

Aspectos generales

Título:	Ingeniería de vías metabólicas
Semestre:	2026-1
Sede:	Instituto de Biotecnología
Horario:	Jueves de 9 am a 1 pm
No. sesiones:	17
Duración de la sesión:	4.00
Cupo total:	12

Tutor responsable

Nombre:	GUILLERMO GOSSET LAGARDA
Entidad:	Instituto de Biotecnología
Email:	gosset@ibt.unam.mx
Teléfono:	7773291601

Métodos de evaluación

MÉTODO	CANTIDAD	PORCENTAJE
Participación en clase	15	60%
Presentación de un proyecto	1	40%

Integrantes

INTEGRANTE	ROL	HORAS	ACTIVIDAD COMPLEMENTARIA
GUILLERMO GOSSET LAGARDA	Responsable		
MARIA DE LOURDES MORALES CORONA	Coordinador estudiante (Registrado)	22.00	Si
MITZI DE LA CRUZ HERNÁNDEZ	Coordinador estudiante (Registrado)	22.00	Si
JOSE UTRILLA CARRERI	Profesor invitado (MDCBQ)	4.00	
JOSÉ ADELFO ESCALANTE LOZADA	Profesor invitado (MDCBQ)	4.00	
JULIO AUGUSTO FREYRE GONZÁLEZ	Profesor invitado (MDCBQ)	4.00	
ALVARO LARA	Profesor invitado (Externo)	4.00	
FERNANDO ASTUDILLO MELGAR	Profesor invitado (Externo)	4.00	
JUAN NOGALES	Profesor invitado (Externo)	4.00	
		68/68	

Introducción

La ingeniería metabólica de sistemas es una rama de la biotecnología en la que converge la aplicación del conocimiento generado por diferentes áreas de la ciencia (ingeniería genética, biología celular, biología molecular, bioquímica, etc.). También se ha definido como una mejora dirigida hacia la formación de productos o propiedades celulares a través de la modificación de reacciones bioquímicas específicas o la introducción de nuevas mediante el uso de DNA recombinante.

La integración de diversas herramientas de biología molecular, biología sintética y de las más recientes herramientas ómicas (genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica) permite estudiar al sistema celular desde una perspectiva global y la modificación del metabolismo con la finalidad de realizar diseños racionales de cepas ad-hoc a nuestras necesidades, el cual es el objetivo último de la ingeniería metabólica de sistemas. De igual modo en el presente curso se verá desde una perspectiva ecológica-microbiana para la identificación de genes asociados a vías metabólicas de interés.

Objetivos

Presentar un panorama general de los antecedentes, herramientas, estrategias y perspectivas del empleo de la ingeniería metabólica de sistemas bacterianos.

Temario

Clase 1: 14/08/25 Introducción a la Ingeniería Metabólica. M. C. María de Lourdes Morales Corona. 4 horas.

Clase 2: 21/08/25 Exploración del metabolismo central del carbono y biosíntesis de productos biotecnológicos. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández 2 horas. M.C. María de Lourdes Morales Corona 2 horas.

Clase 3: 28/08/25 Revisión de la regulación de la expresión génica. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández 2 horas. M.C. María de Lourdes Morales Corona 2 horas.

Clase 4: 4/09/25 Herramientas moleculares: Sistemas de expresión, integración e interrupción del material genético Y aplicaciones de herramientas moleculares. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández. 4 horas.

Clase 5: 11/09/25 Genómica y diversidad microbiana

Clase 6: 18/09/25 Transcriptómica. M. C. María de Lourdes Morales Corona. 4 horas.

Clase 7: 25/09/25 Proteómica. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández 4 horas.

Clase 8: 02/10/25 Optimización del proteoma: ME-Models

Clase 9: 09/10/25 Redes de Regulación genética en bacterias

Clase 10: 16/10/25 Aplicaciones de redes de regulación genética en la ingeniería de vías metabólicas. M. C. María de Lourdes Morales Corona. 4 horas.

Clase 11: 23/10/25 Reactores biológicos. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández 4 horas.

Clase 12: 30/10/25 Retos de la producción de proteínas recombinantes

Clase 13: 06/11/25 Estrategias de Ingeniería Metabólica para Contender con la Toxicidad en Procesos Biotecnológicos. M. C. María de Lourdes Morales Corona. 4 horas.

Clase 14: 13/11/25 Evolución adaptativa

Clase 15: 20/11/25 Ingeniería de vías metabólicas de comunidades microbianas: Diseño de consorcios

Clase 16: 27/11/25 Control dinámico. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández 4 horas.

Clase 17: 04/10/25 Exposición trabajo final. M. C. Mitzi de la Cruz Hernández 2 horas. M.C. María de Lourdes Morales Corona 2 horas.

Bibliografía

Raab, R. M., Tyo, K., & Stephanopoulos, G. (2005). Metabolic Engineering. *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, 100, 1–17. <https://doi.org/10.1007/B136411>

Stephanopoulos, G. (2012). Synthetic biology and metabolic engineering. *ACS Synthetic Biology*, 1(11), 514–525. doi/full/10.1021/sb300094q#

Woolston, B. M., Edgar, S., & Stephanopoulos, G. (2013). Metabolic engineering: Past and future. *Annual Review of Chemical and Biomolecular Engineering*, 4(Volume 4, 2013), 259–288. <https://doi.org/10.1146/annurev-chembioeng-061312-103312>

Nelson, D. L., Cox, M. M., & Lehninger, A. L. (2021). *Principios de bioquímica de Lehninger* (7ª ed.). Editorial Médica Panamericana.

Escalante, A., Martínez, A., Bolívar, F., & Gosset, G. (2024). *Metabolic engineering of the shikimic acid pathway in Escherichia coli for production of derived aromatic compounds*. En *Handbook of Biorefinery Research and Technology: Production of Biofuels and Biochemicals* (pp. 291-317). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-97-7586-6_19

Kazmi, A., Sultana, T., Ali, A., Nijabat, A., Li, G., & Hou, H. (2025). Innovations in bioethanol production: A comprehensive review of feedstock generations and technology advances. *Energy Strategy Reviews*, 57, 101634. <https://doi.org/10.1016/j.esr.2024.101634>

de la Cruz, M., Kunert, F., Taymaz-Nikerel, H., Sigala, J. C., Gosset, G., Büchs, J., & Lara, A. R. (2024). Increasing the Pentose Phosphate Pathway Flux to Improve Plasmid DNA Production in Engineered E. coli. *Microorganisms*, 12(1), 150. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12010150>

Watson, J. D., & Baker, T. A. (2013). *Molecular Biology of the Gene*. https://books.google.com.mx/books?id=aRUtAAAAQBAJ&source=gbs_similarbooks

Fisher, D. I., Mayr, L. M., & Roth, R. G. (2016). *Expression Systems*. *Encyclopedia of Cell Biology*, 54–65. doi:10.1016/b978-0-12-394447-4.10009-4

Datsenko KA, Wanner BL: One-step inactivation of chromosomal genes in Escherichia coli K-12 using PCR products. *Proc Natl Acad Sci* 2000;97:6640–6645.

Zhu, L. J. (2015). Overview of guide RNA design tools for CRISPR-Cas9 genome editing technology. *Frontiers in Biology*, 10(4), 289-296.

Quan, J., y Tian, J. (2011). Circular polymerase extension cloning for high-throughput cloning of complex and combinatorial DNA libraries. *Nature Protocols*, 6(2), 242-251. <https://doi.org/10.1038/nprot.2010.181>

Roberts, R. J. (2005). How restriction enzymes became the workhorses of molecular biology. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(17), 5905-5908.

- López-García, P., & Moreira, D. (2008). Tracking microbial biodiversity through molecular and genomic ecology. *Research in microbiology*, 159(1), 67-73.
- RNA Sequencing | RNA-Seq methods & workflows. (n.d.). Retrieved March 18, 2025, from <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/rna-sequencing.html>
- RNA Sequencing | RNA-Seq methods & workflows. (n.d.). Retrieved March 18, 2025, from <https://www.illumina.com/techniques/sequencing/rna-sequencing.html>
- Jiang, Z., Zhou, X., Li, R., Michal, J. J., Zhang, S., Dodson, M. v., Zhang, Z., & Harland, R. M. (2015). Whole transcriptome analysis with sequencing: Methods, challenges and potential solutions. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 72(18), 3425–3439. <https://doi.org/10.1007/S00018-015-1934-Y/FIGURES/6>
- Lowe, R., Shirley, N., Bleackley, M., Dolan, S., & Shafee, T. (2017). Transcriptomics technologies. *PLOS Computational Biology*, 13(5), e1005457. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PCBI.1005457>
- Suzuki, A. (2025). The early days of transcriptome sequencing and functional genomics. *Nature Reviews Genetics* 2025 26:3, 26(3), 155–155. <https://doi.org/10.1038/s41576-025-00814-5>
- Graves, P. R., & Haystead, T. A. (2002). Molecular biologist's guide to proteomics. *Microbiology and molecular biology reviews*, 66(1), 39-63.
- Aslam, B., Basit, M., Nisar, M. A., Khurshid, M., & Rasool, M. H. (2017). Proteomics: Technologies and Their Applications. *Journal of Chromatographic Science*, 55(2), 182–196. <https://doi.org/10.1093/CHROMSCI/BMW167>
- Kellner, R. (2000). Proteomics. Concepts and perspectives. *Fresenius' Journal of Analytical Chemistry*, 366(6–7), 517–524. <https://doi.org/10.1007/S002160051547/METRICS>
- Liang, J., Tian, J., Zhang, H., Li, H., & Chen, L. (2025). Proteomics: An In-Depth Review on Recent Technical Advances and Their Applications in Biomedicine. *Medicinal Research Reviews*. <https://doi.org/10.1002/MED.22098>
- Campos, A. I., & Freyre-González, J. A. (2019). Evolutionary constraints on the complexity of genetic regulatory networks allow predictions of the total number of genetic interactions. *Scientific Reports* 2019 9:1, 9(1), 1–15. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-39866-z>
- Freyre-González, J. A., Escorcia-Rodríguez, J. M., Gutiérrez-Mondragón, L. F., Martí-Vértiz, J., Torres-Franco, C. N., & Zorro-Aranda, A. (2022). System Principles Governing the Organization, Architecture, Dynamics, and Evolution of Gene Regulatory Networks. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 10, 888732. <https://doi.org/10.3389/FBIOE.2022.888732/BIBTEX>
- Gutierrez-Ríos, R. M., Freyre-Gonzalez, J. A., Resendis, O., Collado-Vides, J., Saier, M., & Gosset, G. (2007). Identification of regulatory network topological units coordinating the genome-wide transcriptional response to glucose in *Escherichia coli*. *BMC Microbiology*, 7(1), 1–18. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-7-53>
- Zorro-Aranda, A., Escorcia-Rodríguez, J. M., González-Kise, J. K., & Freyre-González, J. A. (2022). Curation, inference, and assessment of a globally reconstructed gene regulatory network for *Streptomyces coelicolor*. *Scientific Reports* 2022 12:1, 12(1), 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-06658-x>
- Doran, P. M. (2013). Bioprocess engineering principles (2ª ed.). Academic Press.
- Palomares, L. A., Estrada-Moncada, S., & Ramírez, O. T. (2004). Production of recombinant proteins: challenges and solutions. *Recombinant gene expression: reviews and protocols*, 15-51.
- Calero, P., & Nikel, P. I. (2019). Chasing bacterial chassis for metabolic engineering: a perspective review from classical to non-traditional microorganisms. *Microbial Biotechnology*, 12(1), 98–124. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13292>
- Calero, P., & Nikel, P. I. (2019). Chasing bacterial chassis for metabolic engineering: a perspective review from classical to non-traditional microorganisms. *Microbial Biotechnology*, 12(1), 98–124. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13292>
- Choi, K. R., Jang, W. D., Yang, D., Cho, J. S., Park, D., & Lee, S. Y. (2019). Systems Metabolic Engineering Strategies: Integrating Systems and Synthetic Biology with Metabolic Engineering. *Trends in Biotechnology*, 37(8), 817–837. <https://doi.org/10.1016/J.TIBTECH.2019.01.003>
- Carmona, S.B., Flores, N., Martínez-Romero, E. et al. Evolution of an *Escherichia coli* PTS² strain: a study of reproducibility and dynamics of an adaptive evolutive process. *Appl Microbiol Biotechnol* 104, 9309–9325 (2020). <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10885-5>
- Calero, P., & Nikel, P. I. (2019). Chasing bacterial chassis for metabolic engineering: a perspective review from classical to non-traditional microorganisms. *Microbial Biotechnology*, 12(1), 98–124. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13292>
- Choi, K. R., Jang, W. D., Yang, D., Cho, J. S., Park, D., & Lee, S. Y. (2019). Systems Metabolic Engineering Strategies: Integrating Systems and Synthetic Biology with Metabolic Engineering. *Trends in Biotechnology*, 37(8), 817–837. <https://doi.org/10.1016/J.TIBTECH.2019.01.003>
- Liu, L., Bao, W., Men, X., & Zhang, H. (2022). Engineering for life in toxicity: Key to industrializing microbial synthesis of high energy density fuels. *Engineering Microbiology*, 2(2), 100013. <https://doi.org/10.1016/J.ENGMIC.2022.100013>
- Venayak, N., Anesiadis, N., Cluett, W. R., & Mahadevan, R. (2015). Engineering metabolism through dynamic control. *Trends in Biotechnology*, 33(3), 153-165. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2014.12.005>