisis de microbioma, y con el propósito de estudiar la relación entre las variables genéticas humanas y la manifestación clínica de la tuberculosis, se llevó a cabo la extracción de ADN genómico (ADNg) a partir de células epiteliales orales. La extracción de ácidos nucleicos constituye el primer paso en la mayoría de los estudios de biología molecular y, sin importar el tipo de muestra o metodología empleada, implica la lisis celular, la purificación, la precipitación, el lavado y la disolución de los ácidos nucleicos (Salazar et al., 2023). En este caso, la extracción de ADN de células epiteliales se realizó siguiendo la metodología propuesta por Aidar y Line. (2007).

Los aislados de ADN fueron cuantificados mediante espectrofotometría utilizando un equipo Nanodrop, con el fin de determinar su concentración y pureza la cual es posible determinar mediante la relación de la absorbancia 260/230nm y 260/280nm, valores que deben de encontrarse entre 1.8-2 y 1.7-1.9 respectivamente (Salazar et al., 2023). Finalmente, la integridad de las muestras se evaluó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.2 %, utilizando una corriente de 100 V. El resultado esperado consistió en la observación de una banda definida, lo que indicaría un material intacto, o una banda definida con la presencia de una mancha difusa lo que indicaría un material intacto pero con la presencia de ARN, en contraste la presencia de una mancha difusa sugeriría degradación del ADN.



**Figura 4.** Ejemplo del análisis de integridad del ADNg en gel de agarosa, primer carril Ladder III NZYTech indicador de bandas con diferente tamaño molecular, los demás carriles son los aislados de ADNg de epitelio bucal.

Asimismo, se participó en el flujo de trabajo para el estudio de microbioma, que incluyó la fase clínica y el procesamiento molecular en laboratorio. Durante la fase clínica, realizada en el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias (INER), se llevó a cabo la selección de pacientes junto a su participación voluntaria, así como la obtención del consentimiento informado y la recolección de muestras biológicas, conforme al protocolo establecido. Las muestras obtenidas fueron posteriormente procesadas mediante técnicas moleculares en laboratorio.

Entre las actividades orientadas al procesamiento de muestras en laboratorio, se incluyó la estandarización de un protocolo para la extracción de ADN de microbiota a partir de muestras de esputo, mediante kit QIAamp DNA Host-Free Microbiome Kit – Host-Depleted DNA junto con un pretratamiento de esputolisina para disgregar el esputo, reducir su viscosidad y permitir su procesamiento. Así como la optimización de diversas reacciones de PCR dirigidas a las regiones V3-V4 en aislados de *Mycobacterium* y de microbiota, y a la región ITS en aislados de *Candida albicans*.

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es una técnica basada en la replicación *in vitro* del ADN, que permite la amplificación exponencial de un fragmento específico (amplicón) de ADN genómico (ADNg) o ADN complementario (ADNc), se caracteriza por ciclos con cambios de temperatura de desnaturalización (95°C), alineamiento (55-60°C) y extensión (72°C). Para su ejecución, se requieren diversos componentes esenciales: primers o cebadores, que delimitan los extremos del fragmento a amplificar; la enzima Taq polimerasa, encargada de sintetizar la nueva cadena de ADN; la cadena molde o templado, que sirve de referencia para la polimerización; una solución buffer, que provee el entorno químico adecuado para la reacción; dNTPs (desoxinucleótidos trifosfato), que funcionan como los bloques necesarios para la síntesis de la nueva cadena; y cofactores que facilitan la actividad enzimática e intervienen en la interacción con el pirofosfato liberado durante la polimerización.

Para realizar las reacciones se midió la concentración de ADN de diferentes aislados de *Mycobacterium sp.* y de *Candida albicans*, se seleccionaron las que presentaron mayor concentración de ADN ya que se hicieron 5 diluciones logarítmicas del ADN molde para determinar la concentración óptima para la reacción y los demás componentes se añadieron de acuerdo con las recomendaciones del proveedor (Thermo Fisher, 2025.).

**Tabla1.** Concentraciones de ADN molde utilizadas en la estandarización de la PCR

<i>Mycobacterium sp.</i> (ng/ul)	Amplificó	<i>Candida albicans</i> (ng/ul)	Amplificó
474	No	700	Si
118.5	Si	500	Si
59.2	Si	100	No
29.6	Si	20	No
7.4	Si	5	No
3.7	Si	1	No
0	No	0	No

En los ensayos realizados para la región V3-V4 con templado de *Mycobacterium sp.*, no se obtuvo amplificación específica a una concentración de 474 ng/μL, se obtuvieron únicamente productos inespecíficos; tampoco se detectó amplificación a 0 ng/μL, lo que confirma la ausencia de contaminación en el experimento. El mejor rendimiento de amplificación se registró a una concentración de 118 ng/μL. En el caso de la región ITS1, utilizando templado de *Candida albicans*, se obtuvo amplificación únicamente a concentraciones de 700 ng/μL y 500 ng/μL, siendo esta última la que presentó el mayor rendimiento.

Estas actividades contribuyeron al fortalecimiento metodológico del proyecto y al desarrollo de habilidades técnicas especializadas en biología molecular aplicada a estudios de microbioma.

Otras de las actividades realizadas, orientadas al análisis del perfil de citocinas de cada hospedero, incluyeron la obtención de plasma y suero a partir de muestras de sangre periférica. Para el plasma, la sangre se colectó en tubos con EDTA, mientras que para el suero se utilizaron tubos con SST (Serum Separator Tube). Ambos tubos fueron centrifugados a 2,400 rpm durante 10 minutos. Posteriormente, utilizando una micropipeta, se recuperó el sobrenadante, reservando aproximadamente 200 μL para las mediciones de citocinas.

Igualmente, se adquirieron conocimientos para la obtención de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) mediante centrifugación en gradiente de densidad con Ficoll. Este procedimiento consistió en centrifugar a 1,800 rpm durante 30 minutos (sin aceleración ni freno), posteriormente, transferir cuidadosamente la capa de PBMC a un tubo limpio empleando una pipeta Pasteur estéril. El conteo y determinación de la viabilidad celular se realizaron en un hemocitómetro, empleando un colorante vital (azul de tripano) para diferenciar células viables de no viables.

Finalmente, las PBMC se preservaron en medio SFB (suero fetal bovino) descomplementado suplementado con 10 % de DMSO, y se congelaron a -80 °C utilizando un contenedor con isopropanol (frosty) a temperatura ambiente, con el fin de lograr un enfriamiento gradual y evitar un choque térmico que comprometa la viabilidad celular.

### **Conclusión**

El estudio de microbioma humano es importante en asuntos de salud pública, ya que su aportación puede permitir una mayor comprensión del progreso de las enfermedades y como junto a las interacciones de las comunidades microbianas modifican el ambiente humano. La participación en estas actividades permitió adquirir herramientas técnicas y de análisis en el laboratorio de biología molecular, además de poder comprender la importancia del quehacer científico y el potencial impacto positivo que puede tener la ciencia básica en la salud.

## Bibliografía

Aidar M., y Line S. (2007). A simple and cost-effective protocol for DNA isolation from buccal epithelial cells. *Brazilian Dental Journal*.;18(2):148-52. doi: 10.1590/s0103-64402007000200012.

Bio-Rad Laboratories. (2000). Quick Start Bradford Protein Assay, Instruction manual.

Burtseva, O., Kublanovskaya, A., Fedorenko, T., Lobakova, E., y Chekanov, K. (2021). Gut microbiome of the White Sea fish revealed by 16S rRNA metabarcoding. *Aquaculture*, 533, 736175. <https://doi.org/10.1016/J.AQUACULTURE.2020.736175>

Elizalde, I., Hernández, D., y Silva-Herzog, E. (2023). El microbioma humano en la coyuntura entre la salud y la enfermedad. *Ciencia*, 74(3), 62–69.

Frahm, M., Goswami, N. D., Owzar, K., Hecker, E., Mosher, A., Cadogan, E., Nahid, P., Ferrari, G., y Stout, J. E. (2011). Discriminating between latent and active tuberculosis with multiple biomarker responses. *Tuberculosis*, 91(3), 250–256. <https://doi.org/10.1016/j.tube.2011.02.006>

Hood, L., Goldberg, M., Reynolds, A., Silver, L., y Veres, R. (2012). From Genes to Genomes Third Edition. In *Journal of the National Medical Association* (3rd ed.). McGraw-Hil.

INMEGEN. (n.d.). *Instituto Nacional de Medicina Genómica*. Retrieved March 24, 2025, from <https://www.inmegen.gob.mx/el-instituto/>

Liu, M., Clarke, L. J., Baker, S. C., Jordan, G. J., y Burrige, C. P. (2020). A practical guide to DNA metabarcoding for entomological ecologists. In *Ecological Entomology* (Vol. 45, Issue 3, pp. 373–385). Blackwell Publishing Ltd. <https://doi.org/10.1111/een.12831>

Morgan, X. C., y Huttenhower, C. (2012). Chapter 12: Human microbiome analysis. *PLoS Computational Biology*, 8(12). <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PCBI.1002808>

OPS. (n.d.). *Tuberculosis - OPS/OMS | Organización Panamericana de la Salud*. Retrieved March 24, 2025, from <https://www.paho.org/es/temas/tuberculosis>

Pere-Joan, C. (2018). Patogénesis de la tuberculosis y otras micobacteriosis. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 36(1), 38–46. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2017.10.015>

Pérez, V., y Moya, A. (2023). El microbioma respiratorio en la salud y la enfermedad. *Anales de Microbiota, Probióticos, Prebióticos*, 4(1), 93–99.

Pérez-Cobas, A. E., Rodríguez-Beltrán, J., Baquero, F., y Coque, T. M. (2023). Ecology of the respiratory tract microbiome. *Trends in Microbiology*, 31(9), 972–984. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2023.04.006>

Salazar, A., Sandoval, A., & Armendáriz, J. (2023). BIOLOGÍA MOLECULAR Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud. en McGRAW-HILL INTERAMERICANA.

Secretaría de Salud. (2025, March 18). *Boletín Epidemiológico Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica Sistema Único de Información | Secretaría de Salud | Gobierno | gob.mx*. <https://www.gob.mx/salud/acciones-y-programas/direccion-general-de-epidemiologia-boletin-epidemiologico>

Thermo Fisher. (2025). *PCR SuperMix 100 reacciones | Contact Us | Invitrogen™ | thermofisher.com*. Retrieved August 11, 2025, from <https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/10572014?SID=srch-srp-10572014>

Turnbaugh, P. J., Ley, R. E., Hamady, M., Fraser-Liggett, C. M., Knight, R., & Gordon, J. I. (2007). The Human Microbiome Project. *Nature* 2007 449:7164, 449(7164), 804–810. <https://doi.org/10.1038/nature06244>

WHO. (2024). *Global tuberculosis report 2024*.

WHO. (2025). *Tuberculosis*. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/tuberculosis>

**Visto bueno de los asesores**



A handwritten signature in blue ink, consisting of several loops and a long horizontal stroke at the end, positioned above a solid horizontal line.

**ASESOR EXTERNO**

**Dra. Eugenia Luisa Silva-Herzog Márquez**

Ced. 3336779

Unidad de Vinculación Científica Facultad de Medicina-INMEGEN



A handwritten signature in blue ink, featuring a large initial 'M' and several loops, positioned above a solid horizontal line.

**ASESOR INTERNO**

**Dra. María Jesús Ferrara Guerrero**

No. Eco. 22662

Laboratorio de Ecología Microbiana, UAM-Xochimilco