

¿Y ahora

qué?



# Sobre mi improbable camino científico

José Flores Uribe

Instituto Max Planck para la Investigación de la Mejora Vegetal,  
Colonia, Alemania  
En twitter: @ppflrs

Mi objetivo inicial al entrar a UPIBI era terminar y trabajar en la industria, pero poco sabía yo lo que se avecinaba. El separarme de mi familia y mudarme a la CDMX afectó gravemente mi rendimiento académico. Después de un difícil primer semestre, noté que necesitaba cambiar mi enfoque. Con disciplina y mucha ayuda de mis amigos, logré mejorar mi comprensión de los temarios, además de aprender a usar mis habilidades para resolver problemas en las nuevas materias.

Con esfuerzo y muchos sietes u ochos, por los que batallé mucho, finalmente regularicé mi situación escolar. Poco después tuve un gran cambio en mi concepción de la biotecnología gracias a las clases del Prof. Agustín Badillo, donde aprendí sobre proteínas recombinantes, lo que me despertó el interés por la investigación científica. A pesar de no ser el mejor estudiante, me arriesgué a pedirle la oportunidad de unirme a su equipo de trabajo y afortunadamente aceptó y solo pensar que por mi timidez casi no me atreví a preguntárselo!

Empecé por el servicio social para evaluar si era un buen match para el grupo y viceversa. Comencé limpiando el laboratorio, lavando material y preparando medios de cultivo; lo que me hizo apreciar la importancia del trabajo en equipo y la división de labores en la ciencia. Ahí formé amistades valiosas lo que hizo los días más agradables y enriquecedores: además de discutir resultados y resolver problemas experimentales, también íbamos al cine o salíamos por tacos.

Después continúe en el mismo grupo primero para terminar la licenciatura y estudiar la maestría. En esos proyectos aprendí desde técnicas de biología molecular hasta el manejo de **bacteriófagos** o microalgas como *Chlamydomonas reinhardtii* (Figura 1).

En la maestría, obtuve imágenes de *C. reinhardtii* por microscopía electrónica y para sacarles el máximo provecho decidí analizarlas computacionalmente. Para ello, tuve que aprender a programar macros de ImageJ por mi cuenta, lo que me llevó más tiempo del que me hubiera tomado hacer la tarea de forma manual iups!. Aun así, valió la pena ya que el análisis fue muy

bien recibido en mi defensa de tesis y me ayudó a desarrollar habilidades que todavía sigo usando actualmente. Sin saberlo, experiencias como esta sentaron las bases de mi carrera en bioinformática.

Al final de mi maestría, un amigo me habló de un doctorado en **metagenómica** en el laboratorio del Prof. Oded Beja (Technion, Israel) financiado por la Unión Europea a través

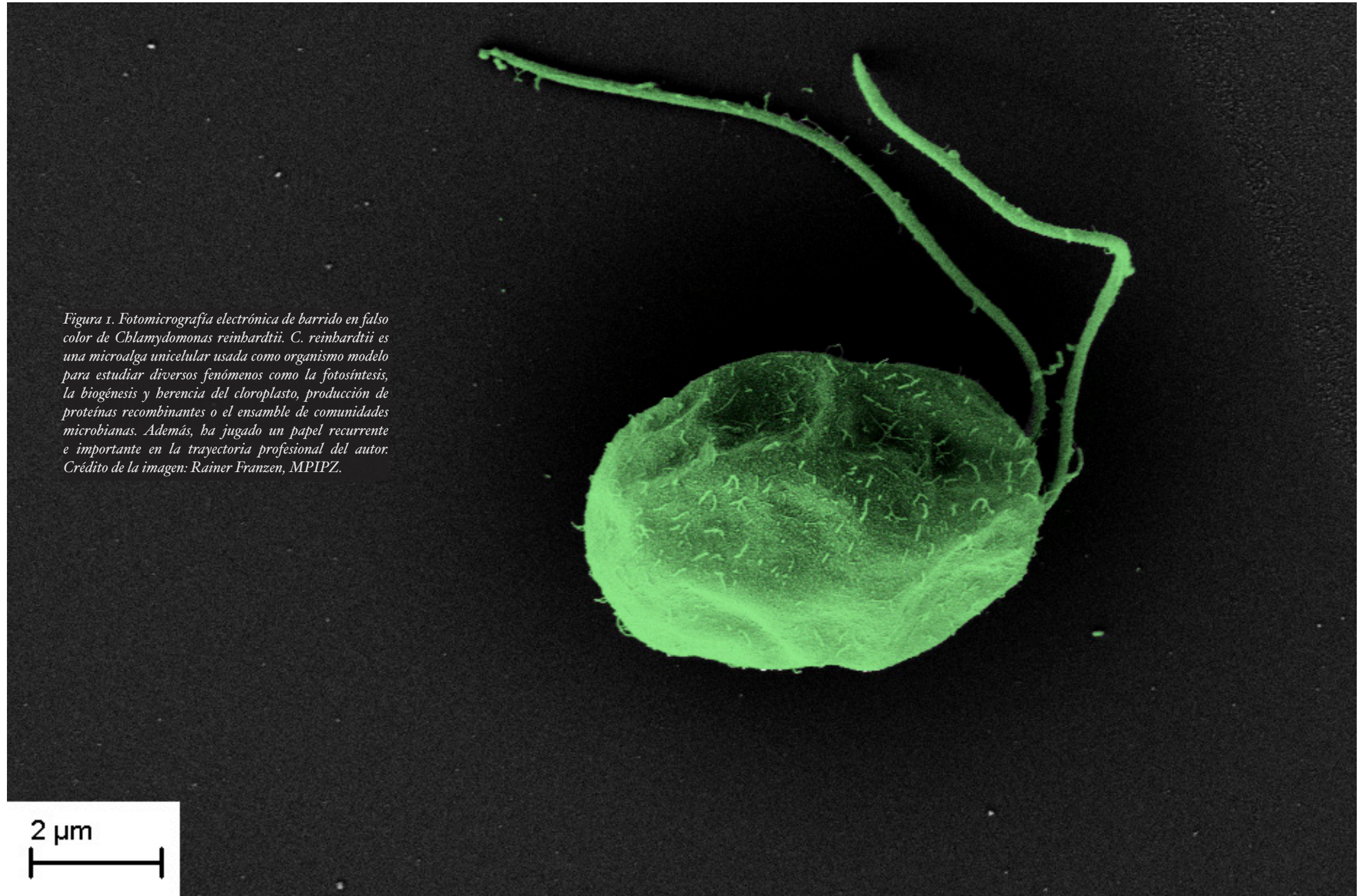


Figura 1. Fotomicrografía electrónica de barrido en falso color de *Chlamydomonas reinhardtii*. *C. reinhardtii* es una microalga unicelular usada como organismo modelo para estudiar diversos fenómenos como la fotosíntesis, la biogénesis y herencia del cloroplasto, producción de proteínas recombinantes o el ensamble de comunidades microbianas. Además, ha jugado un papel recurrente e importante en la trayectoria profesional del autor. Crédito de la imagen: Rainer Franzen, MPIPZ.

2 μm

Figura 2. Muestreador roseta a bordo de un buque oceanográfico con las instalaciones del Instituto Inter-Universitario para Ciencias Marinas de fondo (Mar Rojo, Eilat, Israel). El muestreador está unido a un cable metálico que es usado para hacer descender el dispositivo en cuerpos acuáticos, esto permite además de recolectar mediciones de conductividad, temperatura y profundidad recuperar muestras de agua que pueden ser procesadas posteriormente a bordo del buque o en el laboratorio. Este equipo fue utilizado para recolectar algunas de las muestras que analicé durante mi doctorado. Crédito de la imagen: José Flores-Uribe.



del programa “Marie Curie ITN”. El proyecto me interesó y a pesar de no conocer el laboratorio decidí concursar. Con mucha ilusión y nervios le escribí al Prof. Beja, quien para mi sorpresa luego de leer mis cartas de recomendación y entrevistarme, me aceptó en su grupo de investigación.

Esta era la primera vez que salía del país e interactuaba con una cultura totalmente diferente, lo que me hizo recordar ese primer semestre en Av. Acueducto; sin embargo, ahora tenía herramientas que mi paso por UPIBI me dejó y eso facilitó esta nueva etapa en mi vida.

Durante el doctorado utilicé métodos computacionales para analizar miles de muestras, provenientes de todo el mundo (Figura 2), lo que nos permitió estudiar cómo es que los bacteriófagos [1, 2] y diversas familias de proteínas [3] participan en varios ciclos biogeoquímicos marinos. Las hipótesis que generamos después eran verificadas en el laboratorio con experimentos diseñados para caracterizar el rol de los genes identificados computacionalmente en diferentes procesos ambientales.

Al graduarme llegué al instituto donde laboro actualmente. Usando biorreactores, inteligencia

artificial, metagenómica, e implementando nuevos sistemas experimentales (Figura 3) estudiamos las comunidades bacterianas asociadas con plantas y con mi vieja conocida: *C. reinhardtii*. Nuestros resultados sugieren la existencia de mecanismos de ensamblaje conservados entre la **microbiota** de plantas y microalgas [4]. Esto nos ayuda a entender mejor los principios básicos que gobiernan las comunidades microbianas del suelo y podría ser usado para diseñar mejores biofertilizantes en el futuro.

Mi trayectoria académica es breve, y a pesar de que en un inicio no me interesaba la investigación, he aprendido mucho sobre disciplinas muy diferentes e interesantes. Participar en proyectos diversos y complejos es gratificante, especialmente cuando tus pequeñas contribuciones a la ciencia han sido publicadas en las mejores revistas del campo y bien recibidas en conferencias líderes a nivel mundial. Sin los mentores y amigos que UPIBI me brindó mi experiencia no hubiera sido la misma. Ahí aprendí, dentro y fuera del laboratorio, la importancia de la disciplina, el trabajo en equipo y cómo aplicar lo aprendido a situaciones nuevas. Además



Figura 3. Fotobiorreactor con cultivos de *C. reinhardtii* y diversas comunidades bacterianas sintéticas. Este biorreactor nos permite controlar las condiciones experimentales de los cultivos (temperatura, aireación, iluminación, densidad, composición nutricional, etc.) para estudiar su efecto en la estructura y evolución de comunidades microbianas. Crédito de la imagen: José Flores-Uribe.

entendí que podía superar el miedo y así poder contactar a gente nueva, pedir oportunidades o ser autodidacta. Sin duda no me queda más que estarle eternamente agradecido. <sup>Twitter</sup> **BIO**

## Glosario

**Bacteriófago:** Virus que infecta a bacterias.

**Metagenómica:** Estudio de la estructura y función de todas las secuencias de ADN provenientes de todos los organismos en una muestra a granel.

**Microbiota:** Conjunto de microorganismos (bacterias, virus, hongos, algas, etc.) que viven en la superficie y/o dentro de hospederos comúnmente eucariotas.

## Referencias

[1] Flores-Uribe, J., Filosof, A., Sharon, I., Fridman, S., Larom, S., & Béjà, O. (2019). A novel uncultured marine cyanophage lineage with lysogenic potential linked to a putative marine *Synechococcus* ‘relic’ prophage. *Environmental Microbiology Reports* (Vol. 11, Issue 4, pp. 598–604). Wiley. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12773>

[2] Fridman, S., Flores-Uribe, J., Larom, S., Alalouf, O., Liran,

O., Yacoby, I., Salama, F., Bailleul, B., Rappaport, F., Ziv, T., Sharon, I., Cornejo-Castillo, F. M., Filosof, A., Dupont, C. L., Sánchez, P., Acinas, S. G., Rohwer, F. L., Lindell, D., & Béjà, O. (2017). A myovirus encoding both photosystem I and II proteins enhances cyclic electron flow in infected *Prochlorococcus* cells. *Nature Microbiology* (Vol. 2, Issue 10, pp. 1350–1357). Springer Science and Business Media LLC. <https://doi.org/10.1038/s41564-017-0002-9>

[3] Pushkarev, A., Inoue, K., Larom, S., Flores-Uribe, J., Singh, M., Konno, M., Tomida, S., Ito, S., Nakamura, R., Tsunoda, S. P., Filosof, A., Sharon, I., Yutin, N., Koonin, E. V., Kandori, H., & Béjà, O. (2018). A distinct abundant group of microbial rhodopsins discovered using functional metagenomics. *Nature* (Vol. 558, Issue 7711, pp. 595–599). Springer Science and Business Media LLC. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0225-9>

[4] Durán, P., Flores-Uribe, J., Wippel, K., Zhang, P., Guan, R., Melkonian, B., Melkonian, M., & Garrido-Oter, R. (2022). Shared features and reciprocal complementation of the *Chlamydomonas* and *Arabidopsis* microbiota. *Nature Communications* (Vol. 13, Issue 1). Springer Science and Business Media LLC. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-28055-8>