

Bases bioquímicas de la salud pública

**y su rol en la
sostenibilidad
regional de Oaxaca**

**Iván Antonio García Montalvo
Marco Antonio Sánchez Medina
Alma Dolores Pérez Santiago**
Editores



Bases bioquímicas de la salud pública

y su rol en la sostenibilidad regional de Oaxaca



TECNOLÓGICO
NACIONAL DE MÉXICO



astra
editorial

Bases bioquímicas de la salud pública y su rol en la sostenibilidad regional de Oaxaca

Iván Antonio García Montalvo
Marco Antonio Sánchez Medina
Alma Dolores Pérez Santiago
Editores



TECNOLÓGICO
NACIONAL DE MÉXICO




astra
editorial

Bases bioquímicas de la salud pública y su rol en la sostenibilidad regional de Oaxaca. **Autores - editores:** Iván Antonio García Montalvo, Marco Antonio Sánchez Medina y Alma Dolores Pérez Santiago. —Oaxaca, México. 2026.

126 P. 23 cm.

Primera edición

D. R. © copyright 2026. Iván Antonio García Montalvo, Marco Antonio Sánchez Medina y Alma Dolores Pérez Santiago.

ISBN: **979-13-88349-25-6**

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004815>



La presente obra fue dictaminada bajo el sistema de doble ciego y cuenta con el aval de los dictámenes de pares académicos.

Edición y corrección: **Astra ediciones**



Todos los contenidos de esta publicación se comparten bajo la licencia Creative Commons Atribución/Reconocimiento-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional (**CC BY-NC-SA 4.0**). Esto implica que no está autorizado el uso comercial de la obra original ni de las eventuales obras derivadas, las cuales deberán distribuirse bajo la misma licencia que rige la obra original. No obstante, se permite a terceros compartir el contenido siempre y cuando se reconozca debidamente la autoría y la publicación original en esta editorial.

HECHO EN MÉXICO | MADE IN MEXICO

Contenido

Prólogo	9
Capítulo 1	
Mecanismos bioquímicos de la toxicidad por microplásticos en la salud pública mexicana	13
<i>Josué Ahmed Valdiviezo-Jarquín</i>	
<i>Luis Miguel Hernández-Pérez</i>	
<i>Luis Alberto Martínez-Santiago</i>	
<i>Enrique López-Ramírez</i>	
<i>Iván Antonio García-Montalvo</i>	
Capítulo 2	
La herencia genómica y transición epidemiológica entre obesidad y diabetes en la población zapoteca.....	23
<i>Magarito Martínez-Cruz</i>	
<i>Donají Méndez-López¹</i>	
<i>María de Jesús Ramírez-Altamirano</i>	
<i>Eduardo Pérez-Campos</i>	
<i>Laura Pérez-Campos Mayoral</i>	
Capítulo 3	
Modelado in silico y bioquímica computacional: Aportes al diagnóstico de enfermedades	35
<i>Miriam Avendaño-Villegas</i>	
<i>Carlos Romero-Díaz</i>	
<i>Alexis Martínez-Barras</i>	
<i>Idarh Matadamas-Ortíz</i>	
<i>Margarito Martínez-Cruz</i>	
Capítulo 4	
Alimentos tradicionales de Oaxaca con funciones probióticas asociadas a la presencia de bacterias ácido lácticas.....	49
<i>Danae Alicia Martínez-Martínez</i>	
<i>Flor de Belem Pérez Chávez</i>	
<i>Tania Nadhieli Mijangos Cárdenas</i>	
<i>Diana Matías-Pérez</i>	

Capítulo 5

Compuestos bioactivos en maíces nativos mexicanos y su impacto en la salud pública..... 69

Karen Seydel García-Melo

Gabriel Hernández Hernández

Diana Matías Pérez

Carlos Francisco Varapizuela-Sánchez

Capítulo 6

Incidencia de hongos del género *Aspergillus* y su impacto a la salud por el consumo de productos contaminados 81

Beatriz Guadalupe Villa-Martínez

Fernando Pérez-Mendoza

Aymara Judith Díaz-Barrita

Marco Antonio Sánchez-Medina

Carlos Francisco Varapizuela-Sánchez

Capítulo 7

Micodiversidad sustentable: Bioprospección de hongos silvestres para la soberanía alimentaria y el desarrollo de nutraceuticos 93

Yesenia Aragón-López

Balería María Hernández-Chávez

Alma Dolores Pérez-Santiago

Ricardo Valenzuela-Garza

María del Socorro Pina Canseco

Capítulo 8

Bases fisicoquímicas del transporte de humedad en madera y su implicación en la sostenibilidad de materiales lignocelulósicos en Oaxaca..... 107

Emilio Hernández-Bautista

Manolo Luis González-Jiménez

María de Jesús Gil-Gallegos

Gildardo Oswaldo García-Montalvo

Evelyn Abigail Cruz-López

Prólogo

El análisis de los factores que influyen en la salud de la población y la sustentabilidad ambiental en regiones de alta complejidad biocultural, como las que se encuentran en el estado de Oaxaca, exige un enfoque transdisciplinario basado en la evidencia molecular. A lo largo de los años, las políticas de salud y los modelos de desarrollo regional han sido diseñados desde perspectivas macroscópicas, haciendo de lado los principios bioquímicos que condicionan la capacidad de las poblaciones y sus ecosistemas para autorregularse y conservar su estabilidad.

Este libro, *Bases bioquímicas de la salud pública y su rol en la sostenibilidad regional de Oaxaca*, es un compendio que subsana esta carencia de conocimiento de forma crítica y rigurosa. El texto propone a la bioquímica como una disciplina que analiza la información para caracterizar, diagnosticar y mitigar los problemas del desarrollo de la humanidad y su efecto sobre el medio ambiente a escala regional. A través de ocho capítulos que van desde toxicología ambiental y la genómica poblacional hasta la bioprospección y la modelación computacional, este ejemplar se ofrece como un medio de conocimiento científico orientado al desarrollo de estrategias basadas en evidencia. El cuerpo de esta obra se encuentra estructurado de la siguiente manera:

El primer capítulo, “Mecanismos bioquímicos de la toxicidad por microplásticos en la salud pública mexicana”, presenta un análisis que intenta mapear de forma integral la ruta de los microplásticos, desde su fuente en la degradación de materiales de uso común, sus complejos mecanismos de absorción celular, hasta llegar a las devastadoras consecuencias bioquímicas (inflamación crónica, estrés oxidativo y caos hormonal) que hoy amenazan la salud de la población de México.

El segundo capítulo, “La herencia genómica y transición epidemiológica entre obesidad y diabetes en la población zapoteca”, hace un análisis de la interacción entre la predisposición genética histórica y los

cambios drásticos en los estilos de vida modernos de le las comunidades indígenas zapotecas del estado de Oaxaca.

El tercero, “Modelado *in silico* y bioquímica computacional: aportes al diagnóstico de enfermedades”, presenta el modelado *in silico* y la bioquímica computacional como herramientas útiles para simular interacciones moleculares a menores costos. Hoy en día, investigadores mexicanos utilizan estas tecnologías en el estudio de diversos arbovirus y males hereditarios o neurodegenerativos, ofreciendo una alternativa viable para el diagnóstico temprano en regiones con recursos limitados.

El cuarto capítulo, “Alimentos tradicionales de Oaxaca con funciones probióticas asociadas a la presencia de bacterias ácido lácticas”, explora el potencial de algunos alimentos tradicionales del estado de Oaxaca para actuar como fuente de microorganismos benéficos y compuestos bioactivos que podrían contribuir al desarrollo de alimentos funcionales.

El quinto, “Compuestos bioactivos en maíces nativos mexicanos y su impacto en la salud pública”, analiza la presencia de diversos compuestos bioactivos en maíces nativos de México y se discute su posible contribución a la prevención de enfermedades crónicas no transmisibles debido a la presencia de estos compuestos.

El sexto capítulo, “Incidencia de hongos del género *Aspergillus* y su impacto en la salud por el consumo de productos contaminados”, realiza un análisis de la producción de diversas micotoxinas y el riesgo de su presencia en alimentos.

El séptimo, “Micodiversidad sustentable: bioprospección de hongos silvestres para la soberanía alimentaria y el desarrollo de nutraceuticos”, explora el valor de los hongos silvestres mexicanos como productos nutraceuticos ricos en proteínas, vitaminas y minerales, destacando su potencial biotecnológico en la industria alimentaria para fortalecer la soberanía alimentaria y la economía local, promoviendo su aprovechamiento sostenible, el reciclaje orgánico y la preservación de la herencia biocultural.

Y por último, en el capítulo ocho, “Bases fisicoquímicas del transporte de humedad en madera y su implicación en la sostenibilidad de materiales lignocelulósicos en Oaxaca”, se analiza la forma en que la humedad relativa influye en el transporte de vapor de agua durante el secado convectivo de madera de pino por debajo de 100 °C. Mediante el

estudio de ecuaciones y un sistema multiescala, examina la relación entre el medio poroso, la frontera y el entorno para optimizar este proceso.

Con la integración de estos ocho capítulos, este libro constituye una herramienta para contribuir en el planteamiento de políticas públicas que den soluciones de mitigación y desarrollo tecnológico contextualizadas en la realidad del estado de Oaxaca.

Capítulo 1

Mecanismos bioquímicos de la toxicidad por microplásticos en la salud pública mexicana

Josué Ahmed Valdiviezo-Jarquin¹

Luis Miguel Hernández-Pérez²

Luis Alberto Martínez-Santiago³

Enrique López-Ramírez³

Iván Antonio García-Montalvo³

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004822>



¹ Departamento de Ingeniería Química, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

² Departamento de Ciencias Básicas, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

³ División de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

Resumen

Microplásticos y nanoplásticos, partículas <5 mm y <1 μ m respectivamente, originadas en degradación de plásticos como PE, PP y PS, invaden agua, aire y suelos mexicanos, detectados en 220 especies pesqueras y tejidos humanos. Clasificados por origen (primarios/secundarios), forma y composición, liberan ftalatos y bisfenoles, exacerbando la obesidad y diabetes. Absorción vía endocitosis y fagocitosis lleva a una bioacumulación en hígado, cerebro y pulmones, rompiendo barreras y liberando toxinas bacterianas que inflaman mucosas intestinales y generan esteatosis hepática. En cerebro, activan microglía hiperreactiva, formando placas amiloides; en pulmones se induce la fibrosis; se promueve la trombosis; puede causar atrofia tubular. En México, se inhalan partículas equivalentes a tarjetas plásticas semanales, agravando los problemas respiratorios. Este capítulo busca presentar el origen en la degradación de plásticos comunes como el polietileno y el polipropileno, su absorción a través de mecanismos celulares como la endocitosis, y las consecuencias bioquímicas, inflamación crónica, daño oxidativo y disrupciones hormonales que afectan intestino, hígado, cerebro y pulmones.

1. Introducción

Los microplásticos (MP) y nanoplásticos (NMP) representan hoy en día una amenaza de tipo emergente para la salud pública a nivel mundial, en la cual se involucran implicaciones específicas para México; lo anterior se debe a la elevada contaminación ambiental. Los MP son definidos como aquellas partículas plásticas de tipo sólido y que cuentan con un tamaño inferior a 5 mm; su origen es diverso, pero inicialmente se debe a la degradación de plásticos mayores (formación de tipo secundaria) o bien pueden llegar a ser fabricadas de manera intencional (formación primaria), como lo son cosméticos o fibras textiles. Los NMP son fragmentos con un diámetro menor

a 1 μm , los cuales son formados por la degradación abiótica y biótica de los MP; con ello se exhibe una mayor movilidad y reactividad debido a su escala nanométrica (1). Esta distinción es crucial, ya que los NMP pueden llegar a atravesar las barreras biológicas con una mayor eficiencia; este tipo de barreras son la hematoencefálica o bien la placentaria (2).

La clasificación de MP y NMP esta basada en su origen, además de la forma y del tamaño, así como de su composición química. Podemos clasificarlas con respecto a su origen como primarias en las cuales se incluyen microesferas presentes en exfoliantes, o bien en pellets industriales; las secundarias provienen de botellas de Tereftalato de polietileno (PET), bolsas de Polietileno (PE) a través de su degradación por los rayos UV. Otra clasificación puede deberse a su tamaño, en este caso se va de mayor a menor, los MP macro son >1 mm, mesoplásticos son de aproximadamente 1 mm, microplásticos están por <1 mm y por último los NMP que tienen un tamaño de <1 μm . Con respecto a su forma, pueden ser fragmentos de tipo irregular, fibroso, en forma de películas o bien de tipo esférico (3).

Los tipos poliméricos presentes en el ambiente son: el polietileno (PE) con aproximadamente un 35 % en producción global, este material es empleado en la elaboración de bolsas y envases, el polipropileno (PP) con una producción de aproximadamente el 20 %, y se emplea para la elaboración de tapas y contenedores de grado alimentario, el poliestireno (PS) con una producción que oscila entre un 5-10 %, y se emplea para la elaboración de empaques desechables y bien de tipo térmico, entre otros de puede mencionar al poliuretano (PUR), cloruro de polivinilo (PVC) y tereftalato de polietileno (PET). Es importante mencionar que cada polímero puede llegar a liberar diversos aditivos tóxicos específicos, estos pueden ser los ftalatos, bisfenoles y los retardantes bromados (4). En México, PE y PP dominan residuos sólidos urbanos (70 %), exacerbando la fragmentación en MP.

Desafortunadamente, la omnipresencia de los MP/NMP se encuentra evidenciada en todos los compartimentos ambientales, como lo son el agua y el suelo. Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), se cuenta con evidencia de su presencia en los productos pesqueros y acuícolas que consumimos. Se ha encontrado que más de 220 especies diferentes ingieren desechos micro-

plásticos en condiciones naturales: Mejillones, ostras, almejas, camarón pardo, cigala, anchoas, sardinas, arenques del Atlántico, estornino del Atlántico, macarelas, bacaladillas, bacalao atlántico, carpa común y la corvinata amarilla, entre otros (5).

La relevancia pública de la presencia de MP/NMP radica en su carga tóxica de tipo acumulativa, tal como lo es el estrés oxidativo, la estimulación a procesos inflamatorios, la disbiosis o bien directamente la genotoxicidad. Para nuestra población, donde las enfermedades como la obesidad y la diabetes prevalecen, se puede desencadenar y agravar el proceso de neuroinflamación vía eje intestino-cerebro, aterosclerosis o bien la disrupción endocrina (6). Por lo anterior, en este capítulo se examinan los mecanismos bioquímicos de toxicidad de los MP/NMP, contextualizados en la exposición cotidiana de la población mexicana.

2. Mecanismos bioquímicos

La absorción y la bioacumulación de MP/NMP constituyen etapas críticas en su ciclo toxicológico, determinando la dosis efectiva en tejidos humanos y amplificando riesgos crónicos en poblaciones expuestas como la mexicana. Estos procesos explican la transición de contaminantes ambientales a efectos sistémicos, con implicaciones bioquímicas únicas en contextos de alta carga plástica urbana.

La internalización de las partículas de MP/NMP ocurre a través de los mecanismos de endocitosis no fagocítica en células epiteliales, además de fagocitosis en macrófagos alveolares y Kupffer hepáticos. Partículas <5 µm pueden aprovechar la difusión pasiva por gradiente lipofílico, cruzando membranas plasmáticas sin energía metabólica; en fase gástrica, la fragmentación enzimática reduce los MP a NMP, incrementando la superficie reactiva.

En el intestino humano, los MP/NMP penetran las células epiteliales, rompiendo la barrera protectora que separa el lumen digestivo de la circulación sanguínea. Esta permeabilidad aumentada permite que las toxinas bacterianas pasen al torrente sanguíneo, generando una respuesta inmune generalizada. Los MP/NMP pueden provocar la liberación de mensajeros inflamatorios locales, como lo son la interleucina ocho, que atraen células inmunes y agravan la inflamación de la mucosa intestinal.

Sujetos con enfermedad inflamatoria intestinal pueden llegar a presentar concentraciones elevadas de MP/NMP en tejidos afectados, correlacionándose con brotes más frecuentes y severos. Estas partículas pueden llegar a alterar la composición de la microbiota intestinal humana, con lo cual se reducen las bacterias beneficiosas que producen ácidos grasos de cadena corta esenciales para la salud epitelial (7).

Por otro lado, el hígado puede acumular MP/NMP provenientes de la vena porta, donde las células de Kupffer, especializadas en filtrar desechos, intentan fagocitar las partículas, pero terminan sobrecargadas. Esta acumulación genera una inflamación celular conocida como esteatosis. Los MP/NMP liberan aditivos químicos que inhiben enzimas hepáticas responsables de desintoxicar sustancias nocivas, llevando a una acumulación de lípidos tóxicos en hepatocitos (8).

En el cerebro humano, los MP/NMP cruzan la barrera hematoencefálica y son fagocitados por células microgliales, las guardianas inmunes del sistema nervioso. Esta interacción despierta un estado hiperreactivo en estas células, liberando citoquinas que dañan neuronas cercanas y forman placas amiloides similares a las vistas en Alzheimer. Los MP/NMP también interrumpen la sinapsis neuronal al alterar proteínas de unión postsináptica, reduciendo la plasticidad cerebral medida por resonancia magnética funcional en cohortes expuestas (9).

Los pulmones humanos inhalan MP/NMP presentes en el aire contaminado, depositándose en alvéolos donde irritan el surfactante pulmonar y activan macrófagos alveolares. Estas partículas inducen la liberación de factor de crecimiento transformante beta, que estimula la deposición de colágeno en el parénquima pulmonar, reduciendo la capacidad vital forzada en espirometrías de pacientes crónicos.

En el sistema cardiovascular humano, los MP/NMP circulan en plasma adheridos a plaquetas, promoviendo agregación trombótica observada en muestras de sangre periférica. Riñones humanos filtran partículas menores vía glomérulos, pero las reabsorben en túbulos proximales, causando atrofia tubular crónica confirmada por biopsias en pacientes con insuficiencia renal progresiva. A nivel sistémico, MP/NMP en humanos elevan proteína C reactiva y fibrinógeno en plasma, marcadores de inflamación vascular crónica vinculados a eventos trombóticos (10).

3. Implicaciones para salud pública mexicana

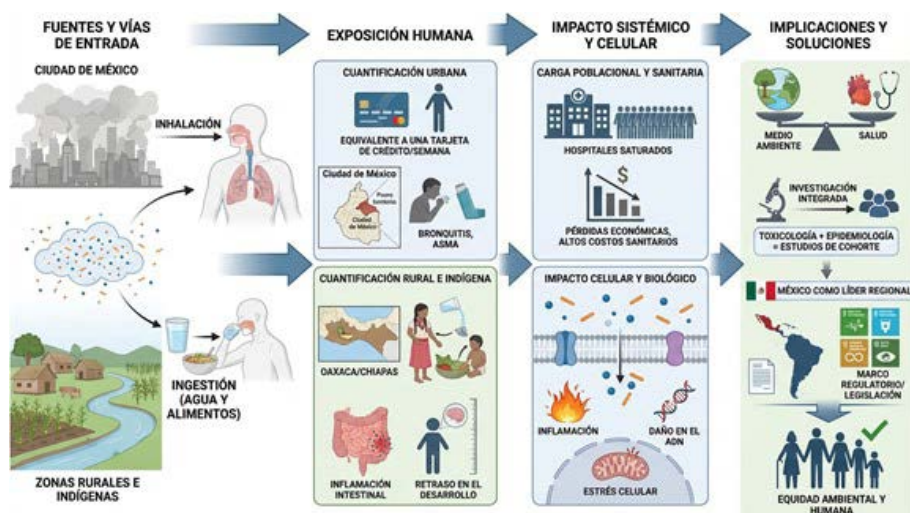
En ciudades altamente pobladas como lo son Ciudad de México, Guadalajara y Monterrey, los habitantes inhalan diariamente partículas plásticas suspendidas en el aire contaminado, provenientes de tráfico vehicular, construcciones y quema de basura. Familias enteras en zonas marginales como Iztapalapa o Nezahualcóyotl conviven con polvo cargado de fragmentos plásticos que penetran pulmones y torrente sanguíneo, incrementando casos de bronquitis crónica y problemas respiratorios en niños. Hospitales públicos registran un alza en visitas por asma aguda durante temporadas secas, cuando el polvo urbano arrastra más contaminantes plásticos hacia hogares hacinados. Esta exposición constante erosiona la calidad de vida, forzando a trabajadores informales a laborar en entornos saturados sin protecciones adecuadas (11).

Poblaciones indígenas en Oaxaca, Chiapas y Guerrero dependen de ríos y manantiales superficiales para beber y cocinar, donde fragmentos plásticos flotan invisibles tras vertidos agrícolas e industriales. Mujeres mixtecas y zapotecas recolectan quelites y hierbas silvestres contaminados, incorporando partículas a dietas tradicionales que ahora promueven inflamaciones intestinales crónicas. Niños en escuelas rurales beben agua de pozos afectados por lixiviados de basureros a cielo abierto, desarrollando retrasos en el crecimiento vinculados a absorción deficiente de nutrientes. En la costa de Veracruz y Quintana Roo, pescadores consumen mariscos con altas cargas plásticas, transmitiendo toxinas a generaciones futuras a través de la leche materna. Estas comunidades, con acceso limitado a clínicas especializadas, sufren en silencio enfermedades hepáticas y renales que médicos locales atribuyen a “mala suerte”, ignorando el rol de contaminantes persistentes en sus entornos (12).

México lidera rankings mundiales de obesidad y diabetes; desafortunadamente, los MP/NMP emergen como factor agravante al alterar metabolismos hormonales en glándulas endocrinas. Estas tendencias se entrelazan con cánceres gastrointestinales en aumento, donde biopsias muestran inflamaciones persistentes que evolucionan hacia tumores malignos en colon y estómago. El sistema público mexicano destina recursos millonarios a tratamientos de enfermedades no transmisibles

que podrían mitigarse reduciendo exposición plástica, mientras gobiernos estatales invierten en campañas contra obesidad sin abordar fuentes plásticas en agua embotellada y mercados (Figura 1). Estudios locales estiman pérdidas anuales equivalentes a miles de millones de pesos en productividad laboral perdida por ausentismo relacionado con fatiga crónica y hospitalizaciones. Pequeños productores agrícolas en Sinaloa enfrentan infertilidad en hatos ganaderos contaminados, impactando cadenas alimentarias y precios de alimentos básicos (13).

Figura 1. Mecanismos bioquímicos de la toxicidad por microplásticos en la salud pública mexicana.



Aunque México cuenta con normas para manejo de residuos sólidos, carecen de límites específicos para microplásticos en agua potable o aire urbano, dejando vertederos como el de Oaxaca descontrolados que filtran toxinas a napas freáticas. Autoridades federales promueven reciclaje, pero programas llegan fragmentados a colonias pobres, donde basura plástica se acumula en calles y drena a océanos vía ríos. Iniciativas como la Nueva Cultura del Agua ignoran partículas invisibles en presas como Infiernillo, contaminando acuíferos que abastecen a 20 millones de personas. Municipios costeros luchan contra playas plásticas que afectan el turismo, principal ingreso en Cancún y Puerto Vallarta, sin estrategias integrales para filtrar partículas en redes de pesca artesanal (14).

Mujeres en mercados populares de Michoacán manipulan frutas y verduras envueltas en plásticos degradados, inhalando vapores tóxicos durante largas jornadas que elevan riesgos reproductivos como abortos espontáneos. Jóvenes en colonias de riesgo en Juárez experimentan pubertad precoz por disruptores hormonales en refrescos y snacks plásticos, desviando trayectorias educativas. Ancianos en asilos de León padecen demencia acelerada por partículas cerebrales acumuladas de décadas, sobrecargando cuidadores familiares sin pensiones suficientes. Estas disparidades golpean más fuerte a estratos bajos, donde el acceso a agua purificada o alimentos orgánicos es lujo inalcanzable (15).

4. Conclusiones

A manera de conclusion podemos decir que, los microplásticos y nanoplásticos representan una amenaza silenciosa pero global para la salud humana, con efectos que van más allá de la contaminación ambiental y llegan al núcleo de nuestras células. En México, estos contaminantes agravan problemas de salud pública ya críticos. En ciudades como Ciudad de México, la inhalación diaria equivale a ingerir una tarjeta de crédito por semana, aumentando casos de asma y bronquitis en barrios pobres. Comunidades indígenas en Oaxaca y Chiapas incorporan partículas a través de agua y alimentos tradicionales, lo que contribuye a inflamaciones intestinales y retrasos en el desarrollo infantil. Países en desarrollo como el nuestro absorben una carga desproporcionada, con costos sanitarios que saturan hospitales y generan pérdidas económicas millonarias en productividad.

Los microplásticos nos obligan a repensar la salud como un equilibrio entre ambiente y biología. Integrar toxicología con epidemiología permitirá cohortes longitudinales que predigan riesgos en poblaciones diversas. México puede liderar en Latinoamérica con marcos regulatorios alineados a objetivos globales de desarrollo sostenible, convirtiendo esta crisis en una oportunidad para equidad ambiental y humana. La acción inmediata no solo mitiga daños, sino que redefine nuestra relación con el planeta para generaciones futuras.

5. Referencias

1. Basumatary T, Biswas D, Boro S, Nava AR, Narayan M, Sarma H. Dynamics and impacts of microplastics (MPs) and nanoplastics (NPs) on ecosystems and biogeochemical processes: the need for robust regulatory frameworks. *ACS Omega*. 2025;10(17):17051-69. <https://doi.org/10.1021/acsomega.5c01175>
2. Kopatz V, Wen K, Kovács T, Keimowitz AS, Pichler V, Widder J, et al. Micro- and nanoplastics breach the blood-brain barrier (BBB): biomolecular corona's role revealed. *Nanomaterials*. 2023;13(8):1404. <https://doi.org/10.3390/nano13081404>
3. Belmaker I, Anca ED, Rubin LP, Magen-Molho H, Miodovnik A, van der Hal N. Adverse health effects of exposure to plastic, microplastics and their additives: environmental, legal and policy implications for Israel. *Isr J Health Policy Res*. 2024;13(1):44. <https://doi.org/10.1186/s13584-024-00628-6>
4. Vallejos S, Trigo-López M, Arnaiz A, Miguel Á, Muñoz A, Mendía A, et al. From classical to advanced use of polymers in food and beverage applications. *Polymers*. 2022;14(22):4954. <https://doi.org/10.3390/polym14224954>
5. Alberghini L, Truant A, Santonicola S, Colavita G, Giaccone V. Microplastics in fish and fishery products and risks for human health: a review. *Int J Environ Res Public Health*. 2022;20(1):789. <https://doi.org/10.3390/ijerph20010789>
6. Lin RH, Chen HT, Lee IT, Vo TT, Wang YL. Microplastics and nanoplastics in health concerning cellular toxicity mechanisms, exposure pathways, and global mitigation strategies. *Life*. 2025;15(9):1449. <https://doi.org/10.3390/life15091449>
7. Bora SS, Gogoi R, Sharma MR, Anshu, Borah MP, Deka P, et al. Microplastics and human health: unveiling the gut microbiome disruption and chronic disease risks. *Front Cell Infect Microbiol*. 2024;14:1492759. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1492759>
8. Haldar S, Yhome N, Muralidaran Y, Rajagopal S, Mishra P. Nanoplastics toxicity specific to liver in inducing metabolic dysfunction—a comprehensive review. *Genes*. 2023;14(3):590. <https://doi.org/10.3390/genes14030590>

- org/10.3390/genes14030590
9. Baroni A, Moulton C, Cristina M, Sansone L, Belli M, Tasciotti E. Nano- and microplastics in the brain: an emerging threat to neural health. *Nanomaterials*. 2025;15(17):1361. <https://doi.org/10.3390/nano15171361>
 10. Lee YH, Zheng CM, Wang YJ, Wang YL, Chiu HW. Effects of microplastics and nanoplastics on the kidney and cardiovascular system. *Nat Rev Nephrol*. 2025;21(9):585-96. <https://doi.org/10.1038/s41581-025-00971-0>
 11. Escamilla-Núñez MC, Barraza-Villarreal A, Hernandez-Cadena L, Moreno-Macias H, Ramirez-Aguilar M, Sienra-Monge JJ, et al. Traffic-related air pollution and respiratory symptoms among asthmatic children, resident in Mexico City: the EVA cohort study. *Respir Res*. 2008;9(1):74. <https://doi.org/10.1186/1465-9921-9-74>
 12. Hsiao HY, Nien CY, Shiu RF, Chin WC, Yen TH. Microplastic and nanoplastic exposure and risk of diabetes mellitus. *World J Clin Cases*. 2025;13(3):98110. <https://doi.org/10.12998/wjcc.v13.i3.98110>
 13. Aguilar-Aguilar A, de León-Martínez LD, Forgionny A, Acelas Soto NY, Mendoza SR, Zárate-Guzmán AI. A systematic review on the current situation of emerging pollutants in Mexico: a perspective on policies, regulation, detection, and elimination in water and wastewater. *Sci Total Environ*. 2023;905:167426. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.167426>

Capítulo 2

La herencia genómica y transición epidemiológica entre obesidad y diabetes en la población zapoteca

Magarito Martínez-Cruz¹

Donají Méndez-López¹

María de Jesús Ramírez-Altamirano¹

Eduardo Pérez-Campos¹

Laura Pérez-Campos Mayoral^{2*}

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004839>



¹ Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

* laupcm9@gmail.com.

² Centro de Investigación Facultad de Medicina UNAM-UABJO.* pcampos@itoaxaca.edu.mx.

En México, la convergencia de una predisposición genética ancestral con una transición epidemiológica ha transformado la población. En este escenario, la población zapoteca, que se autodenomina Bene Za'a o Binni zaa, que significa “Gente de las nubes”, del estado de Oaxaca, emerge como un grupo de estudio para evaluar las raíces biológicas y sociales de la obesidad y la diabetes mellitus tipo 2 (DT2). Durante milenios, los zapotecas desarrollaron adaptaciones biológicas que les permitieron prosperar en los diversos ecosistemas de los Valles Centrales, la Sierra y el Istmo. Sin embargo, en el lapso de apenas unas décadas, estas mismas adaptaciones parecen haberse vuelto en su contra, precipitando una crisis metabólica severa.

Con la transición epidemiológica —paso de enfermedades infecciosas y desnutrición a enfermedades crónicas— se produjo también un cambio nutricional que correspondió a los cambios de los siguientes factores:

- Dietas tradicionales → alimentos ultra procesados, altos en azúcares, sodio y grasas refinadas.
- Alta actividad física → sedentarismo.
- Escasez calórica → sobreoferta energética constante.
- Esta discordancia entre genética ancestral y entorno moderno ha transformado el perfil de salud poblacional, dando como resultado:
- ↑ Obesidad
- ↑ DT2
- ↑ Hipertensión y enfermedad cardiovascular

La obesidad en comunidades indígenas zapotecas del estado de Oaxaca se ha convertido en un problema de salud pública emergente durante las últimas tres décadas. Este incremento se relaciona con cambios acelerados en los patrones alimentarios, transformaciones socioeconómicas

y reducción de prácticas tradicionales de actividad física. Aunque históricamente predominaban la desnutrición y la inseguridad alimentaria, hoy se observa una doble carga de malnutrición: coexisten bajo peso y deficiencias nutricias con el aumento del sobrepeso y la obesidad.

En síntesis, los genes que antes favorecían la supervivencia hoy, en un ambiente hipercalórico y sedentario, incrementan el riesgo de enfermedades crónicas no transmisibles.

Nuestro objetivo en este capítulo es analizar la interacción entre la ancestría amerindia, los mecanismos de selección natural y el cambio secular en los estilos de vida que ha posicionado a los zapotecas en el epicentro de la epidemia de enfermedades no transmisibles. Nosotros revisamos los polimorfismos genéticos heredados de las poblaciones fundadoras de América.

1. El determinante genómico

Para comprender la crisis actual de salud en la población zapoteca, se requiere revisar la composición del genoma mexicano. La población de nuestro país es un mosaico genético resultado de siglos de mestizaje, donde el componente indígena americano o amerindio (AMR) constituye la base estructural de la herencia biológica. Investigaciones recientes a gran escala, como el Estudio Prospectivo de la Ciudad de México (MCPS), que analizó a 134 548 individuos, han demostrado que el porcentaje de ancestría amerindia no es solo una variable demográfica, sino un predictor biológico directo del riesgo de padecer DT2.

Los datos revelan que la ancestría amerindia promedio en la población urbana es de aproximadamente el 66.2 %, pero existe un gradiente geográfico ascendente muy marcado de norte a sur. En estados como Oaxaca, el componente amerindio es significativamente superior a la media nacional, lo que sitúa a las comunidades zapotecas en una zona de riesgo genómico particular. El estudio de Berumen et al. (1) determinó que por cada aumento absoluto del 20 % en la ancestría amerindia, las probabilidades de desarrollar DT2 se incrementan de manera sustancial, con una razón de momios (OR) de 1.45, incluso tras ajustar por edad y sexo.

2. Variantes de riesgo específicas en la población indígena

La asociación entre la ancestría y la diabetes no es solamente estadística; responde a la presencia de variantes genéticas que son frecuentes en poblaciones nativas americanas y extremadamente raras en otros grupos continentales. Entre estas, destaca el locus SLC16A11, identificado como un factor de riesgo crítico para la diabetes en México. Este gen está involucrado en el transporte de metabolitos y su variante de riesgo se asocia con niveles alterados de lípidos hepáticos y resistencia a la insulina.

Además del SLC16A11, se han documentado polimorfismos en genes como INS-IGF2 y HNF1A que contribuyen a la arquitectura genética de la DT2 en los mexicanos. En las poblaciones que conservan un 100 % de ancestría amerindia, como muchas comunidades rurales zapotecas, el riesgo relativo de padecer diabetes se dispara a una razón de momios de 4.23 en comparación con individuos de ancestría europea que viven en condiciones similares. Esta vulnerabilidad intrínseca sugiere que la mayor parte de la población de Oaxaca posee una susceptibilidad genética a la diabetes que es independiente de su índice de masa corporal (IMC), aunque este último actúa como el detonante final de la enfermedad.

3. Transición antropométrica y cambio secular en Oaxaca (1968-2000)

La población zapoteca ha experimentado uno de los cambios seculares más rápidos documentados en la literatura antropológica. A través de estudios longitudinales que abarcan más de tres décadas, investigadores como Malina et al. (2) han registrado cómo una comunidad que antes luchaba contra la desnutrición y el retraso en el crecimiento se ha transformado en una sociedad con niveles críticos de sobrepeso y obesidad.

A finales de la década de 1960, la obesidad era una condición virtualmente desconocida en los niños y adolescentes zapotecas. El perfil dominante era el de un crecimiento lineal lento, a menudo clasificado como *stunting* o talla baja para la edad, producto de una dieta marginal en proteínas y una alta carga de enfermedades infecciosas. Sin embargo, al llegar el año 2000, los datos antropométricos revelaron una realidad distinta.

El cambio más dramático se ha observado en la población adulta. Mientras que en 1978 solo el 7 % de los hombres zapotecas tenían sobrepeso y menos del 1 % eran obesos, para el inicio del nuevo siglo estas cifras aumentaron a un 46 % y 5 % respectivamente. En las mujeres, el incremento fue igualmente alarmante, con una prevalencia de sobrepeso que pasó del 19 % al 47 % y una obesidad que se triplicó hasta alcanzar el 14 % (Tabla 1).

Este fenómeno se explica por el cambio de una economía de subsistencia, basada en el trabajo agrícola manual intenso, hacia un modelo de vida más sedentario y urbanizado. En 1978, el 90 % de los jefes de familia eran agricultores; para el año 2000, esta cifra descendió al 30 %, debido a la migración hacia la ciudad de Oaxaca y la mecanización de las labores del campo. La reducción del gasto energético diario, combinada con la misma eficiencia metabólica ancestral diseñada para conservar calorías, ha resultado en una acumulación de grasa corporal sin precedentes.

Tabla 1. *Transición de sobrepeso en Oaxaca, México. Adaptado de Malina et al. (2).*

Sexo / Categoría	Prevalencia 1971/1978 (%)	Prevalencia 2000 (%)	Diferencia Absoluta (%)
Hombres Sobrepeso	7.0	46.0	+39.0
Mujeres Sobrepeso	19.1	46.7	+27.6
Hombres Obesidad	<1.0	5.0	>+4.0
Mujeres Obesidad	4.1	13.7	+9.6

4. Epidemiología de la diabetes en zapotecas y mixes: Un estudio comparativo

La diversidad étnica de Oaxaca ofrece una oportunidad única para comparar cómo el riesgo metabólico se manifiesta en diferentes grupos indígenas. Aunque comparten un origen común, los zapotecas y los mixes presentan perfiles de salud diferenciados que reflejan tanto su historia genómica como su nivel de integración a la vida moderna.

En investigaciones transversales realizadas en el Valle de Oaxaca, se ha observado que la prevalencia de diabetes es significativamente más alta entre los zapotecas (8.71 %) en comparación con sus vecinos

mixes (6.90 %). Esta diferencia es particularmente notable dado que ambos grupos poseen una ascendencia amerindia dominante. Los estudios sugieren que la ubicación de las comunidades zapotecas en los Valles Centrales, más cercanas a los centros urbanos y a las rutas comerciales, ha facilitado un proceso de aculturación dietética más agresivo que en las zonas montañosas donde habitan los mixes.

Por otra parte, un estudio transversal determinó la prevalencia de DT2 y anomalías metabólicas en poblaciones zapotecas y mixes de Oaxaca, México. Los resultados revelaron una prevalencia ajustada del 8.27 %, la más alta reportada hasta la fecha en indígenas mexicanos, siendo significativamente superior en la etnia zapoteca (8.71 %). Los principales factores de riesgo identificados incluyeron antecedentes familiares, obesidad, hipertensión y una relación cintura-cadera de alto riesgo. Estos hallazgos subrayan la vulnerabilidad de estas comunidades y el desafío crítico que representan para el sistema de salud pública en la contención de esta epidemia.

5. La crisis del diagnóstico y el control glucémico

En la población zapoteca, es el elevado porcentaje de individuos que padecen diabetes sin saberlo. Se estima que más del 60 % de los adultos mayores de 40 años que resultaron diabéticos en tamizajes comunitarios no contaban con un diagnóstico previo. De aquellos que ya tenían conocimiento de su enfermedad, solo una fracción mínima mantenía niveles de glucosa en ayunas por debajo de los 100 mg/dl.

Este panorama de diagnóstico tardío y pobre control metabólico no solo se debe a la falta de infraestructura de salud en las zonas rurales, sino también a una percepción cultural de la enfermedad que a menudo ignora los síntomas iniciales hasta que aparecen complicaciones graves. Los factores de riesgo más estrechamente vinculados a la diabetes en estas comunidades incluyen la historia familiar (OR 4.1), la hipertensión arterial (OR 2.6) y, de manera crucial, la adiposidad central medida por el índice cintura-cadera, que presenta una asociación más fuerte que el IMC general (OR 4.6).

6. Selección natural y mortalidad: Una perspectiva evolutiva de la diabetes

La prevalencia actual de la diabetes en los zapotecas no es solo un fenómeno de salud pública, sino un evento de relevancia evolutiva. La teoría del “genotipo ahorrador” postula que la selección natural favoreció, durante milenios, a aquellos individuos capaces de almacenar grasa eficientemente para sobrevivir a periodos de escasez. No obstante, el análisis de la mortalidad histórica en comunidades aisladas de Oaxaca ofrece una visión más matizada y compleja de este proceso.

Utilizando el índice de Crow para medir la intensidad de la selección natural, investigadores han identificado que la selección máxima en la población zapoteca ocurrió alrededor del año 1930. En esa época, la alta mortalidad infantil y prereproductiva actuaba como un filtro genético severo. A partir de 1950, con el inicio del cambio demográfico, esta presión selectiva se relajó drásticamente. El aumento de la población y la reducción de la mortalidad por enfermedades infecciosas permitieron que los genes de susceptibilidad metabólica, antes protegidos por la escasez, se manifestaran masivamente en un entorno de abundancia calórica.

7. Selección direccional contra la diabetes en el siglo XXI

Un hallazgo fascinante y paradójico de la antropología física contemporánea es que la DT2 está comenzando a actuar como una fuerza de selección negativa en los zapotecas. A diferencia de lo que ocurría en el pasado, hoy se observa que las personas que padecen la enfermedad tienen un menor éxito reproductivo. Los datos indican que los individuos que fallecen por causas relacionadas con la diabetes tienen, en promedio, significativamente menos hijos (4.04 hijos vivos) en comparación con aquellos que no la padecen (5.30 hijos vivos).

Esta reducción en la fertilidad, sumada al inicio cada vez más temprano de la enfermedad —un 28 % de los casos se diagnostica antes de los 40 años—, sugiere que la diabetes está ejerciendo una selección direccional contra los genotipos que antes eran ventajosos. Estamos siendo testigos

de un experimento natural en tiempo real, donde una enfermedad metabólica está alterando la estructura genética de una población milenaria.

Tabla 2. Selección direccional contra la DT2. Adaptado de Little et al. (3).

Periodo histórico	Fuerza de selección dominante	Patrón de mortalidad predominante	Impacto en genoma metabólico
Pre-1930	Selección natural máxima (Crow)	Infecciones y desnutrición	Conservación de genes ahorradores
1950-1980	Relajación de la selección	Transición epidemiológica	Expresión latente de susceptibilidad
2000-2026	Selección direccional negativa	Diabetes y complicaciones	Reducción de la aptitud biológica

8. Agregación plaquetaria y resistencia a la insulina

Más allá de los grandes datos epidemiológicos, la ciencia médica moderna en Oaxaca ha profundizado en los mecanismos moleculares que explican por qué la diabetes es tan agresiva en la población con ancestría amerindia.

Uno de los hallazgos más consistentes ha sido la asociación entre resistencia a la insulina y un estado protrombótico caracterizado por mayor agregación plaquetaria y disfunción endotelial. En individuos con hiperglucemia crónica, la activación persistente de vías inflamatorias y el incremento del estrés oxidativo favorecen cambios en la membrana plaquetaria, aumentando su reactividad y adhesividad. Este fenómeno se acompaña de alteraciones en la biodisponibilidad de óxido nítrico y de un desequilibrio entre factores procoagulantes y anticoagulantes, lo que incrementa el riesgo de eventos vasculares. En poblaciones con ancestría amerindia, diversos estudios han documentado una mayor prevalencia de marcadores de resistencia a la insulina desde etapas tempranas de la vida adulta, incluso antes del diagnóstico formal de diabetes. La coexistencia de obesidad central, dislipidemia y glucotoxicidad amplifica este proceso, generando un entorno metabólico que acelera el daño microvascular y macrovascular. Así, la interacción entre metabolismo alterado y hemostasia constituye un eje clave para comprender la elevada carga de complicaciones cardiovasculares y renales observada en el sur de México.

9. El vínculo entre diabetes, infección y daño renal

Para el 2026, diversos estudios indican que en diferentes poblaciones de Oaxaca el sobrepeso puede oscilar entre el 55 % y el 65 %, y la obesidad entre el 20 % y el 28 %. Investigaciones en municipios zapotecas como Teotitlán del Valle, San Pablo Mitla, Santa Ana del Valle y comunidades del Istmo han documentado un notable aumento de obesidad abdominal, relacionado con un mayor riesgo de DT2 e hipertensión.

El vínculo entre diabetes, infección y daño renal se explica por la interacción entre hiperglucemia crónica, alteraciones inmunológicas y vulnerabilidad estructural del riñón. La glucosa elevada deteriora la función de neutrófilos y macrófagos, reduce la respuesta inflamatoria efectiva y favorece infecciones recurrentes, en particular urinarias. Estos episodios infecciosos, cuando son persistentes o mal tratados, pueden acelerar el deterioro del tejido renal previamente afectado por la microangiopatía diabética. En el glomérulo, la hiperglucemia induce expansión mesangial, engrosamiento de la membrana basal y aumento de la presión intraglomerular, cambios que se potencian ante procesos inflamatorios sistémicos. La combinación de resistencia a la insulina, estrés oxidativo y activación del sistema renina-angiotensina contribuye a fibrosis progresiva y pérdida de función renal. En contextos de acceso limitado a diagnóstico temprano y seguimiento continuo, estas alteraciones evolucionan silenciosamente hasta manifestarse como enfermedad renal crónica establecida.

10. La invasión de la dieta occidental: Refrescos y pérdida de soberanía alimentaria

La transición alimentaria es uno de los factores centrales. La dieta tradicional zapoteca, basada en maíz nativo, frijoles, quelites, calabaza y alimentos locales, ha sido desplazada por productos industrializados como refrescos azucarados, panes procesados, botanas, tortillas industrializadas y carnes procesadas. Estudios antropológicos (4) han documentado cómo la pérdida de prácticas agrícolas tradicionales y la dependencia creciente de alimentos comerciales han modificado la estructura alimentaria zapoteca.

La disminución de actividades físicas tradicionales, asociada a cambios laborales, migración, escolarización y urbanización rural, ha reducido el gasto energético cotidiano. De igual forma, determinantes socioeconómicos como bajos ingresos, acceso limitado a servicios de salud y mayor disponibilidad de alimentos ultraprocesados económicos contribuyen al aumento del riesgo metabólico en estas poblaciones (5).

La transformación del paisaje alimentario en Oaxaca es, quizás, el factor ambiental más determinante de la crisis metabólica actual. A pesar de contar con una de las biodiversidades agrícolas más ricas del mundo, las comunidades zapotecas han sido vulneradas por la penetración masiva de alimentos ultraprocesados.

Estudios de consumo en hogares zapotecas rurales han documentado que en el año 2000, más del 36 % de los hogares rurales reportaron el consumo de refrescos durante la comida principal, y este hábito se ha extendido incluso al desayuno en el 14 % de las familias.

Esta transición no es casual, sino el resultado de décadas de estrategias de mercado agresivas que han aprovechado la falta de acceso a agua potable y la deficiente regulación en zonas indígenas. Organizaciones civiles en Oaxaca han alertado que la alta tasa de mortalidad por diabetes en la Sierra Norte y los Valles Centrales está directamente vinculada a este cambio en el patrón alimentario, lo que ha llevado a campañas recientes como “Oaxaca sin chatarra” y el impulso de leyes estatales para prohibir la venta de estos productos a menores.

11. Conclusiones y perspectivas futuras

La obesidad y la diabetes en la población zapoteca representan un fenómeno de extraordinaria complejidad donde convergen la genética, la historia evolutiva y la globalización cultural. La evidencia científica acumulada permite concluir que la ancestría amerindia confiere una predisposición biológica intrínseca a la resistencia a la insulina, potenciada por alelos específicos como el SLC16A11, que son prevalentes en el sureste de México. El paso de la agricultura de subsistencia al sedentarismo urbano ha provocado un incremento masivo en el IMC, con una prevalencia de sobrepeso que supera el 45 % en adultos zapotecas. El elevado porcentaje

de casos no diagnosticados y el pobre control glucémico indican que el modelo actual de atención del sistema de salud es insuficiente para una población con tal carga genómica de riesgo. La diabetes ha dejado de ser una enfermedad de la vejez para convertirse en una fuerza que reduce la aptitud biológica y el éxito reproductivo en las comunidades indígenas.

Para revertir esta tendencia, es indispensable un cambio de paradigma hacia la medicina de precisión con pertinencia cultural. No basta con recomendaciones dietéticas genéricas; es necesario rescatar la soberanía alimentaria de las comunidades, proteger la dieta tradicional mesoamericana y entender que, para un individuo con ancestría amerindia, el entorno es biológicamente hostil. La educación nutricional y la regulación estricta de productos ultraprocesados no solo deben ser políticas de salud, sino estrategias de supervivencia étnica para el pueblo zapoteca en el siglo XXI.

12. Referencias

1. Berumen J, Kuri-Morales P, Torres JM, Barrera E, Baca P, Rivas F, et al. El efecto del ancestro genómico indígena americano sobre la diabetes tipo 2 en México: un análisis de 134 548 individuos del Estudio Prospectivo de la Ciudad de México. *Lancet Public Health*. 2026;11(2):e111-9. [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(25\)00305-6](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(25)00305-6)
2. Malina RM, Reyes ME, Tan SK, Buschang PH, Little BB. Overweight and obesity in a rural Amerindian population in Oaxaca, Southern Mexico, 1968–2000. *Am J Hum Biol*. 2007;19(5):711-21. <https://doi.org/10.1002/ajhb.20622>
3. Little BB, Peña Reyes ME, Malina RM. Natural selection and type 2 diabetes-associated mortality in an isolated indigenous community in the valley of Oaxaca, southern Mexico. *Am J Phys Anthropol*. 2017;162(3):561-72. <https://doi.org/10.1002/ajpa.23139>
4. Boege E. El patrimonio biocultural de los pueblos indígenas de México: hacia la conservación in situ de la biodiversidad y agrobiodiversidad en los territorios indígenas. Ciudad de México: Instituto Nacional de Antropología e Historia; 2008.
5. Consejo Nacional de Evaluación de la Política de Desarrollo Social (CONEVAL). Estudio de pobreza y evaluación rural en México. Ciudad de México: CONEVAL; 2022.

Capítulo 3

Modelado *in silico* y bioquímica computacional: Aportes al diagnóstico de enfermedades

Miriam Avendaño-Villegas¹

Carlos Romero-Díaz¹

Alexis Martínez-Barras¹

Idarh Matadamas-Ortíz²

Margarito Martínez-Cruz¹

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004846>



¹ Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca/División de Estudios de Posgrado e Investigación. México.

² Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca/Departamento de Sistemas y computación. México.

Resumen

El modelado *in silico* y la bioquímica computacional se han consolidado como herramientas fundamentales para el estudio de biomoléculas y el análisis de enfermedades desde una perspectiva molecular. Estas aproximaciones permiten simular interacciones entre proteínas, ácidos nucleicos y compuestos químicos mediante métodos computacionales, facilitando la predicción de procesos biológicos sin necesidad de realizar experimentos invasivos o costosos en las etapas iniciales de la investigación. En los últimos años, el acceso a bases de datos moleculares, el desarrollo de algoritmos de predicción estructural y el aumento de la capacidad de cómputo han favorecido la aplicación de estas herramientas en el campo biomédico.

En este capítulo se presentan ejemplos recientes del uso de herramientas de bioquímica computacional desarrolladas por investigadores mexicanos, particularmente en el análisis de enfermedades endémicas del sur-sureste de México, como el dengue y otras arbovirosis. Se describen aplicaciones que incluyen minería de datos clínicos para diferenciar entre dengue con signos de alerta y dengue grave, así como modelos computacionales para la clasificación de enfermedades arbovirales mediante conjuntos de datos sintéticos derivados de la literatura científica.

Asimismo, se abordan otras aplicaciones del modelado molecular en el estudio de enfermedades hereditarias, metabólicas y neurodegenerativas, destacando cómo técnicas como el acoplamiento molecular, la dinámica molecular y el modelado estructural permiten analizar el impacto funcional de mutaciones genéticas, estudiar la interacción entre biomoléculas y evaluar posibles herramientas diagnósticas a nivel molecular.

Finalmente, se discute el papel de estas herramientas como apoyo al diagnóstico médico y a la investigación biomédica, enfatizando su relevancia en regiones con recursos limitados donde el acceso a pruebas diagnósticas especializadas puede ser restringido. En este contexto, la bioquímica computacional representa una alternativa prometedora para

fortalecer el estudio de enfermedades desde un enfoque molecular y contribuir al desarrollo de estrategias de diagnóstico temprano.

1. Introducción

El modelado *in silico* y la bioquímica computacional han transformado la manera en que se estudian las biomoléculas y los procesos biológicos asociados a la salud y la enfermedad. Tradicionalmente, el análisis bioquímico dependía principalmente de experimentos *in vitro* o *in vivo*, los cuales requieren reactivos, infraestructura especializada y largos periodos de experimentación. Sin embargo, el desarrollo de herramientas computacionales ha permitido complementar estos enfoques mediante simulaciones que reproducen el comportamiento molecular en entornos virtuales.

El término *in silico* hace referencia a experimentos realizados mediante sistemas computacionales, cuyo nombre deriva del silicio, elemento utilizado en la fabricación de microprocesadores. En este contexto, el modelado *in silico* permite simular interacciones entre biomoléculas, como proteínas, ácidos nucleicos y fármacos, utilizando información estructural disponible en bases de datos especializadas.

En términos generales, estas herramientas permiten analizar grandes volúmenes de información molecular, genética o clínica mediante métodos computacionales, facilitando el estudio de mecanismos bioquímicos complejos y la identificación de patrones asociados con distintos procesos biológicos. Estas aproximaciones pueden contribuir a la generación de hipótesis, la predicción de interacciones moleculares y el análisis de datos relacionados con enfermedades, complementando los estudios experimentales y clínicos.

En México, el uso de herramientas computacionales aplicadas a la bioquímica y la biomedicina ha experimentado un crecimiento considerable en la última década, impulsado por la disponibilidad de datos genómicos y por el desarrollo de infraestructura computacional en centros de investigación y universidades.

En particular, estas herramientas han sido aplicadas al estudio de enfermedades infecciosas y metabólicas relevantes para la salud pública en distintas regiones del país. En el contexto del sur-sureste de México,

donde enfermedades como el dengue, zika y chikungunya representan un desafío constante para los sistemas de salud, el uso de modelos computacionales ha permitido desarrollar herramientas que facilitan la interpretación de datos clínicos y moleculares asociados a estas patologías (1, 2, 3).

De esta manera, la bioquímica computacional no solo contribuye al estudio básico de las biomoléculas, sino que también permite integrar información genética, estructural y clínica para comprender mejor los mecanismos moleculares de diversas patologías y apoyar el desarrollo de herramientas diagnósticas.

El proceso general mediante el cual las herramientas computacionales permiten analizar biomoléculas y apoyar el diagnóstico de enfermedades se resume en la Figura 1.

2. Herramientas computacionales y análisis de datos en el estudio de enfermedades

2.1 Bases de datos biomoleculares y recursos computacionales

El desarrollo del modelado *in silico* ha sido posible gracias a la disponibilidad de bases de datos que almacenan información estructural, genética y funcional de biomoléculas. Estas bases de datos constituyen el punto de partida para numerosos análisis computacionales, ya que permiten obtener las secuencias o estructuras tridimensionales necesarias para realizar estudios de acoplamiento molecular, dinámica molecular o predicción estructural.

Entre las bases de datos más utilizadas se encuentran Protein Data Bank (PDB), UniProt, BRENDA, PubChem y los recursos del National Center for Biotechnology Information (NCBI). Estas plataformas proporcionan información sobre secuencias primarias, estructuras tridimensionales, funciones enzimáticas, interacciones moleculares y características fisicoquímicas de diversas biomoléculas (4, 5).

Por ejemplo, el Protein Data Bank almacena estructuras tridimensionales determinadas experimentalmente mediante cristalografía de rayos

X, resonancia magnética nuclear o microscopía electrónica (5). Por su parte, UniProt integra información detallada sobre proteínas, incluyendo su función biológica, dominios estructurales, variantes asociadas con enfermedades y localización subcelular.

Las bases de datos biomoleculares constituyen el punto de partida para la mayoría de los análisis computacionales, ya que proporcionan información estructural, funcional y genética necesaria para el modelado molecular. En la Tabla 1 se presentan algunas de las bases de datos más utilizadas en estudios de bioquímica computacional.

2.2 Herramientas de modelado molecular

Dentro del modelado *in silico* existen diversas herramientas que permiten estudiar el comportamiento de biomoléculas desde diferentes perspectivas. Entre las más utilizadas se encuentran el acoplamiento molecular, la dinámica molecular y los programas de visualización estructural.

Acoplamiento molecular (Molecular Docking)

El acoplamiento molecular es una técnica computacional utilizada para predecir la interacción entre dos moléculas, generalmente una proteína y un ligando. El objetivo principal es estimar la afinidad de unión y la orientación espacial del ligando dentro del sitio activo de la proteína.

Programas como AutoDock, AutoDock Vina y HEX (Tabla 2) permiten realizar estos cálculos mediante algoritmos que exploran múltiples configuraciones posibles entre las moléculas. Estos programas estiman la energía de interacción entre el ligando y el receptor, permitiendo identificar configuraciones potencialmente favorables desde el punto de vista termodinámico (6, 7).

Por ejemplo, AutoDock Vina es un software ampliamente utilizado debido a su precisión submicromolar y su capacidad para evaluar múltiples conformaciones del ligando dentro del sitio activo de una proteína. Este tipo de herramientas ha sido utilizado para estudiar proteínas implicadas en diversas enfermedades, incluyendo receptores asociados con procesos de proliferación celular y desarrollo de cáncer.

Dinámica molecular

La dinámica molecular permite simular el movimiento de átomos y moléculas a lo largo del tiempo mediante ecuaciones físicas que describen las fuerzas que actúan entre ellos.

Programas como GROMACS o AMBER permiten estudiar la estabilidad de complejos moleculares, como interacciones proteína-ligando, anticuerpo-antígeno o lectina-carbohidrato. Estas simulaciones se realizan generalmente en escalas de tiempo del orden de nanosegundos a microsegundos (8, 9).

Mediante estos análisis es posible evaluar parámetros como estabilidad estructural, cambios conformacionales y fluctuaciones atómicas, lo que permite comprender mejor el comportamiento dinámico de las biomoléculas (6).

Programas de visualización molecular

Permiten representar gráficamente estructuras biomoleculares y analizar sus características estructurales.

Entre los más utilizados se encuentran UCSF Chimera, PyMOL, VMD y Avogadro, los cuales permiten visualizar proteínas, ácidos nucleicos y complejos moleculares utilizando distintos formatos de representación, como cintas (ribbons), superficies moleculares o modelos de bolas y varillas.

Estas herramientas facilitan la interpretación de resultados obtenidos mediante simulaciones computacionales y permiten analizar interacciones moleculares, distancias entre átomos, enlaces de hidrógeno y cambios estructurales en biomoléculas.

2.3 Aplicaciones del análisis computacional de datos clínicos en enfermedades infecciosas

Los modelos computacionales también han sido utilizados para analizar enfermedades infecciosas relevantes para la salud pública en el contexto regional del sur-sureste de México. En este sentido, el análisis computacional de grandes conjuntos de datos clínicos permite identificar patrones asociados con la progresión de la enfermedad y apoyar la toma de decisiones médicas.

Un ejemplo de ello corresponde al estudio realizado en el Hospital “Aurelio Valdivieso” en Oaxaca, donde se emplearon técnicas de minería de datos (data mining) y aprendizaje automático (machine learning) para diferenciar entre dengue con signos de alerta y dengue grave (1).

En este estudio se analizaron datos clínicos de 1341 pacientes, utilizando algoritmos de clasificación para identificar patrones asociados con la progresión de la enfermedad. Los resultados mostraron precisiones de hasta 82.9 % en la clasificación entre dengue con signos de alerta y dengue grave, destacando como predictores principales la hematemesis, la ascitis y el edema (1).

De manera complementaria, otros estudios han desarrollado modelos computacionales para la clasificación de enfermedades arbovirales que presentan síntomas clínicos similares. Estas enfermedades, como dengue, zika y chikungunya, son transmitidas por mosquitos del género *Aedes* y frecuentemente presentan manifestaciones clínicas iniciales indistinguibles, lo que dificulta su diagnóstico en las primeras etapas de la infección.

En un estudio reciente se desarrolló un marco computacional para la clasificación de enfermedades arbovirales utilizando conjuntos de datos sintéticos derivados de información epidemiológica reportada en la literatura científica (2). Para ello se generó un conjunto de datos con aproximadamente 28 000 registros clínicos y 67 síntomas estandarizados, incluyendo dengue, zika, chikungunya e influenza como control negativo.

Este conjunto de datos permitió entrenar distintos algoritmos de clasificación, entre ellos perceptrón multicapa, redes neuronales, máquinas de vectores de soporte y árboles de decisión. Los resultados mostraron niveles de precisión cercanos al 92% y valores de AUC superiores a 0.98, lo que demuestra la viabilidad de estos modelos como herramientas de apoyo en el diagnóstico preliminar de enfermedades arbovirales (2).

Posteriormente, se desarrolló una base de datos sintética ampliada derivada de la literatura científica, la cual integró más de 48 000 registros clínicos estandarizados correspondientes a dengue, zika, chikungunya e influenza (3). Esta base de datos constituye un recurso útil para el entrenamiento y validación de futuros modelos computacionales orientados al diagnóstico temprano de enfermedades infecciosas, particularmente en regiones donde la disponibilidad de pruebas de laboratorio puede ser limitada.

2.4 Aplicaciones del modelado in silico en el diagnóstico de enfermedades

El modelado estructural de proteínas representa una herramienta importante dentro del conjunto de métodos computacionales aplicados al estudio de enfermedades humanas. Cuando se identifican mutaciones mediante técnicas de secuenciación genética, no siempre es posible determinar inmediatamente si estas variaciones son responsables de una enfermedad o si corresponden a cambios sin relevancia clínica. En este contexto, el modelado in silico permite analizar cómo estas mutaciones pueden modificar la estructura tridimensional de las proteínas, afectando su estabilidad, su capacidad de interacción con otras biomoléculas o su función biológica (10, 11).

El estudio de enfermedades hereditarias constituye uno de los campos donde estas herramientas han demostrado gran utilidad. Un estudio reciente realizado en un laboratorio de diagnóstico clínico mostró que el análisis estructural computacional puede apoyar la clasificación de variantes genéticas detectadas en pacientes, permitiendo diferenciar entre mutaciones potencialmente patogénicas y cambios benignos en diversas proteínas humanas. Al integrar información genómica con modelado estructural, los investigadores lograron proponer mecanismos moleculares que explican cómo determinadas mutaciones pueden desestabilizar proteínas o alterar su funcionamiento normal. Estos resultados evidencian que la bioquímica computacional no solo tiene aplicaciones en la investigación básica, sino que también representa una herramienta útil para mejorar la interpretación clínica de la información genómica y fortalecer el diagnóstico de distintas enfermedades (10).

Un ejemplo representativo corresponde al estudio del síndrome de Lynch, una enfermedad hereditaria asociada con un mayor riesgo de desarrollar cáncer colorrectal y otros tipos de cáncer. Esta patología está relacionada con mutaciones en genes responsables de la reparación del ADN, entre ellos el gen MSH2, cuya proteína participa en la corrección de errores durante la replicación genética. Mediante cálculos estructurales y simulaciones realizadas in silico, los investigadores analizaron cómo cambios específicos en la secuencia genética pueden alterar la estabili-

dad estructural de esta proteína. Los resultados mostraron que muchas de las mutaciones asociadas con el síndrome de Lynch no eliminan directamente la función de la proteína, sino que provocan alteraciones en su plegamiento estructural, generando inestabilidad y favoreciendo su degradación celular antes de que pueda cumplir su función en los mecanismos de reparación del ADN (11).

El modelado *in silico* también ha sido utilizado para estudiar biomoléculas relacionadas con enfermedades metabólicas. Un ejemplo relevante es la diabetes mellitus, una enfermedad caracterizada por niveles elevados de glucosa en sangre y que representa uno de los principales problemas de salud pública a nivel mundial. En este contexto, diversos estudios han explorado el uso de biosensores basados en aptámeros, pequeñas secuencias de ADN o ARN capaces de reconocer moléculas específicas. Mediante simulaciones de docking y dinámica molecular, se ha analizado la interacción entre aptámeros y la molécula de insulina, evaluando parámetros como la energía de unión y la estabilidad estructural del complejo molecular. Los resultados sugieren que estos aptámeros presentan interacciones más específicas con la insulina que con otras moléculas relacionadas, lo que indica su potencial aplicación en el desarrollo de biosensores para la detección temprana de diabetes tipo 2 (12).

De forma similar, en enfermedades neurodegenerativas, el modelado molecular ha permitido explorar posibles compuestos con actividad terapéutica. Trastornos como la enfermedad de Alzheimer y la enfermedad de Parkinson se caracterizan por la degeneración progresiva de neuronas y la acumulación de proteínas mal plegadas en el sistema nervioso. Debido a la complejidad de estos procesos, la identificación de compuestos con potencial terapéutico suele requerir largos periodos de investigación experimental. En este sentido, las herramientas de bioquímica computacional permiten evaluar de manera preliminar la interacción entre compuestos naturales y proteínas asociadas con estas enfermedades.

Un estudio reciente analizó mediante técnicas de docking y dinámica molecular el compuesto natural karanjin, evaluando su interacción con proteínas relacionadas con procesos neurodegenerativos. Las simulaciones mostraron interacciones favorables con varios blancos moleculares implicados en enfermedades como Alzheimer y Parkinson, lo que sugiere

su potencial como molécula candidata para el desarrollo de futuros fármacos. Estos resultados demuestran cómo el modelado computacional puede acelerar las primeras etapas del descubrimiento de fármacos al permitir evaluar múltiples compuestos de manera rápida antes de su validación experimental (13).

En conjunto, estos ejemplos muestran que el modelado *in silico* no sustituye el diagnóstico clínico ni las pruebas experimentales, pero proporciona información adicional sobre los mecanismos moleculares de las enfermedades, contribuyendo al desarrollo de herramientas diagnósticas y terapéuticas más precisas.

3. Conclusiones

El modelado *in silico* y la bioquímica computacional se han consolidado como herramientas fundamentales para el estudio de biomoléculas y el análisis de enfermedades desde una perspectiva molecular. Estas metodologías permiten simular interacciones entre proteínas, ácidos nucleicos y compuestos químicos, facilitando la comprensión de procesos biológicos complejos y reduciendo la necesidad de experimentación inicial en laboratorio.

Los ejemplos presentados en este capítulo muestran cómo las herramientas computacionales pueden contribuir al estudio y diagnóstico de diversas enfermedades. En el caso de enfermedades infecciosas como el dengue y otras arbovirosis, el análisis computacional de datos clínicos permite identificar patrones asociados con la progresión de la enfermedad y apoyar la toma de decisiones médicas, particularmente en regiones donde la disponibilidad de pruebas diagnósticas puede ser limitada. De manera complementaria, el modelado estructural permite analizar el impacto funcional de mutaciones genéticas y estudiar interacciones moleculares relevantes para enfermedades hereditarias, metabólicas y neurodegenerativas.

En conjunto, estas aproximaciones evidencian el potencial de la bioquímica computacional como una herramienta de apoyo para la investigación biomédica y el diagnóstico molecular. Si bien estas metodologías no sustituyen las pruebas clínicas ni los estudios experimentales, aportan información valiosa que permite comprender mejor los mecanismos moleculares asociados con diversas patologías.

En el contexto de la salud pública en regiones como el sur-sureste de México, donde enfermedades infecciosas como el dengue representan un problema importante, el desarrollo y aplicación de herramientas computacionales puede contribuir al fortalecimiento de las estrategias de diagnóstico temprano y al diseño de nuevas aproximaciones para el estudio de enfermedades. A medida que continúe creciendo la disponibilidad de datos genómicos, estructurales y clínicos, es probable que el modelado *in silico* desempeñe un papel cada vez más relevante en la investigación biomédica y en el desarrollo de estrategias diagnósticas más precisas.

4. Referencias

1. Meixueiro VHO, Hernández-Huerta MT, Pérez-Campos Mayoral LC, Cruz-Parada E, Ortiz JOL, Valdez NG, et al. Using data mining to differentiate dengue with warning signs from severe dengue: a predictive model from Oaxaca, Mexico. *Am J Trop Med Hyg.* 2025;113(3):508-15.
2. Cruz-Parada E, Vivar-Estudillo G, Pérez-Campos Mayoral L, Hernández-Huerta MT, Pérez-Santiago AD, Romero-Díaz C, et al. Proof-of-concept machine learning framework for arboviral disease classification using literature-derived synthetic data: methodological development preceding clinical validation. *Healthc (Basel).* 2026;14(2):247.
3. Cruz-Parada E, Vivar-Estudillo G, Pérez-Campos Mayoral L, Hernández-Huerta MT, Pérez-Santiago AD, Romero-Díaz C, et al. Synthetic and encoded database of dengue, Zika, chikungunya, and influenza derived from the literature. *Data (Basel).* 2026;11(2):33.
4. Sayers EW, Bolton EE, Brister JR, Canese K, Chan J, Comeau DC, et al. Database resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic Acids Res.* 2021;49(D1):D10-7.
5. Burley SK, Berman HM, Bhikadiya C, Bi C, Chen L, Di Costanzo L, et al. Protein Data Bank: the single global archive for 3D macromolecular structure data. *Nucleic Acids Res.* 2019;47(D1):D520-8.
6. Vidal-Limon A, Aguilar-Toalá JE, Liceaga AM. Integration of molecular docking analysis and molecular dynamics simulations for

- studying food proteins and bioactive peptides. *J Agric Food Chem.* 2022;70(4):934-43.
7. Paggi JM, Pandit A, Dror RO. The art and science of molecular docking. *Annu Rev Biochem.* 2024;93:389-410.
 8. Śledź P, Caflisch A. Protein structure-based drug design: from docking to molecular dynamics. *Curr Opin Struct Biol.* 2018;48:93-102.
 9. Naqvi AAT, Mohammad T, Hasan GM, Hassan MI. Advancements in docking and molecular dynamics simulations towards ligand-receptor interactions and structure-function relationships. *Curr Top Med Chem.* 2018;18(20):1755-68.
 10. McEntagart M, Smith MJ, Evans DG, Woodward ER, Raymond FL, Lalloo F, et al. Assessing the clinical utility of protein structural analysis in genomic variant classification: experiences from a diagnostic laboratory. *Genome Med.* 2022;14:83.
 11. Nielsen SV, Stein A, Dinitzen AB, Papaleo E, Tatham MH, Poulsen EG, et al. Predicting the impact of Lynch syndrome-causing missense mutations from structural calculations. *PLoS Genet.* 2017;13(4):e1006739.
 12. Mardian Y, Kurniawan F, Haryanto A, Pratiwi D, Suryani A, Wibowo FR, et al. In silico study of aptamer–insulin interaction for biosensor development in diabetes detection. *Indones J Chem.* 2024;24(3).
 13. Ogunyemi OM, Afolabi SO, Akindele AJ, Ojo OA, Ojo AB, Adewumi OB, et al. In silico investigation of karanjin as a potential therapeutic agent against neurodegenerative diseases. *Molecules.* 2022;27(9):2834.

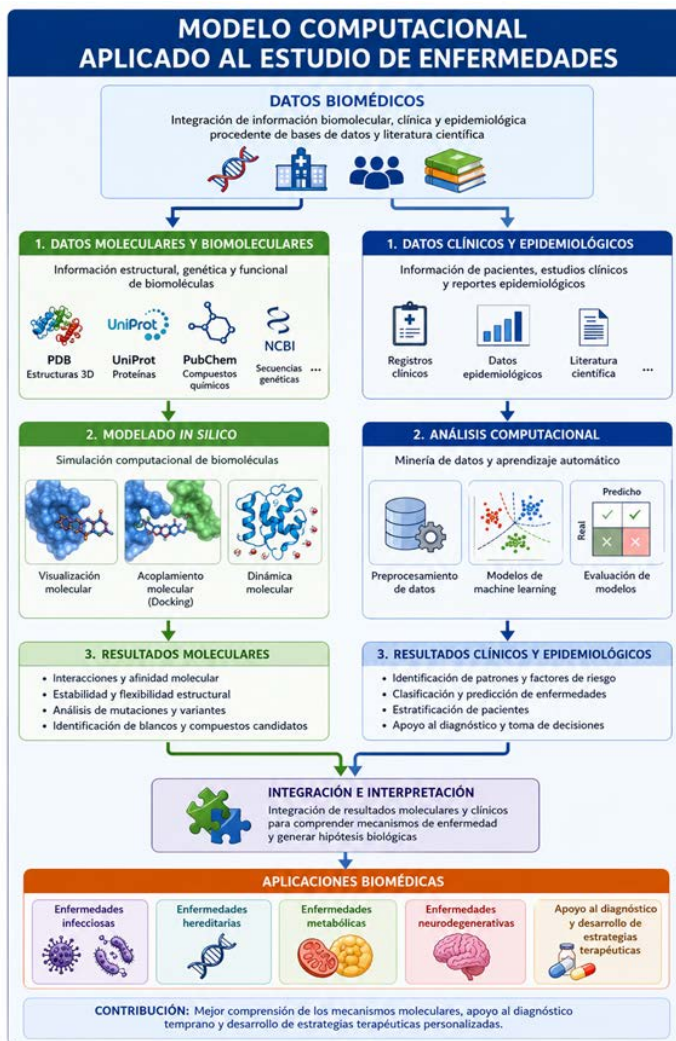
Tabla 1. Bases de datos biomoleculares utilizadas en bioquímica computacional.

Base de datos	Información principal y uso	Sitio web
PDB	Estructuras tridimensionales de proteínas y complejos biomoleculares utilizadas en estudios estructurales y docking.	rcsb.org
UniProt	Secuencias y funciones de proteínas, dominios estructurales y variantes asociadas a enfermedades.	uniprot.org
BRENDA	Información funcional de enzimas, actividad catalítica y parámetros bioquímicos.	brenda-enzymes.org
PubChem	Estructuras y propiedades de compuestos químicos utilizados como ligandos en estudios moleculares.	pubchem.ncbi.nlm.nih.gov
NCBI	Bases de datos genómicas y herramientas para análisis de secuencias y genes.	ncbi.nlm.nih.gov

Tabla 2. Programas de acoplamiento molecular utilizados en bioquímica computacional.

Programa	Aplicación principal	Sitio web
AutoDock	Predicción de interacciones proteína-ligando mediante estimación de energía de unión	autodock.scripps.edu
AutoDock Vina	Versión optimizada de AutoDock con mayor velocidad y precisión en estudios de docking	vina.scripps.edu
HEX	Acoplamiento proteína-proteína y proteína-ligando mediante algoritmos basados en transformadas rápidas	hex.loria.fr

Figura 1. Esquema general de las principales aproximaciones computacionales aplicadas al estudio de enfermedades. La integración de datos biomoleculares, clínicos y epidemiológicos mediante modelado in silico, minería de datos y aprendizaje automático permite estudiar mecanismos moleculares, identificar patrones asociados con enfermedades y contribuir al diagnóstico y al desarrollo de estrategias terapéuticas..



Alimentos tradicionales de Oaxaca con funciones probióticas asociadas a la presencia de bacterias ácido lácticas

Danae Alicia Martínez-Martínez¹

Flor de Belem Pérez Chávez²

Tania Nadhieli Mijangos Cárdenas³

Diana Matías-Pérez^{1*}

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004853>



¹ División de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

² Departamento de Química y Biquímica, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

³ División de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

Resumen

El estado de Oaxaca cuenta con gran riqueza histórica, cultural y biológica que se refleja en la diversidad de alimentos y bebidas tradicionales elaboradas mediante procesos artesanales y empleo de ingredientes endémicos como maíces nativos, chiles, cacao, insectos comestibles y diversas plantas silvestres. Estos alimentos son elaborados a partir de conocimientos ancestrales, transmitidos de generación en generación, y reflejan la identidad cultural de las comunidades. Dentro de los alimentos tradicionales de Oaxaca tenemos quesos artesanales como el quesillo, elaborado con leche cruda, bebidas fermentadas como el pulque, tepache y atole agrio, que se llevan a cabo por la fermentación espontánea de su microbiota nativa como hongos, levaduras y bacterias, principalmente las bacterias ácido lácticas (BAL), que confieren características distintivas a los alimentos tradicionales. En el quesillo, modifican el pH de la cuajada mediante la producción de ácido láctico y, al fundirla en agua caliente, se logra la textura fibrosa y elástica de las hebras; en el pulque, las BAL producen exopolisacáridos responsables de la viscosidad característica; en el atole agrio, estos microorganismos fermentan la masa, desarrollando aromas y sabores únicos.

Además, algunas cepas BAL son reconocidas como probióticos por su capacidad de conferir beneficios a la salud, como la prevención de la disbiosis intestinal y estimulación del sistema inmunológico; son empleadas en el tratamiento de enfermedades entéricas y tienen efecto en la reducción del colesterol sérico. Los principales géneros BAL presentes en alimentos fermentados incluyen *Lactobacillus* spp., *Lactococcus* spp., *Leuconostoc* spp., *Pediococcus* spp., *Streptococcus* spp. y *Weissella* spp. El estudio de los alimentos tradicionales, además de valorar su importancia cultural y gastronómica, permite explorar su potencial como fuentes de microorganismos benéficos y compuestos bioactivos que podrían contribuir al desarrollo de alimentos funcionales basados en la riqueza biocultural de la región.

1. Introducción

La dieta mexicana se caracteriza por una profunda riqueza histórica, cultural y biológica que se refleja en la gran variedad de alimentos tradicionales consumidos a lo largo del país (1). Estos alimentos se han desarrollado a partir de conocimientos ancestrales transmitidos de generación en generación y están estrechamente vinculados con los recursos naturales disponibles en cada región. Ingredientes como el maíz, frijol, chile, calabaza, cacao y diversas especies vegetales y animales constituyen la base de numerosos platillos tradicionales, formando parte esencial de la alimentación cotidiana de muchas comunidades (2).

El valor de los alimentos tradicionales va más allá de su aporte nutricional, ya que representan una expresión de identidad cultural, patrimonio gastronómico y prácticas sociales asociadas a la producción, preparación y consumo de los alimentos. En este contexto, la Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura (UNESCO) reconoció en 2010 a la gastronomía mexicana como Patrimonio Cultural Inmaterial de la Humanidad, destacando la importancia de sistemas alimentarios tradicionales basados principalmente en el maíz, así como las técnicas culinarias, rituales y prácticas comunitarias asociadas a la alimentación (3).

Además, muchos de estos alimentos tradicionales se elaboran mediante procesos artesanales y fermentaciones naturales que favorecen la presencia de microorganismos benéficos, como bacterias ácido lácticas (BAL), las cuales pueden contribuir a mejorar la digestibilidad, aumentar la biodisponibilidad de nutrientes y aportar posibles beneficios para la salud humana. Los principales géneros BAL presentes en alimentos fermentados incluyen *Lactobacillus* spp., *Lactococcus* spp., *Leuconostoc* spp., *Pediococcus* spp., *Streptococcus* spp., y *Weissella* spp. (3). Por ello, en años recientes ha surgido un creciente interés científico por estudiar estos productos desde una perspectiva funcional, reconociendo su potencial como fuentes naturales de microorganismos con propiedades probióticas (4).

El estado de Oaxaca destaca como una de las regiones con mayor diversidad cultural, biológica y gastronómica del país. Su compleja geografía favorece una amplia variedad de ecosistemas que albergan una gran riqueza de recursos naturales utilizados en la alimentación, como

maíces nativos, frijoles, chiles, quelites, cacao, insectos comestibles y una amplia gama de plantas silvestres que forman parte fundamental de la cocina regional. Asimismo, Oaxaca es reconocido por su notable diversidad cultural, al ser hogar de numerosos pueblos indígenas, entre ellos zapotecos y mixtecos quienes han preservado sus conocimientos tradicionales que han permitido conservar una gastronomía profundamente arraigada en la identidad de las comunidades y estrechamente vinculada con sus sistemas productivos y su entorno natural (2).

Dentro de los alimentos tradicionales de Oaxaca se encuentran bebidas a base de maíz y cacao, productos derivados del maíz nixtamalizado, salsas tradicionales, quesos artesanales y preparaciones que incorporan insectos comestibles. Muchos de estos alimentos se elaboran mediante métodos artesanales que favorecen el desarrollo de microbiotas naturales (3). En este contexto, el estudio de los alimentos tradicionales de Oaxaca no solo permite valorar su importancia cultural y gastronómica, sino también explorar su potencial como fuentes de microorganismos benéficos y compuestos bioactivos que podrían contribuir al desarrollo de alimentos funcionales basados en la riqueza biocultural de la región.

2. Bacterias ácido lácticas y sus propiedades probióticas

Las bacterias ácido lácticas (BAL) son microorganismos seguros, no patógenos; poseen un comportamiento homo y heterofermentativo, producen ácido láctico como principal producto de la fermentación, así como vitaminas, ácidos orgánicos, bacteriocinas y enzimas que ayudan a mejorar las cualidades nutricionales, fisicoquímicas y sensoriales de los alimentos (1). Se encuentran en ambientes ricos de nutrientes, en alimentos tradicionales como reservorios de bacterias autóctonas procedentes de la materia prima, como el maguey para el caso del pulque, nixtamal en el atole agrío o aquellas nativas de la leche; también pueden ser introducidas durante el proceso, a través de recipientes, equipos y el ambiente. Estos microorganismos son utilizados en la elaboración de alimentos fermentados de origen animal y vegetal; contribuyen mejorando el perfil sensorial, como la textura, sabor, aroma; prolongan la vida útil y

conservación del alimento (5). Los géneros más prevalentes en alimentos fermentados incluyen *Lactobacillus* spp., *Lactococcus* spp., *Leuconostoc* spp., *Pediococcus* spp., *Streptococcus* spp. y *Weissella* spp. (3).

Cepas específicas de BAL son reconocidas como probióticos por la capacidad de conferir beneficios a la salud del huésped; cuentan con capacidad de producir sustancias antimicrobianas como ácidos orgánicos, peróxido de hidrógeno y bacteriocinas que inhiben el crecimiento de microorganismos patógenos; adherencia al epitelio intestinal, la mucosa y el fortalecimiento de la barrera epitelial, así como la modulación del sistema inmune, son utilizadas en la prevención y tratamiento de enfermedades entéricas (5).

Propiedades probióticas de las bacterias ácido lácticas

La importancia de las bacterias ácido lácticas (BAL) se relaciona principalmente con su actividad metabólica segura, que proporciona numerosos beneficios funcionales y para la salud a través de los alimentos fermentados; gran número de cepas probióticas pertenecen al grupo de las BAL (5). Los probióticos son microorganismos vivos que, cuando se administran en cantidades adecuadas, confieren un beneficio para la salud del huésped. Para que una cepa sea reconocida como probiótica, debe cumplir con las pautas establecidas por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) y la Organización Mundial de la Salud (OMS), que contempla la identificación de los microorganismos a nivel género, especie y cepa, mediante métodos genotípicos, así como criterios de seguridad, funcionalidad y tecnología (6).

Seguridad

Las bacterias ácido lácticas probióticas tienen el llamado estado Generalmente Reconocido como Seguro (GRAS por siglas en inglés *Generally Recognized as Safe*) y cumplen con los requisitos de presunción cualificada de seguridad (QPS por siglas en inglés de *Qualified Presumption of Safety*) en Europa; deben ser de origen humano (secreciones, cavidad oral, vaginal, intestinos, entre otros) o aisladas de alimentos. Demostrarse su inocuidad,

ausencia de genes de virulencia y de resistencia antimicrobiana transferible. Estos criterios permiten asegurar que el probiótico no solo sea viable en el alimento, sino también efectivo y seguro para el consumidor (7).

Funcionalidad

Las bacterias ácido lácticas deben tener la capacidad de supervivencia a través del tracto gastrointestinal (TGI), presentar resistencia a la acidez gástrica y sales biliares; así como de proliferar y adherirse a las células del huésped en el intestino delgado y el colon, donde ejercen sus efectos beneficiosos, presentar actividad antagonista contra patógenos y evitar su adhesión al epitelio intestinal y actividad de la enzima hidrolasa de sales biliares (6).

Tecnológicas

La cepa probiótica debe cumplir con diversos criterios tecnológicos para garantizar su eficacia y seguridad en los alimentos. En primer lugar, debe estar presente en una cantidad suficiente de células viables que permita ejercer el efecto benéfico demostrado en el hospedador. Generalmente, se establece que el microorganismo debe encontrarse en concentraciones mínimas de 1×10^6 UFC/g o mL en el producto al momento de su consumo. Asimismo, la cepa debe mantener su viabilidad durante el procesamiento del alimento, así como estabilidad y supervivencia a lo largo del almacenamiento, conservando su actividad hasta el final de la vida útil del producto. Además, es fundamental que la cepa cuente con evidencia científica que respalde sus efectos benéficos en seres humanos, obtenida mediante estudios *in vitro*, modelos animales y, especialmente, ensayos clínicos controlados en humanos (6).

Los principales beneficios a la salud reportados por el consumo de bacterias ácido lácticas (BAL) probióticas son el equilibrio de la comunidad microbiana intestinal, la estimulación del sistema inmunológico, la reducción del riesgo de enfermedades entéricas y la reducción del colesterol sérico. El principal mecanismo de la actividad probiótica de las BAL se da por la producción de sustancias antimicrobianas y ácidos

orgánicos, evitando que el patógeno se adhiera a la capa epitelial del intestino y compita por nutrientes (7).

3. Diversidad de alimentos tradicionales de Oaxaca

Los alimentos tradicionales de cada región geográfica se diferencian por la especificidad de sus ingredientes y métodos de producción. Esta singularidad está profundamente arraigada en la tradición popular y se relaciona con la producción de alimentos únicos obtenidos con la participación de especies microbianas endémicas (5).

El estado de Oaxaca se distingue por una extraordinaria diversidad de alimentos y bebidas tradicionales, tanto fermentados como no fermentados, que reflejan la riqueza biocultural de sus regiones (2). Muchos de estos productos, elaborados principalmente a base de maíz y cacao, han sido asociados con efectos benéficos para la salud, en parte por la presencia de bacterias ácido lácticas (BAL) y otros microorganismos autóctonos que participan en procesos de fermentación espontánea (7). Estas comunidades microbianas, adaptadas a las condiciones locales, contribuyen no solo a la conservación del alimento, sino también al desarrollo de características sensoriales únicas y, potencialmente, a propiedades funcionales (8).

En su elaboración se incorporan ingredientes endémicos como chiles nativos, chapulines, hierbas aromáticas y granos básicos como maíz, frijol y cacao, lo que fortalece su identidad territorial. Estos alimentos mantienen un estrecho vínculo con las tradiciones, los saberes ancestrales y las prácticas comunitarias, formando parte esencial de la dieta cotidiana oaxaqueña y de sus festividades (2). Entre los productos más representativos se encuentran quesos tradicionales como el quesillo en los Valles Centrales; el atole agrio de Huautla de Jiménez, en la región de la Cañada; así como bebidas fermentadas como el tepache, el pulque y el mezcal, producido en distintas regiones del estado con sus diferentes variantes de materia prima y procesos (ver Figura 1). Otras preparaciones emblemáticas como los moles y el tejate también representan matrices alimentarias complejas cuya microbiota ha sido poco explorada desde una perspectiva científica.

3.1 Quesos tradicionales

En México, los quesos tradicionales son elaborados de manera artesanal con leche cruda de vaca, realizados de forma manual con escaso uso de maquinaria, en áreas o talleres acondicionados dentro de sus casas (5). En Oaxaca, existe una gran diversidad de quesos frescos artesanales debido a los diferentes ingredientes endémicos incorporados en su elaboración, como chiles frescos y secos, hierbas de olor, flores, chapulín; así como el material de sus recipientes o empaques de presentación, como las hojas de totemoxtle, aros de madera, palma, que le confieren características identitarias.

El quesillo es un queso tradicional de Oaxaca, reconocido como patrimonio cultural y gastronómico. Este alimento posee un fuerte vínculo con las costumbres y tradiciones oaxaqueñas, como la Guelaguetza; es tan importante que cada año se realiza una feria con el objetivo de valorizar y rescatar este producto tradicional. Es clasificado como queso de pasta hilada, debido a que se presenta en largas hebras, de sabor a leche y ligeramente ácido. Para su elaboración, la cuajada atraviesa un proceso de fermentación natural por acción de su microbiota nativa presente en la leche cruda, principalmente bacterias ácido lácticas, que modifican la acidez de la cuajada, logrando que, al fundirla en agua caliente, esta adquiera una consistencia chiclosa y se estire, hasta formar largas hebras. Este conocimiento práctico permite a los productores controlar, a través de la experiencia sensorial (olor, textura, elasticidad), el punto óptimo de fermentación.

Las hebras se enrollan entre sí hasta formar una pieza redonda, presentación característica de este alimento.

3.2 Bebidas tradicionales

La fermentación es el método más antiguo de procesamiento y conservación de alimentos, utilizado para prolongar la vida útil y mejorar las características sensoriales de los productos, lo que resulta en una fuente importante de nutrientes y compuestos que promueven la salud humana. Las bebidas fermentadas tradicionales son un elemento esencial del patrimonio cultural y culinario de muchos países (9). En México, existe una amplia diversidad de bebidas fermentadas, elaboradas de manera

tradicional y artesanal a base de maíz, cacao, frutas, plantas, hierbas, raíces y tallos; sus métodos de procesamiento y microbiota varían entre regiones, localidades y productores (3). Además, se realiza una fermentación espontánea por la microbiota natural (bacterias, hongos, levaduras), presente en las materias primas. Estas bebidas fermentadas tienen una gran importancia histórica, cultural, tradicional y económica en la vida cotidiana de las comunidades mexicanas (1).

En Oaxaca, bebidas tradicionales como el tepache, atole agrio, téjate, pulque y mezcal, son símbolo de la cultura zapoteca consideradas bebidas sagradas, empleadas en ceremonias y rituales de conmemoración, actualmente se consumen de forma cotidiana, en festividades o celebraciones que forman parte de las costumbres y tradiciones de la cultura Oaxaqueña (2).

Tepache

El tepache es una bebida prehispánica de México, originalmente de maíz (náhuatl “tépiatl” o “tepiatzin”); se elabora en diferentes estados del sur. En Oaxaca, esta bebida tradicional forma parte de la identidad cultural y se consume ampliamente en ferias regionales y celebraciones. Posee sabor dulce y ligero, con ácidos orgánicos, bajo contenido de etanol (menor a 1 %) y otros compuestos volátiles que le confieren características organolépticas agradables para los consumidores (4). El tepache es elaborado con cáscaras de piña, panela (piloncillo) y agua; se deja reposar dentro de barriles de madera u ollas de barro llamadas “tepacheras” durante 1 a 5 días a temperatura ambiente. Durante su elaboración se lleva a cabo un proceso de fermentación espontánea mixta láctica-alcohólica (5).

Atole agrio

El atole agrio es una bebida mexicana, sin alcohol y ácida; se obtiene cuando la masa de maíz fermenta de forma natural, sin adición de azúcar. Se consume en el sureste de México, especialmente en los estados de Tabasco, Chiapas, Veracruz y Oaxaca; se conoce también como xo-coatole o atolxuco; es consumido con fines nutricionales, medicinales y ceremoniales (8).

En Oaxaca, el atole agrio se prepara con maíz criollo, el cual atraviesa una fermentación espontánea por acción de la microbiota mixta de bacterias, levaduras y hongos. Para su elaboración, el maíz se deja remojar en agua durante 3 a 5 días, hasta que los granos estén suaves para molerlos y obtener una masa que se deja fermentar una noche más. Posteriormente, la masa se diluye y se hierva para gelatinizar el almidón y así obtener una bebida espesa y viscosa que se consume caliente (1). El producto final se saboriza con azúcar, canela o cacao, o se consume solo. En algunas regiones de Oaxaca, como en Huautla de Jiménez, en la Región Cañada, se le acompaña con frijoles y una salsa de pipián, ajonjolí y semillas de chile chiltepe, lo que le da un toque especiado. Su sabor es ácido con un aroma intenso (3).

Tejate

El tejate es una bebida prehispánica originaria de los Valles Centrales de Oaxaca, símbolo de la cultura zapoteca asociada con ceremonias y rituales para transiciones importantes de la vida. Forma parte de la familia de bebidas frescas, cubiertas con espuma; es elaborada a base de maíz y cacao, es considerada una bebida refrescante con propiedades saciantes, de gran valor cultural y social (2).

La preparación del tejate requiere de habilidad y experiencia. En los Valles Centrales de Oaxaca se prepara utilizando maíz nixtamalizado con ceniza de madera (cuanextle). Al hacer una mezcla tostada y molida de cacao rojo (*Theobroma cacao* L.), flores de rosita de cacao (*Quararibea funebris*), semilla de mamey o pixtle (*Pouteria sapota*). En algunas áreas se utiliza cacao blanco (*T. bicolor*) u otros ingredientes como coco, cacahuete o nuez. El tejate se sirve en una jícara decorada en forma de tazón hecha de *Crescentia cujete* L. El tejate, además de ser fuente de energía, proteína y grasa, es también de metilxantinas y minerales, como potasio, hierro, zinc, magnesio y calcio; sin embargo, no se cuenta con información referente a su composición microbiológica. Es importante la exploración de la microbiota natural y la evaluación de las propiedades funcionales (2).

Pulque

El pulque es la bebida más antigua y tradicional de México; se consume en varios estados del país. Es obtenido como producto de la fermentación del aguamiel, conocido también como savia azucarada, principalmente de las variedades de *Agave salmiana* y *Agave atrovirens*, obteniendo una bebida con 4 a 6 % de alcohol. Es de color blanco lechoso, viscoso y ligeramente ácido. Se consideró una bebida esencial en los rituales; se consumía en ceremonias, celebraciones y se usaba como ofrenda. Fuera de estas, solo se permitía ingerirla a los ancianos (10).

El proceso comienza eligiendo agaves entre 6 y 15 años, próximos a florecer; el capullo floral se corta haciendo un agujero en su tallo central con capacidad de 1 a 2 litros, donde se almacenará el aguamiel. La cavidad se raspa en la superficie para acelerar la producción de la savia líquida; después, es sellada con hojas y piedras para proteger contra insectos, polvo y evitar derrame. La colecta del aguamiel se realiza dos veces al día y para la fermentación se coloca en tinas o “tinacal” de madera, barro o plástico, donde se lleva a cabo la fermentación a temperatura ambiente durante 12 a 48 horas (11).

La fermentación inicia en el maguey, que funciona como el reservorio natural de consorcios de microorganismos como hongos, levaduras y bacterias, sobresaliendo la presencia de bacterias lácticas (BAL), que de acuerdo con su tipo de fermentación heterofermentativa transforman los azúcares disponibles en la savia en diferentes compuestos como etanol, ácido acético, dióxido de carbono, peróxido de hidrógeno, además de producir metabolitos y exopolisacáridos que confieren la viscosidad al pulque. Posteriormente, algunos artesanos aceleran el proceso de fermentación agregando una porción de pulque, que funciona como inóculo. La fermentación se realiza en recipientes limpios y a temperatura ambiente; en días cálidos puede durar 12 horas y en ambientes fríos se puede prolongar hasta 48 horas. Conforme avanza la fermentación, se presentan cambios importantes en el pulque, como el incremento del porcentaje de etanol y el cambio en la viscosidad por la producción de exopolisacáridos. Al terminar el proceso, se obtiene una bebida alcohólica de 4 a 6% de etanol; en algunas regiones es apreciada por su aporte nutricional, principalmente vitaminas y minerales (5).

Mezcal

El mezcal, del náhuatl “mexcalli”, que significa agave horneado, es una bebida alcohólica ancestral, símbolo de identidad y herencia cultural, producida aproximadamente en 26 estados de México. El mezcal se obtiene de la fermentación de los azúcares de las piñas de diferentes especies de agave o maguey. En el estado de Oaxaca, el maguey espadín (*Agave angustifolia*) es la especie más utilizada, así como otras variedades silvestres como tobalá y tepestate. El proceso de producción del mezcal puede variar por las condiciones de la región e instalaciones; sin embargo, las etapas claves del proceso son el corte de la piña, la cocción, molienda, fermentación y destilación (12). Su cocción en hornos de tierra, molienda con tahona y fermentación natural, ofreciendo perfiles ahumados, dulces y terrosos.

Para elaborar mezcal, se cosechan agaves entre 4 a 5 años en especies pequeñas y entre 10 a 25 años en especies grandes. Las plantas son cortadas desde su base, las hojas se retiran; a esta actividad se le conoce como “jimado”, para obtener el corazón del agave o “piñas”. Después, se transportan para la cocción en hornos de tierra y molienda en tahona. En esta etapa, los polisacáridos presentes en la “piña” se hidrolizan para generar un jarabe con alto contenido de fructosa, el cual posteriormente es sometido a fermentación alcohólica por acción de las levaduras nativas (13). Esta etapa de fermentación constituye una de las fases más relevantes en la elaboración del mezcal, ya que durante ella se desarrollan las principales características sensoriales de la bebida, tales como el sabor, el cuerpo y el aroma. Finalmente, el mosto fermentado, que alcanza concentraciones de etanol de 2 a 13 % v/v (volumen/volumen), es sometido a un proceso de destilación para obtener mezcal blanco o joven (12).

4. Microbiota asociada a los alimentos tradicionales de Oaxaca y sus propiedades probióticas

Los métodos tradicionales y artesanales de elaboración de estos alimentos se caracterizan por el uso de fermentaciones espontáneas, que se llevan a cabo por la microbiota natural presente en las materias primas, como

hongos, levaduras y bacterias, donde destaca la presencia de bacterias ácido lácticas (5), que participan significativamente en el proceso de fermentación y confieren características sensoriales como el sabor, aroma y textura distintivos de los alimentos. También son de gran importancia dada su capacidad antimicrobiana, que ayuda a proteger a los alimentos fermentados de la contaminación, el deterioro y su conservación (14). (Tabla 1).

Las fermentaciones mejoran el sabor y la calidad nutricional de los alimentos y aumentan su vida útil. Los alimentos fermentados se consideran una buena fuente de probióticos naturales porque se ha informado que su ingesta mejora la función intestinal, ayuda a reforzar la inmunidad y previene alergias (7).

En bebidas como el tepache, la fermentación es resultado de consorcios microbianos complejos que incluyen bacterias lácticas, levaduras y, en algunos casos, bacterias acéticas, cuya interacción define el perfil sensorial y la calidad del producto final. Los géneros de BAL predominantes son *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Lactococcus* y *Streptococcus*, que transforman los azúcares en alcohol, ácido acético y, en menor cantidad, ácido láctico, que confiere el sabor, gusto y aroma característicos al tepache. Se han asociado beneficios a la salud al consumir esta bebida, como mejorar el equilibrio intestinal y reducir el riesgo de enfermedades gastrointestinales (4); también es una fuente natural de péptidos antimicrobianos como la nisina y enterocina con capacidad para inhibir organismos patógenos y ayudar en la conservación de la bebida (14).

El atole agrío se obtiene mediante la fermentación natural de masa de maíz nixtamalizado, donde las bacterias ácido lácticas desempeñan un papel fundamental en la acidificación, estabilidad microbiológica y desarrollo de compuestos aromáticos. Estos microorganismos dominan notablemente; los géneros más prevalentes incluyen *Lactococcus* spp., *Leuconostoc* spp., *Lactobacillus* spp., *Pediococcus* spp. y *Weissella* (15). Estos microorganismos producen vitaminas, ácidos orgánicos, bacteriocinas y enzimas, mejorando las características nutricionales, fisicoquímicas y sensoriales de la bebida. Las contribuciones funcionales clave incluyen la degradación de factores antinutricionales, como el ácido fítico, y la mayor disponibilidad de fibra soluble, arabinosilanos solubles, ácidos fenólicos libres y péptidos bioactivos (1).

En el pulque, las bacterias ácido lácticas (BAL) forman parte de la microbiota autóctona del maguey. Los principales géneros presentes son *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Pediococcus*, *Streptococcus*, *Weissella*. El papel que desempeñan las BAL durante la fermentación del aguamiel para obtención del pulque es conferir las características sensoriales de aroma, sabor y textura distintiva de esta bebida (3). Varias especies de *Leuconostoc*, como *L. mesenteroides*, poseen la capacidad de producir exopolisacáridos (EPS) como el dextrano y frutano, que otorgan al pulque la viscosidad característica, valorada por un grupo específico de consumidores (5). Los géneros *Lactobacillus* y *Pediococcus* presentes en pulque poseen capacidad antimicrobiana e inhiben el crecimiento de *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus*. El pulque ha sido considerado como una fuente de probióticos, su consumo se ha relacionado con diversos beneficios a la salud, como la prevención o mejora de enfermedades gastrointestinales e infecciones renales y reducción de colesterol sérico (11).

La producción artesanal de mezcal implica procesos como la cocción en hornos cónicos de tierra, la molienda en tahona y la fermentación en tinas de madera o recipientes abiertos, donde la microbiota ambiental contribuye de manera significativa al carácter distintivo de cada región. Es predominante la presencia de bacterias ácido lácticas importantes en el proceso de fermentación, en el mosto se han identificado principalmente los géneros *Pediococcus*, *Lactobacillus*, *Weissella* y *Leuconostoc* (12). Al inicio de la fermentación predomina la presencia de bacterias lácticas *Weissella* y *Leuconostoc*. El género *Lactobacillus* se hace presente conforme avanza la fermentación, registrándose una mayor presencia hacia el final del proceso. Cepas específicas de estos géneros han sido reportadas por presentar tolerancia a condiciones similares al tracto gastrointestinal y propiedades antiinflamatorias, así como la producción de exopolisacáridos (EPS) ante la presencia de fructanos del agave.

En Quesillo, al ser elaborado con leche cruda de bovino, representa una fuente natural de microorganismos beneficiosos, como las bacterias ácido lácticas, que confieren características sensoriales de sabor, aroma y textura únicas. En quesos tradicionales se han identificado principalmente los géneros *Lactococcus spp.*, *Leuconostoc spp.*, *Lactobacillus spp.* y *Streptococcus spp.* (5), reconociendo, principalmente, a *Lactobacillus* por sus propiedades probióticas.

Estos sistemas productivos, basados en prácticas empíricas y en el aprovechamiento de microbiotas nativas, no solo preservan la identidad cultural de los alimentos oaxaqueños, sino que también favorecen la diversidad microbiana. Desde una perspectiva científica, representan modelos de fermentación tradicional con alto potencial para la identificación de cepas autóctonas con propiedades funcionales, fortaleciendo así la valorización de los productos regionales y su reconocimiento como patrimonio alimentario.

5. Valorización, sostenibilidad y desarrollo regional de los alimentos tradicionales de Oaxaca

Oaxaca es un estado con gran diversidad cultural y gastronómica, con amplia variedad de alimentos vinculados al territorio, sus tradiciones y costumbres, elaborados artesanales, lo que representa una oportunidad para fortalecer procesos de desarrollo local basados en la identidad cultural, la innovación y el aprovechamiento sostenible de los recursos regionales (2). La valorización de los alimentos tradicionales de Oaxaca representa una estrategia clave para la preservación del patrimonio cultural, la promoción de sistemas alimentarios sostenibles y el impulso del desarrollo regional. Los alimentos tradicionales son elaborados a partir de conocimientos ancestrales y recursos locales (3), reflejando la identidad cultural de las comunidades y generalmente es la principal fuente de ingresos de los productores artesanales. En este sentido, su reconocimiento y promoción permiten fortalecer las economías locales, fomentar el consumo responsable y contribuir a la conservación de la biodiversidad alimentaria.

Los alimentos tradicionales se producen mediante métodos artesanales, a pequeña escala; se utilizan ingredientes endémicos como maíces criollos, frijoles, chiles secos, chapulín y otras especies, favoreciendo la conservación de recursos genéticos y promoviendo prácticas agrícolas adaptadas a las condiciones ecológicas de cada región y técnicas de bajo impacto ambiental (1). Asimismo, la valorización de estos productos exige el reconocimiento y la protección, a través de las denominaciones de origen, indicaciones geográficas y marcas colectivas, que permiten destacar la calidad, autenticidad y vínculo territorial de los alimentos. Estas estrategias no solo protegen los saberes tradicionales asociados a su elaboración, sino

que también generan oportunidades de mercado y agregan valor a los productos locales, fortaleciendo la competitividad de las regiones productoras.

En cuanto al desarrollo regional, la promoción de alimentos tradicionales puede estimular actividades complementarias como el turismo gastronómico, la investigación científica y la innovación en productos derivados. Además, el estudio de sus características nutricionales, microbiológicas y funcionales ha despertado un creciente interés académico, particularmente en relación con la presencia de microorganismos benéficos y compuestos bioactivos que podrían aportar beneficios para la salud (5). En este contexto, la articulación entre conocimiento tradicional, investigación científica y políticas públicas resulta fundamental para impulsar la valorización de los alimentos tradicionales. Este enfoque permite preservar la riqueza cultural y gastronómica de las regiones, generar alternativas de desarrollo sostenible que beneficien a las comunidades productoras y contribuyan a la seguridad alimentaria.

6. Referencias

1. Torres-Gregorio M, Ribas-Aparicio R, Aguilera-Arreola M, Gutiérrez-López GFS. Potencial probiótico de algunas bacterias ácido lácticas aisladas de atole agrio de maíz azul de Veracruz, México. *Fermentation*. 2025;11(8):474. <https://doi.org/10.3390/fermentation11080474>
2. Soleri DC. Alimentos tradicionales, globalización, migración y salud pública y planetaria: el caso del tejate, una bebida de maíz y cacao en Oaxaca. *Challenges*. 2025;14(1):9. <https://doi.org/10.3390/challenges14010009>
3. Ojeda-Linares C, Álvarez-Ríos G, Figueredo-Urbina C, Islas L, Lappe-Oliveras P, Nabhan G, et al. Traditional fermented beverages of Mexico: a biocultural unseen foodscape. *Foods*. 2021;10(10):2390. <https://doi.org/10.3390/foods10102390>
4. Gutiérrez-Sarmiento W, Peña-Ocaña B, Lam-Gutiérrez A, Guzmán-Albores J, Jasso-Chávez R, Ruíz-Valdiviezo V. Microbial community structure, physicochemical characteristics and predictive functionalities of the Mexican tepache fermented beverage. *Microbiol Res*. 2022;260:127045. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2022.127045>

5. Santander-Cortés A, Castro-Rosas J. Isolation of lactic acid bacteria with probiotic potential from typical fermented Mexican food: a review. *Pädi Bol Cient ICBI*. 2024;11(22):59-68. <https://doi.org/10.29057/icbi.v11i22.11072>
6. Food and Agriculture Organization of the United Nations, World Health Organization. Guidelines for the evaluation of probiotics in food. Rome: FAO/WHO Working Group; 2002.
7. Marinova-Yordanova V, Kizheva Y, Rasheva I, Hristova P. Alimentos fermentados tradicionales búlgaros como fuente de bacterias beneficiosas del ácido láctico. *Front Biosci (Landmark Ed)*. 2024;16(1):7. <https://doi.org/10.31083/j.fbe1601007>
8. Väkeväinen K, Valderrama A, Espinosa J, Centurión D, Rizo J, Reyes-Duarte D, et al. Characterization of lactic acid bacteria recovered from atole agrio, a traditional Mexican fermented beverage. *LWT Food Sci Technol*. 2018;88:109-18. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2017.10.004>
9. Pérez-Armendáriz B, Cardoso-Ugarte G. Traditional fermented beverages in Mexico: biotechnological, nutritional, and functional approaches. *Food Res Int*. 2020;136:109307. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109307>
10. Matías-Luis G, Peña-Caballero V, Reyna-González W, Domínguez-Díaz L, Martínez-Hernández J. Nutritional and medicinal value of pulque. *J Negat No Posit Results*. 2019;4(12):1291-303. <https://doi.org/10.19230/jonnpr.3148>
11. Cerero-Calvo C, Sánchez-Medina M, Pérez-Santiago A, Matías-Pérez D, García-Montalvo I. Probióticos presentes en bebidas fermentadas mexicanas. *TIP Rev Esp Quím Biol*. 2022;25(1):1-13. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2022.436>
12. Espinoza-Martínez V, Jiménez-Pacheco A, Palma-Cruz F, López-Sánchez C. Diversidad microbiana presente durante la fermentación del proceso de producción artesanal de mezcal en Coixtlahuaca, Oaxaca. *Rev Cent Grad Investig*. 2020;35(86):68-74.
13. Pérez-Hernández E, Chávez-Parga M, González-Hernández J. Review of agave and mezcal. *Rev Colomb Biotecnol*. 2026;18(1):148-64. <https://doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v18n1.49552>
14. De la Fuente-Salcido N, Castañeda-Ramírez J, García-Almendárez

- B, Bideshi D, Salcedo-Hernández RC. Isolation and characterization of bacteriocinogenic lactic bacteria from M-Tuba and Tepache, two traditional fermented beverages in México. *Food Sci Nutr*. 2015;3(5):434-42. <https://doi.org/10.1002/fsn3.236>
15. Pérez-Cataluña AE. Diversity and dynamics of lactic acid bacteria in atole agrio, a traditional maize-based fermented beverage from South-Eastern Mexico, analysed by high throughput sequencing and culturing. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 2018;111(1):385-99. <https://doi.org/10.1007/s10482-017-0960-1>

Figura 1. Alimentos tradicionales de Oaxaca. a) Quesillo, b) Tepache c) Atole agrio, d) Tejate, e) Pulque, f) Mezcal.



Tabla 1. Principales alimentos tradicionales de Oaxaca. Principales sustratos para la fermentación, microorganismos descritos y beneficio a la salud.

Alimento fermentado	Sustrato principal	Principales géneros BAL	Especie identificada como probiótico	Beneficio a la salud	Referencia
Tepache	Ananas comosus	Enterococcus, Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc, Pediococcus, Weissella, Streptococcus.	Lactococcus lactis, Enterococcus faecium, Leuconostoc mesenteroides	Producción de péptidos antimicrobianos (nisina y enterocina).	(De la Fuente-Salcido et al., 2015) (Gutiérrez-Sarmiento et al., 2022).
Atole agrio	Zea mays	Enterococcus, Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc, Streptococcus, Pediococcus, Weissella.	L. plantarum, Lc. Lactis Levilactobacillus brevis, Loigolactobacillus coryniformis, Leuc. Pseudomesenteroides, Ped. Pentosaceus, Weissella confusa.	Producción de vitaminas, ácidos orgánicos, bacteriocinas y enzimas.	(Torres-Gregorio et al., 2025) (Väkeväinen et al., 2018).
Pulque	Agave spp.	Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc, Pediococcus, Streptococcus, Weissella.	Lactobacillus acidophilus Lactiplantibacillus plantarum Lacticaseibacillus paracasei UTMB4, Levilactobacillus brevis Leuconostoc mesenteroides subsp. dextranicum, Leuconostoc mesenteroides subsp. mesenteroides, Leuconostoc citreum y Leuconostoc kimchi.	Capacidad antimicrobiana (E. coli y S. aureus). Producción de exopolisacáridos. Pruebas in-vitro de potencial probiótico bajo condiciones gastrointestinales simuladas.	(Santander-Cortés y Castro-Rosas, 2024) (Ojeda-Linares et al., 2021).
Mezcal	Agave spp.	Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc, Oenococcus, Pediococcus, Weissella.	Pediococcus parvulus, Lactobacillus brevis, Lactobacillus composti, Lactobacillus parabuchneri, Lactobacillus plantarum y Lactobacillus delbrueckii	Tolerancia a condiciones in vitro similares al tracto gastrointestinal y propiedades antiinflamatorias. Producción de exopolisacáridos (EPS).	(Ojeda-Linares et al., 2021) (Espinoza-Martínez et al., 2020).
Quesillo	Leche	Lactococcus spp, Leuconostoc spp, Lactobacillus spp y Streptococcus spp.			(Santander-Cortés y Castro-Rosas, 2024).

Capítulo 5

Compuestos bioactivos en maíces nativos mexicanos y su impacto en la salud pública

Karen Seydel García-Melo¹

Gabriel Hernández Hernández²

Diana Matías Pérez

Carlos Francisco Varapizuela-Sánchez^{2*}

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004860>



¹ SECIHTI-Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

² Departamento de Ingeniería Química y Bioquímica, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México. *carlos.varapizuela@itoaxaca.edu.mx.

Resumen

El maíz constituye uno de los cultivos más importantes a nivel mundial y representa la base de alimentación en México, donde además posee un profundo valor cultural, económico y biológico. La diversidad genética del maíz mexicano, resultado de procesos históricos de domesticación y selección campesina, ha dado origen a numerosas razas y variedades locales que presentan diferencias morfológicas, agronómicas y nutricionales. En los últimos años, el interés científico por este cereal se ha incrementado debido a la presencia de compuestos bioactivos, tales como flavonoides, antocianinas, carotenoides, compuestos fenólicos y fibra dietética, los cuales han mostrado efectos potencialmente benéficos para la salud humana.

El objetivo de este capítulo es analizar la diversidad de compuestos bioactivos presentes en maíces nativos de México, describir sus principales mecanismos biológicos y discutir su posible contribución a la prevención de enfermedades crónicas no transmisibles. Asimismo, se revisa el papel del procesamiento tradicional del maíz, particularmente la nixtamalización, en la modificación de la disponibilidad de este alimento básico que representa una fuente relevante de metabolitos con potencial funcional y nutracéutico.

1. Introducción

A nivel mundial, el maíz es uno de los tres cereales más cultivados junto con el trigo y el arroz, contribuyendo de manera significativa a la seguridad alimentaria global; si no también su elemento central del patrimonio biocultural de las comunidades rurales e indígenas. Además de su origen como alimento humano, el maíz constituye una materia prima importante en la industria pecuaria, farmacéutica y biotecnológica (1).

México es reconocido internacionalmente como el principal centro de origen, domesticación y diversificación del maíz, proceso que remonta

a la domesticación del teocintle hace aproximadamente 9000 años. Esta larga historia evolutiva ha generado una extraordinaria diversidad genética representada por números razas y variedades locales adaptadas a distintos ambientes ecológicos y culturales (2).

Actualmente se han descrito más de 250 razas de maíz en el continente americano, de las cuales alrededor de 59 se encuentran en México, lo que posiciona al país como uno de los principales centros de diversidad del cultivo (3). Esta diversidad genética se refleja en una variabilidad fenotípica, incluyendo diferencias en tamaño, forma, textura y color del grano, siendo los maíces blancos, amarillos, rojos y azules los más representativos en los sistemas agrícolas tradicionales. Por ejemplo, los maíces pigmentados ampliamente cultivados en regiones del sur de México, particularmente en los estados de Oaxaca, Chiapas y Puebla, han mostrado concentraciones significativamente mayores de compuestos fenólicos y antocianinas en comparación con los maíces blancos convencionales. Esta variabilidad química sugiere que la conservación y estudio de los maíces nativos podrían contribuir al desarrollo de estrategias alimentarias orientadas a mejorar la calidad nutricional de la dieta (4).

Además de su importancia alimentaria, el maíz constituye una fuente relevante de compuestos bioactivos, los cuales incluyen polifenoles, flavonoides, antocianinas, carotenoides y fibra dietética. Estos metabolitos secundarios no solo son esenciales desde el punto de vista nutricional clásico; sin embargo, diversos estudios han demostrado que poseen propiedades antioxidantes, antiinflamatorias, hipoglucemiantes y cardioprotectoras, lo que ha despertado un creciente interés científico en su potencial nutraceutico (3).

En particular, los maíces pigmentados, como los azules, morados y negros, representan concentraciones significativamente mayores de compuestos fenólicos y antocianinas en comparación con los maíces blancos o amarillos. Estos pigmentos naturales están asociados con una elevada capacidad antioxidante y con efectos protectores frente a enfermedades crónicas no transmisibles (5).

El interés por estos compuestos se intensifica en un contexto en el que México enfrenta una elevada prevalencia de enfermedades crónicas no transmisibles, tales como obesidad, diabetes tipo 2, hipertensión arterial

y enfermedades cardiovasculares. Estos padecimientos representan una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en el país y están estrechamente relacionados con patrones alimentarios y el estilo de vida de la población. En este sentido, la investigación sobre los compuestos bioactivos presentes en alimentos tradicionales como el maíz adquiere una relevancia particular para el desarrollo de estrategias de prevención y promoción de la salud (6).

Asimismo, debe considerarse que la forma tradicional del consumo de maíz en México está estrechamente vinculada al proceso de nixtamalización, un tratamiento alcalino que modifica las propiedades físicas, químicas y nutricionales del grano. Durante este proceso se producen cambios importantes en la biodisponibilidad de nutrientes y compuestos bioactivos, pudiendo incrementar la disponibilidad de algunos minerales y compuestos fenólicos, mientras que otros metabolitos sensibles al calor pueden degradarse parcialmente. Estos cambios generan perfiles nutricionales y funcionales complejos que continúan siendo objeto de investigación (7).

Además, el valor nutricional básico del maíz como fuente de carbohidratos complejos, proteínas vegetales y micronutrientes, en las últimas décadas ha suscitado un creciente interés por el contenido de compuestos bioactivos. Estos metabolitos secundarios, presentes principalmente en el pericarpio, la capa de aleurona y el germen del grano, pueden ejercer efectos fisiológicos que contribuyen al mantenimiento de la salud humana. Diversas investigaciones han demostrado que compuestos como polifenoles, flavonoides y carotenoides participan en la modulación de procesos metabólicos asociados con la inflamación, el metabolismo de la glucosa y el equilibrio redox celular, lo que ha llevado a considerar al maíz como un alimento con potencial funcional dentro de la dieta tradicional mexicana (8). Por lo tanto, comprender la composición de compuestos bioactivos en los maíces mexicanos y su posible impacto en la salud humana representa un tema de gran interés tanto de la perspectiva nutricional como de salud pública.

En este trabajo se aborda de forma integral la composición de compuestos bioactivos presentes en los maíces mexicanos, se examina su mecanismo de acción y sus efectos potenciales sobre la salud humana, así como su impacto en la salud pública, considerando las necesidades nutricionales y epidemiológicas actuales en la población mexicana.

2. **Compuestos bioactivos en maíces de México**

Los flavonoides constituyen uno de los grupos más importantes de metabolitos secundarios fenólicos presentes en plantas superiores, que incluyen subclases como flavonas, flavonoles, flavononas, isoflavonas y antocianinas. Estos compuestos derivan biosintéticamente de la vía del fenilpropanoide, el cual se origina a partir del aminoácido fenilalanina, y da lugar a una amplia diversidad de metabolitos con funciones fisiológicas y ecológicas relevantes (9).

En el maíz, muchos de estos compuestos se localizan principalmente en las capas externas del grano; su distribución y concentración están estrechamente relacionadas con la pigmentación del grano, lo que explica que los maíces de color azul, rojo o morado presenten generalmente mayores niveles de flavonoides en comparación con los maíces blancos o amarillos. Además, su función fisiológica en la planta; diversos flavonoides del maíz han sido objeto de interés por sus posibles beneficios para la salud humana. Estudios recientes sugieren que estos compuestos pueden actuar como moduladores de rutas metabólicas asociadas con la inflamación, el metabolismo de los lípidos y la regulación del estrés oxidativo. La capacidad de los flavonoides de neutralizar los radicales libres y quelar metales de transición contribuye a su efecto protector frente al daño oxidativo celular, proceso que se encuentra implicado en el desarrollo de diversas enfermedades crónicas (10).

Los flavonoides en el maíz cumplen múltiples funciones biológicas, incluyendo la protección contra radiación ultravioleta, la defensa frente a herbívoros y patógenos, así como la regulación de procesos reproductivos como la viabilidad del polen y el desarrollo del grano. Entre las principales clases de flavonoides identificadas en maíz se encuentran antocianinas, flavonas, flavonoles e isoflavonoides, compuestos que constituyen tanto al color del grano como a sus propiedades bioactivas (9).

La concentración y distribución de flavonoides en la planta de maíz varía significativamente dependiendo de la variedad, tejido vegetal y condiciones ambientales. Por ejemplo, compuestos como eriodictiol, luteolina, isoorientina y maysina se encuentran distribuidos diferencialmente como polen, flores, sedas y semillas, lo que refleja una regularización genética de biosíntesis de flavonoides entre distintas variedades de maíz (11).

Estudios recientes basados en enfoques integrados de metabolómica y transcriptómica han permitido identificar 90 metabolitos secundarios asociados a la germinación del maíz, así como la participación de múltiples genes implicados en la regulación de la ruta biosintética de flavonoides. Estos estudios han demostrado que la acumulación de flavonoides se encuentra estrechamente regulada durante el desarrollo del grano y puede responder a factores ambientales y fisiológicos (12).

Desde el punto de vista nutricional y biomédico, los flavonoides del maíz han mostrado una notable actividad antioxidante, contribuyendo a la neutralización de especies reactivas de oxígeno y a la reducción del estrés oxidativo. Este efecto resulta particularmente relevante debido a que el estrés oxidativo está implicado en la fitopatología de diversas enfermedades crónicas, incluyendo diabetes, enfermedades cardiovasculares y procesos inflamatorios crónicos (8).

Diversos estudios experimentales han evidenciado que extractos ricos en flavonoides obtenidos del maíz poseen propiedades antioxidantes, hipoglucemiantes e hipolidélicas. En modelos animales con diabetes inducida por estreptozotocina, estos compuestos han demostrado reducir los niveles de glucosa sanguínea y mejorar los marcadores de estrés oxidativo, lo que sugiere su potencial aplicación en el desarrollo de alimentos funcionales o nutraceuticos (11).

Asimismo, algunos flavonoides aislados de maíz han demostrado capacidad para inhibir la enzima tirosinasa, la que abre la posibilidad de aplicaciones farmacológicas y cosméticas relacionadas con procesos de pigmentación y envejecimiento celular (13).

2.1 Maysina

Entre los flavonoides característicos del maíz destaca la maysina, una flavona C-glicosilada que se encuentra principalmente en las sedas de la planta. Este compuesto ha sido ampliamente estudiado por su papel en los mecanismos de defensa del maíz contra insectos herbívoros, particularmente contra larvas de lepidópteros. Sin embargo, investigaciones recientes también han explorado su potencial actividad antioxidante y su posible aplicación en el desarrollo de compuestos bioactivos con

propiedades funcionales. La presencia de maysina y otros flavonoides relacionados evidencia la complejidad metabólica del maíz y su potencial como fuente de compuestos de interés (8).

2.2 Polifenoles y antocianinas

Los polifenoles comprenden un grupo de metabolitos secundarios caracterizados por la presencia de anillos aromáticos con grupos hidroxilos, entre los que destacan los ácidos fenólicos (principalmente ácido ferúlico y p-cumárico), flavonoides y antocianinas. En el grano, estos compuestos se encuentran de forma libre, asociados a la pared celular mediante enlaces con polisacáridos estructurales del pericarpio, lo que influye en su biodisponibilidad. La capacidad antioxidante de los polifenoles se relaciona con su estructura química, particularmente en la presencia de grupos fenólicos capaces de donar electrones y neutralizar radicales libres (14).

Las antocianinas constituyen un grupo de pigmentos hidrosolubles perteneciente a la familia de los flavonoides, responsables de las tonalidades rojas, púrpuras y azules, presentes en diversos tejidos vegetales. En el caso del maíz, estos compuestos se encuentran principalmente en el pericarpio y en la capa de aleurona de los granos pigmentados, como los maíces azules y morados ampliamente cultivados en diversas regiones de México (10).

Desde el punto de vista nutricional, las antocianinas han sido ampliamente reconocidas por su elevada actividad antioxidante. Estos compuestos pueden neutralizar radicales libres, reducir estrés oxidativo y modular diversas rutas metabólicas asociadas a procesos inflamatorios. Diversos estudios epidemiológicos y experimentales han sugerido que el consumo regular de alimentos ricos en antocianinas puede contribuir a la reducción del riesgo de diversas enfermedades (15).

2.3 Carotenoides

Los carotenoides son pigmentos liposolubles responsables de las tonalidades amarillas y anaranjadas presentes en varios vegetales, incluyendo el maíz. Entre los carotenoides más comunes identificados en grano

de maíz, donde se encuentran la luteína, la zeaxantina y el β -caroteno, compuestos que desempeñan funciones importantes tanto en la fisiología de la planta como en la nutrición humana (8).

Desde la perspectiva de la salud pública, los carotenoides del maíz han sido asociados con beneficios para la salud ocular, principalmente en la prevención de la generación macular relacionada con la edad. La luteína y la zeaxantina, por ejemplo, actúan como filtros naturales de la luz azul en la retina y contribuyen a la protección de las células oculares frente al daño oxidativo (16).

2.4 Actividad antioxidante y metabolismo

Los compuestos fenólicos presentes en el maíz particularmente ácidos fenólicos, desde el punto de vista bioquímico estos metabolitos secundarios pueden neutralizar especies reactivas de oxígeno (ROS) mediante la donación de electrones o átomos de hidrógeno, contribuyendo a reducir el estrés oxidativo celular. Este mecanismo resulta relevante en la prevención del daño oxidativo en biomoléculas como lípidos, proteínas y ADN, procesos estrechamente asociados como el desarrollo de enfermedades crónicas como la diabetes mellitus tipo 2, enfermedades cardiovasculares y algunos tipos de cáncer (11).

2.5 Nixtamalización y biodisponibilidad de compuestos bioactivos

La nixtamalización constituye uno de los procesos tecnológicos tradicionales más importantes asociados al consumo de maíz de Mesoamérica; este tratamiento alcalino, que implica la cocción del grano en agua de hidróxido de calcio, provoca cambios físicos y químicos significativos en la estructura del grano, modificando la disponibilidad de nutrientes y compuestos bioactivos (17).

Durante la nixtamalización se pueden liberar compuestos fenólicos previamente ligados a la matriz celular del grano, lo que puede incrementar su disponibilidad. Asimismo, el proceso contribuye al aumento del contenido de calcio en el alimento final, mejora la digestibilidad del

almidón y reduce la presencia de algunos compuestos antinutricionales. Sin embargo, algunos metabolitos sensibles al calor pueden sufrir degradación parcial durante el proceso térmico. Por lo tanto, la nixtamalización genera un perfil nutricional complejo que influye directamente en el valor funcional del maíz dentro de la dieta tradicional.

2.6 Prevención de enfermedades crónicas

En el contexto de salud pública, el consumo regular de alimentos ricos en compuestos bioactivos provenientes del maíz ha sido asociado con diversos efectos protectores sobre la salud metabólica. Estudios recientes sugieren que dietas que incorporan maíces pigmentados o productos derivados ricos en polifenoles y carotenoides pueden contribuir a la mejora de parámetros metabólicos como los niveles de glucosa de sangre, el perfil lipídico y la sensibilidad de la insulina. Estos efectos se relacionan con la capacidad de los compuestos fenólicos para modular procesos inflamatorios, mejorar la homeostasis redox y regular enzimas implicadas en el metabolismo de carbohidratos y lípidos (18).

En este sentido, los compuestos bioactivos presentes en maíz, particularmente en variedades nativas pigmentadas, podrían desempeñar un papel importante en estrategias nutricionales orientadas a la prevención de enfermedades crónicas no transmisibles, lo que refuerza la importancia de estudiar y conservar la diversidad de maíces nativos como recurso alimentario y funcional.

3. Conclusiones

El maíz representa más que un alimento básico dentro de la dieta mexicana; constituye un recurso biocultural de enorme importancia que integra dimensiones agrícolas, nutricionales y culturales. La amplia diversidad de maíces nativos presentes en México refleja procesos históricos de domesticación y selección que han dado origen a variedades con características agronómicas, morfológicas y químicas diferenciadas.

La evidencia científica disponible indica que el maíz contiene una amplia variedad de compuestos bioactivos, entre los que destacan fla-

vonoides, antocianinas, carotenoides y compuestos fenólicos, los cuales han demostrado poseer propiedades antioxidantes, antiinflamatorias y metabólicas relevantes en la salud humana. Estos compuestos pueden contribuir potencialmente a la prevención de enfermedades crónicas no transmisibles, que actualmente representan uno de los principales retos de la salud pública en México.

En este sentido, el estudio de compuestos bioactivos presentes en los maíces nativos adquiere una importancia estratégica, ya que permite revalorar el papel de los alimentos tradicionales dentro de los sistemas alimentarios contemporáneos. Asimismo, la conservación de la biodiversidad genética del maíz no solo es fundamental para la seguridad alimentaria, sino también para el aprovechamiento de su potencial nutracéutico y funcional en beneficio de la salud de la población.

4. Referencias

1. Serna-Saldivar SO. Corn: chemistry and technology. 3rd ed. Duxford: Woodhead Publishing; 2019.
2. Colín-Chávez C, Virgen-Ortiz JJ, Serrano-Rubio LE, Martínez-Téllez MA, Astier M. Comparison of nutritional properties and bioactive compounds between industrial and artisan fresh tortillas from maize landraces. *Curr Res Food Sci.* 2020;3:189-94. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2020.05.004>
3. Sánchez-Nuño YA, Zermeno-Ruiz M, Vázquez-Paulino OD, Nuño K, Villarruel-López A. Bioactive compounds from pigmented corn (*Zea mays* L.) and their effect on health. *Biomolecules.* 2024;14(3):338. <https://doi.org/10.3390/biom14030338>
4. García-Cruz L, Vázquez-Carrillo MG, Preciado-Ortiz RE. Flowered grain quality and phytochemical content of non-conventional maize hybrids from the Mexican subtropics across three growing cycles. *Plants.* 2023;12(14):2691. <https://doi.org/10.3390/plants12142691>
5. Magaña-Cerino JM, Tiessen A, Soto-Luna IC, Peniche-Pavía HA, Vargas-Guerrero B, Domínguez-Rosales JA, et al. Consumption of nixtamal from a new variety of hybrid blue maize ameliorates liver oxidative stress and inflammation in a high-fat diet rat model. *J Funct*

- Foods. 2020;72:104075. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2020.104075>
6. Lon Kan Prado EE, Hernández Sampieri R. Efecto nutracéutico de compuestos bioactivos del maíz morado (*Zea mays* L.) utilizados en prevención y tratamiento de enfermedades crónicas degenerativas. *Rev Untels*. 2024;4(1). <https://doi.org/10.52248/eb.Vol4Iss1.117>
 7. Félix-Sámano AL, Félix-Medina JV, Montes-Ávila J, García-Cano I, Quintero-Soto MF, Perales-Sánchez JXK, et al. Nutritional, antioxidant, and phytochemical changes during the production of tortillas using quality protein maize and an alkaline extrusion thermomechanical process. *Plant Foods Hum Nutr*. 2025;80(4):183. <https://doi.org/10.1007/s11130-025-01424-6>
 8. Petroni K, Pilu R, Tonelli C. Anthocyanins in corn: a wealth of genes for human health. *Planta*. 2014;240(5):901-11. <https://doi.org/10.1007/s00425-014-2131-1>
 9. Peniche-Pavía HA, Guzmán TJ, Magaña-Cerino JM, Gurrola-Díaz CM, Tiessen A. Maize flavonoid biosynthesis, regulation, and human health relevance: a review. *Molecules*. 2022;27(16):5166. <https://doi.org/10.3390/molecules27165166>
 10. Salinas-Moreno Y, Santillán-Fernández A, De La Torre IA, Ramírez-Díaz JL, Ledesma-Miramontes A, Martínez-Ortiz MÁ. Physical traits and phenolic compound diversity in maize accessions with blue-purple grain (*Zea mays* L.) of Mexican races. *Agriculture*. 2024;14(4):564. <https://doi.org/10.3390/agriculture14040564>
 11. Zhang Y, Wu L, Ma Z, Cheng J, Liu J. Anti-diabetic, anti-oxidant and anti-hyperlipidemic activities of flavonoids from corn silk on STZ-induced diabetic mice. *Molecules*. 2015;21(1):7. <https://doi.org/10.3390/molecules21010007>
 12. Tian X, Chen L, Sun L, Gong K, Liu K, Guo Y. Omics analysis revealing flavonoid content during maize grain germination. *Metabolites*. 2025;15(2):107. <https://doi.org/10.3390/metabo15020107>
 13. Wang JY, Zhou WY, Huang XX, Song SJ. Flavonoids with antioxidant and tyrosinase inhibitory activity from corn silk (*Stigma maydis*). *Nat Prod Res*. 2023;37(5):835-9. <https://doi.org/10.1080/14786419.2022.2089986>
 14. Cory H, Passarelli S, Szeto J, Tamez M, Mattei J. The role of polyphen-

- nols in human health and food systems: a mini-review. *Front Nutr.* 2018;5:87. <https://doi.org/10.3389/fnut.2018.00087>
15. Khoo HE, Azlan A, Tang ST, Lim SM. Anthocyanidins and anthocyanins: colored pigments as food, pharmaceutical ingredients, and the potential health benefits. *Food Nutr Res.* 2017;61(1):1361779. <https://doi.org/10.1080/16546628.2017.1361779>
 16. Bernstein PS, Li B, Vachali PP, Gorusupudi A, Shyam R, Henriksen BS, et al. Lutein, zeaxanthin, and meso-zeaxanthin: the basic and clinical science underlying carotenoid-based nutritional interventions against ocular disease. *Prog Retin Eye Res.* 2016;50:34-66. <https://doi.org/10.1016/j.preteyeres.2015.10.003>
 17. Hassan SM, Forsido SF, Yetenayet BT, Adugna MB, Ziad A. Effect of nixtamalization on the nutritional, anti-nutritional, functional, physicochemical and mineral properties of maize (*Zea mays*) tortillas. *J Food Chem Nanotechnol.* 2023;9(3). <https://doi.org/10.17756/jfcn.2023-159>
 18. Shahidi F, Yeo J. Bioactivities of phenolics by focusing on suppression of chronic diseases: a review. *Int J Mol Sci.* 2018;19(6):1573. <https://doi.org/10.3390/ijms19061573>

Capítulo 6

Incidencia de hongos del género *Aspergillus* y su impacto a la salud por el consumo de productos contaminados

*Beatriz Guadalupe Villa-Martínez*¹

*Fernando Pérez-Mendoza*²

*Aymara Judith Díaz-Barrita*²

*Marco Antonio Sánchez-Medina*²

Carlos Francisco Varapizuela-Sánchez^{2*}

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004877>



¹ SECIHTI-Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

² Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.
marco.am@oaxaca.tecnm.mx.

Resumen

Los hongos son microorganismos indispensables para la sobrevivencia en la tierra; sin embargo, algunos de ellos pueden provocar incidencias sanitarias debido al consumo directo o indirecto de sus extrolitos o metabolitos secundarios que pueden secretar al exterior de sus células. Un ejemplo de estos son los hongos filamentosos del género *Aspergillus*, pertenecientes a los subgéneros *Circumdati* y *Fumigati*, de las especies *A. flavus*, *A. parasiticus*, *A. ochraceus*, *A. carbonarius*, *A. niger*, *A. tamari*, *A. terreus*, *A. fumigatus*, entre otras; dichos hongos se encuentran distribuidos en todo el mundo, lo que conlleva que puedan crecer en un amplio rango de temperaturas y humedad, y de esta manera producir micotoxinas, las cuales son metabolitos secundarios no esenciales para su crecimiento, pero sí para su defensa, en especial: aflatoxinas, acrotoxinas, patulina, terrina, citrinina, ácido ciclopiazónico, estrigmatosina y gliotoxina; con las cuales pueden contaminar diversos alimentos o cultivos —como arroz, trigo, maíz, frutos secos, nueces, entre otros— en las diferentes etapas de su manipulación, es decir, desde el cultivo hasta el procesamiento del alimento y seguir en la cadena de los productos derivados. Al ser ingeridas, consecuentemente, dependiendo de la cantidad y la frecuencia, pueden provocar diferentes efectos a la salud, muchas de estas provocando daños en órganos vitales, como el hígado o los riñones, o hasta el desarrollo en algún tipo de cáncer o la muerte, tanto en animales como en humanos. Debido al cambio climático, la contaminación de alimentos y, por ende, problemas en la salud de las poblaciones, año con año pueden agravarse.

1. Introducción

Los hongos son microorganismos importantes para la vida humana; su capacidad de desintegración de restos orgánicos para transformarlos en materia y energía es fundamental para las cadenas tróficas y, por ende, la

nutrición de los cultivos, además de que son de gran interés biotecnológico y biosanitario, debido a que producen diferentes tipos de metabolitos. Se conocen más de 600 especies de hongos que están en contacto con el ser humano y alrededor de 50 especies están ampliamente reconocidas y caracterizadas en estudios epidemiológicos (1, 2, 3), entre los cuales se puede encontrar a los hongos filamentosos, nombrados de esta manera por la presencia de micelio (conjunto de filamentos microscópicos, llamadas hifas) continuos o menos alargados y ramificados con paredes celulares definidas, a las cuales pertenecen los hongos del género *Aspergillus* (1).

El nombre *Aspergillus* fue introducido por primera vez por Micheli en 1729 para describir hongos asexuales cuyos conidióforos se asemejaban a un *aspergillus*, un dispositivo utilizado para rociar agua bendita. Posteriormente, en 1768, Von Haller validó el género y en 1832 Fries aprobó el nombre genérico (4).

Las especies de *Aspergillus* se encuentran ampliamente distribuidas en el mundo, su ciclo biológico simple, junto a su gran capacidad para crecer a diferentes temperaturas sobre sustratos con diversos contenidos de humedad conlleva a la alta esporulación y como consecuencia, la generación de concentraciones, esporas en el aire, generalmente, crecen en climas tropicales y subtropicales, así como también en casi todos los sustratos húmedos y pueden producir un gran número de extrolitos, incluyendo metabolitos secundarios, como las micotoxinas, péptidos/proteínas bioactivas, lectinas, enzimas, hidrofobinas y aegerolisinas.

Los extrolitos son compuestos químicos de organismos que se dirigen al exterior y que se secretan o anclan en la pared celular o en la membrana y se acumulan. Actualmente, el género se subdivide en seis subgéneros, 27 secciones y 87 series. Se estima que existen entre 260 y 837 especies de *Aspergillus*; no obstante, solo unas pocas especies se comportan como patógenos oportunistas de animales y humanos. Los subgéneros *Circumdati* y *Fumigati* son los que contienen las especies más importantes por su uso en biotecnología e industria, pues son productoras de proteínas homólogas y heterólogas, y su implicación en temas de alimentación y salud, dado que estos dos últimos rubros se encuentran estrechamente conectados por la producción de las diferentes micotoxinas que generan estas especies, debido a que contaminan suelos (salinos, cultivados, desérticos y de pastoreo) o

productos agrícolas. La contaminación puede ser directa o indirecta, desde las primeras etapas del cultivo hasta el almacenamiento de los granos o semillas o producto final, generando atención mundial a la salud humana y animal (3, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11).

2. Incidencia de *Aspergillus* por la producción de un metabolito secundario: Micotoxinas

Las micotoxinas, normalmente, tienen la función de reforzar las estrategias defensivas de los hongos productores contra otros organismos en su entorno (microbios, plantas y animales). Suelen presentar diversas estructuras químicas, que pueden incluir anillos heterocíclicos simples con pesos moleculares a partir de 50 Da, así como estructuras complejas de anillos de seis a ocho miembros con pesos moleculares totales superiores a 500 Da. Estos compuestos presentan un amplio espectro de configuraciones estructurales, desde las más rudimentarias hasta las más sofisticadas. Se estima que entre el 60 % y el 80 % de los productos agrícolas están contaminados con micotoxinas, y que un 61 % contiene múltiples micotoxinas, entre las que se han identificado aproximadamente entre 300 y 400; sin embargo, las micotoxinas derivadas de *Aspergillus* han atraído la mayor atención en la salud humana, animal y vegetal (3, 12, 13).

Investigaciones en diferentes partes del mundo han cuantificado un incremento de estas toxinas en distintos productos alimenticios, frescos o preparados (listos para comer) en los últimos años a causa del cambio climático. A pesar de los diferentes métodos de conservación o técnicas para mantener el alimento inocuo, estos metabolitos secundarios son resistentes a altas o bajas temperaturas y pueden ser transformados en el metabolismo de los organismos que los ingieran en otros tipos distintos, de mayor o menor toxicidad. Entre las micotoxinas producidas por este género, potencialmente mortales son las aflatoxinas (AF) producidas principalmente por *A. flavus* y *A. parasiticus*; sin embargo, también se ha demostrado que otras cepas pueden sintetizarlas de igual manera, por ejemplo: *A. arachidicola*, *A. bombycis*, *A. korhogoensis*, *A. nomius*, *A. novoparasiticus*, *A. pseudotamarii*, *A. rombellii*, y *A. terreus*; las ocratoxinas (OTA) son producidas por *A. ochraceus*, *A. alliaceus*, *A. carbonarius* y *A. niger*, la patulina (PAT), siendo sus especies productoras

A. clavatus, *A. giganteus*, *A. terreus* y *A. longivesica*; la citrinina (CIT) producida por *A. alabamensis*, *A. carneus*, *A. floccose*, *A. allahabadii*, *A. hortai*, *A. neoindicus*, *A. terreus*, *A. pseudoterreus*, *A. niveus* y *A. flavipes*; el ácido ciclopiazónico (CPA) producido por *A. flavus* y *A. tamari*; la terreína (TR) metabolizada por *Aspergillus* viz., *A. terreus*, *A. lentulus*, *A. novofumigatus*, *A. fischeri* y *A. stellatus*; la esterigmatocistina (ST) sintetizada por *A. flavus* y *A. nidulans*; y la gliotoxina (GT) producida por *A. fumigatus* (Tabla 1)(3).

Aflatoxinas (AF)

Son compuestos químicos orgánicos no proteicos, de bajo peso molecular, son solubles en disolventes polares, pero cuentan con una baja solubilidad en agua, debido a que su estructura principal está conformada por un anillo dihidro-difurano o tetrahidro-difurano unido a una cumarina con un anillo de cinco o seis átomos de carbono. Se conocen más de 20 tipos de aflatoxinas, sin embargo las cepas de *Aspergillus*, normalmente *A. flavus*, generan aflatoxinas de tipo B (AFB₁ y AFB₂), mientras que *A. parasiticus* produce aflatoxinas de tipo B y G (AFB₁, AFB₂, AFG₁ y AFG₂), siendo AFB₂ y la AFG₂ dihidroderivadas de los compuestos AFB₁ y AFG₁, mientras que otras aflatoxinas, como la AFM₁, AFM₂, AFP₁, AFQ₁, AFB_{2a}, AFG_{2a} y el aflatoxicol (AFL), son productos hidroxilados del metabolismo animal o microbiano. AFB₁, AFB₂, AFG₁, AFG₂ y AFM₁ son consideradas carcinógenas del grupo 1 por el Instituto Internacional de Investigación del Cáncer (IARC), siendo AFB₁ y su hidroxilado AFM₁ las más estudiadas por su importancia en la contaminación de diferentes alimentos y por ende problemas de salud. El principal órgano de ataque es el hígado, pero se relacionan de forma similar con otros carcinomas y alteraciones, debido a que diversos estudios han respaldado sus efectos como sustancias mutagénicas, inmunotóxicas y teratogénicas, además de estar relacionadas con trastornos hormonales; en niños, puede generar retraso del crecimiento.

Al daño causado por la aflatoxina se le conoce como aflatoxicosis, la cual puede ser aguda o crónica. La primera se manifiesta como una hepatitis aguda, con la típica coloración amarillenta de la hepatitis, fiebre, depresión, apetito y diarrea. Las dosis ingeridas suelen ser altas en una

sola exposición. La Organización Mundial de la Salud (OMS) sospecha que el consumo de alimentos con concentraciones iguales o superiores a 1 mg/kg de aflatoxina causa aflatoxicosis, mientras que otros estudios afirman que el consumo de 20 a 120 µg/kg/día de AFB₁ durante periodos de 1 a 3 semanas produce este tipo de toxicidad. La aflatoxicosis crónica, es la más peligrosa, debido a que es una exposición prolongada a bajas dosis de aflatoxinas, y puede generar carcinomas, principalmente hepáticos. Los síntomas que se presentan son vómitos, dolor abdominal y hepatitis, que se presentan gradualmente. Según un informe publicado por la IARC, 500 millones de personas en Asia, América Latina y África subsahariana están expuestas a AF en niveles que aumentan sustancialmente la mortalidad y la morbilidad. Diversos estudios han reportado la presencia de AF en productos agrícolas como maíz, trigo, sorgo, cacahuetes, nueces, especias, leche, carne y no solamente en productos frescos sino en sus productos derivados y comidas empaquetadas (14, 15).

Ocratoxina (OT)

Se encuentra entre las micotoxinas más recurrentes en alimentos de la dieta humana y animal. Sin embargo, no es una toxina exclusivamente generada por el género *Aspergillus*, debido a que algunas cepas del género *Penicillium* también las producen. Metabolito secundario perteneciente a la familia de las dihidroisocumarinas: se conocen químicamente tres: ocratoxina A (OTA), ocratoxina B (OTB) y ocratoxina C (OTC); sin embargo, solo la OTA, que en su estructura contiene cloro, se considera tóxica. La IARC clasificó la OTA como carcinógeno humano del Grupo 2B, además de que se considera neurotóxica, hepatotóxica, inmunotóxica, genotóxica, embriotóxica, teratogénica y carcinógena en animales y humanos. La exposición prolongada se ha relacionado con un daño renal significativo, por lo que de igual manera se considera una nefrotoxina.

En el caso de esta micotoxina, las poblaciones pueden estar expuestas a ella por diversas vías como la dieta, el contacto dérmico y la inhalación, detectándose, de igual manera, en fluidos corporales. Debido a su fuerte unión a las macromoléculas séricas humanas, presenta una vida media sérica prolongada que retrasa su eliminación del organismo. Debido a la toxicidad de la OTA, se han observado efectos adversos como

estrés oxidativo, hepatotoxicidad, nefropatía, apoptosis celular, autofagia celular, homeostasis del calcio e inhibición de la síntesis de proteínas, por mencionar algunos. Normalmente, la OTA se produce durante el almacenamiento de los cultivos y es responsable de diversos efectos cianogénicos en animales. Diferentes estudios han encontrado esta toxina en diversos alimentos, como uvas, café, cacao, frutos secos, alimentos infantiles, vino, maíz, arroz, trigo, carne, queso, cerveza, piensos, semillas oleaginosas y aire interior (3, 13).

Patulina (PAT)

Al igual que la ocratoxina, la patulina (PAT) puede ser generada por diferentes especies de los géneros *Penicillium*, *Aspergillus*, *Paecilomyces* y *Byssochlamys*. Es una lactona policétido. Investigaciones han demostrado que la exposición aguda a la PAT provoca diversos efectos adversos, como ulceración, agitación, convulsiones, edema, vómitos y daño al ADN en el cerebro, los riñones y el hígado. Se ha encontrado en diferentes frutas como manzanas, melocotones y albaricoques, además de algunas verduras y productos derivados de estos, como jugos, productos sólidos de manzana y alimentos destinados principalmente a niños y bebés (3, 13).

Citrinina (CIT)

Es producida por diferentes especies de los géneros *Aspergillus* y *Penicillium*. Presenta una estructura similar con la OTA. Se ha identificado como un antibiótico que actúa contra bacterias, bacteriófagos, sarcomas, protozoos y células animales. Es una toxina renal que afecta a aves de corral, animales domésticos y humanos. La CIT participa en la etiología de la nefropatía endémica y también es genotóxica, embriocida y fetotóxica, aunque su mecanismo molecular de toxicidad no se desconoce por completo. Se ha observado que, una vez consumida, la CIT funciona sinérgicamente con la OTA para atenuar la actividad de la síntesis de ARN en el tejido renal y causar trastornos renales como resultado del desarrollo de aductos de ADN con un aumento en la formación del aducto C-C8dG-OTA, por lo que esto puede generar carcinogénesis en humanos (3).

Ácido ciclopiazónico (CPA)

Es un ácido indol tetramérico. Su ingestión a menudo puede causar mareos y náuseas; dependiendo de las dosis, causa intoxicación y envenenamiento. Estudios en animales han visto efectos adversos en el hígado, los riñones, el corazón y el tracto digestivo, junto con cambios degenerativos, necrosis y acumulación en el músculo. La intoxicación en ganado se caracteriza por signos de deficiencia de fuerza muscular, marcha forzada y trastornos depresivos; generalmente se recupera después de unos días, pero en ocasiones la intoxicación por CPA es mortal. La CPA también es cancerígena para los humanos. La presencia de CPA en alimentos coexiste con las AFs; los alimentos normalmente contaminados son cacahuets, maíz, mijo Kodo, semillas de girasol, arroz, queso y alimento para aves de corral y codornices. Los humanos están expuestos a esta toxina a través de la ingestión de productos lácteos como queso, leche, huevos y carne, que presentan efectos tóxicos. La leche contaminada provoca pérdida de peso, necrosis y vísceras, convulsiones y muerte (3, 15).

Terreína (Ter)

Metabolito secundario tóxico de varias especies de *Aspergillus*. La Ter A tiene varios efectos, incluyendo propiedades antiinflamatorias y antioxidantes, antiproliferativas y blanqueadoras de la piel. La terreína ha demostrado inhibición de la angiogénesis en la línea celular dependiente de andrógenos (LNCaP-CR) del cáncer de próstata (3).

Esterigmatocistina (STC)

La esterigmatocistina (STC) es un metabolito tóxico perteneciente a los policétidos fúngicos, precursor de la AFB₁, y una de las toxinas cancerígenas más importantes. La contaminación por STC se produce en diversos cultivos y se detecta con frecuencia en cereales, granos de café verde, especias y productos lácteos. Además, los productos agrícolas contaminados con estos hongos contienen concentraciones elevadas

de STC. La infestación por *A. flavus* y *A. parasiticus* es responsable de trazas de STC, que se convierten en AF. La estructura de la STC está estrechamente relacionada con la AFB₁, pero su potencia letal es de aproximadamente una décima parte (1/10) de la de AFB₁. Presenta numerosos efectos tóxicos, como actividad inmunomoduladora, mutagénesis, daños cromosómicos, citotoxicidad, inhibición del ciclo celular, estrés oxidativo en el hígado de pollos, daño al ADN en el hígado humano y especies reactivas de oxígeno (ROS) que provocan peroxidación lipídica. No existe una regulación sobre el límite máximo permitido de STC en la cadena alimentaria. Además, se ha informado de contaminación que se ha reportado en el arroz STC a nivel mundial (3).

Gliotoxina (GT)

Producidas por especies de *A. fumigatus*, *Eurotium chevalieri*, *Trichoderma* y *Penicillium*. Pertenece a una clase de dipéptidos cíclicos de metabolitos fúngicos azufrados llamados *epipolitiiodioxopiperazina* (ETP), sustancia altamente inmunosupresora con efectos genotóxicos, citotóxicos y apoptóticos. La exposición a productos agrícolas mohosos contaminados con *A. fumigatus* se ha asociado con trastornos neurológicos en trabajadores agrícolas, lo que subraya los riesgos para la salud ocupacional asociados con este hongo. La GT presenta diversas reacciones adversas, como genotoxicidad, inmunosupresión, apoptosis y citotoxicidad. Esta toxina también ha demostrado efectos genotóxicos intensos, daño al ADN e inhibición del desarrollo de linfocitos humanos (3).

3. Tablas

Tabla 1. Cepas productoras de diferentes micotoxinas.

	AF	OTA	PAT	CIT	CPA	TR	ST	GT
<i>A. alabamensis</i>				x				
<i>A. allahabadii</i>				x				
<i>A. alliaceus</i>		x						
<i>A. arachidicola</i>	x							
<i>A. bombycis</i>	x							
<i>A. carneus</i>				x				

	AF	OTA	PAT	CIT	CPA	TR	ST	GT
<i>A. carbonarius</i>		x						
<i>A. clavatus</i>			x					
<i>A. fischeri</i>						x		
<i>A. flavipesare</i>				x				
<i>A. flavus</i>	x				x		x	
<i>A. floccose</i>				x				
<i>A. fumigatus</i>								x
<i>A. giganteus</i>			x					
<i>A. hortai</i>				x				
<i>A. korhogoensis</i>	x							
<i>A. lentulus</i>						x		
<i>A. neoindicus</i>				x				
<i>A. nidulans</i>							x	
<i>A. niger</i>		x						
<i>A. niveus</i>				x				
<i>A. nomius</i>	x							
<i>A. novofumigatus</i>						x		
<i>A. longivesica</i>			x					
<i>A. ochraceus</i>		x						
<i>A. parasiticus</i>	x							
<i>A. pseudotamarii</i>	x							
<i>A. pseudoterrus</i>				x				
<i>A. rombellii</i>								
<i>A. stellatus</i>						x		
<i>A. tamari</i>					x			
<i>A. terreus</i>	x		x	x		x		

4. Referencias

1. Nikolaeva Zvezdanova ME. Identificación de hongos filamentosos y levaduras de interés [doctoral thesis]. Madrid: Universidad Complutense de Madrid; 2022.

2. Villalba Villalba AG. Conociendo a los hongos microscópicos. *Nuestra Tierra*. 2021;18(25):3-5.
3. Navale V, Vamkudoth KR, Ajmera S, Dhuri V. *Aspergillus* derived mycotoxins in food and environment: prevalence, detection, and toxicity. *Toxicol Rep*. 2021;8:1008-30.
4. Tsang CC, Tang JYM, Lau SKP, Woo PCY. Taxonomy and evolution of *Aspergillus*, *Penicillium* and *Talaromyces* in the omics era—past, present and future. *Comput Struct Biotechnol J*. 2018;16:197-210.
5. Salazar CL, Rua AL. Características morfológicas microscópicas de especies de *Aspergillus* asociadas a infecciones en humanos. *Hechos Microbiol*. 2012;3(2):93-6.
6. Awuchi CG, Ondari EN, Nwozo S, Odongo GA, Eseoghene IJ, Twinomuhwezi H, et al. Mycotoxins' toxicological mechanisms involving humans, livestock and their associated health concerns: a review. *Toxins*. 2022;14(3):167.
7. Piontelli LE. Aportes morfotaxonomicos en el género *Aspergillus* Link: claves para las especies ambientales y clínicas más comunes. *Bol Micol*. 2008;23:49-66.
8. Frisvad JC, Larsen TO. Chemodiversity in the genus *Aspergillus*. *Appl Microbiol Biotechnol*. 2015;99(19):7859-77.
9. Frisvad JC, Hubka V, Ezekiel CN, Hong A, Chen AJ, Arzanlou M, et al. Taxonomy of *Aspergillus* section *Flavi* and their production of aflatoxins, ochratoxins and other mycotoxins. *Stud Mycol*. 2019;93:1-63.
10. Cardoza Ipanaque JA. Especies de *Aspergillus* de cepas aisladas del aire de la ciudad de Piura-Perú entre julio y octubre del 2017 [undergraduate thesis]. Piura: Universidad Nacional de Piura; 2019.
11. Carrillo L. Los hongos de los forrajes. Salta: Universidad Nacional de Salta; 2003.
12. Pokoo-Aikins A, McDonough CM, Mitchell TR, Hawkins JA, Adams LF, Read QD, et al. Mycotoxin contamination and the nutritional content of corn targeted for animal feed. *Poult Sci*. 2024;103(12).
13. Xue M, Qu Z, Moretti A, Logrieco AF, Chu H, Zhang Q, et al. *Aspergillus* mycotoxins: the major food contaminants. *Adv Sci*. 2025;12(9):1-24.
14. Villa-Martínez BG, Pérez-Cruz C, Pérez-Santiago AD, Matías-Pérez

- D, Sánchez-Medina MA, García-Montalvo IA. Aflatoxins: latent danger in the daily diet. *J Food Saf Food Qual*. 2021;72(4):112-21.
15. Mamo FT, Abate BA, Zheng Y, Nie C, He M, Liu Y. Distribution of *Aspergillus* fungi and recent aflatoxin reports, health risks, and advances in developments of biological mitigation strategies in China. *Toxins*. 2021;13(10):1-31.

Micodiversidad sustentable: Bioprospección de hongos silvestres para la soberanía alimentaria y el desarrollo de nutracéuticos

Yesenia Aragón-López¹

Balería María Hernández-Chávez¹

Alma Dolores Pérez-Santiago¹

Ricardo Valenzuela-Garza²

María del Socorro Pina Canseco³

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004884>



¹ División de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Oaxaca. Avenida Ing. Víctor Bravo Ahuja No. 125 Esquina Calzada Tecnológico, C. P. 68030, Oaxaca de Juárez, Oaxaca, Oaxaca, México.

² Instituto Politécnico Nacional (IPN), Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Departamento de Botánica, Laboratorio de Micología, Plan de Ayala y Carpio s/n, Col. Santo Tomás, C.P. 11340, Alcaldía Miguel Hidalgo, Ciudad de México, CDMX, México.

³ Centro de investigación Facultad de Medicina UNAM-UABJO, Facultad de Medicina y Cirugía, Universidad Autónoma “Benito Juárez” de Oaxaca, 68020, México.

Resumen

Los hongos silvestres son una fuente excepcional de proteína, vitamina D2, vitamina C y complejo B, incluyendo riboflavina (B2), niacina (B3) y folatos (B9). Su riqueza en minerales como potasio, fósforo, selenio, cobre y zinc, sumada a su alto contenido de fibra dietética, los convierte en un alimento altamente digerible. Actualmente, en México se registran 425 especies de hongos comestibles que, recolectadas durante la temporada de lluvias por comunidades rurales, forman parte de una invaluable herencia biocultural y patrimonio de las culturas indígenas. En la búsqueda constante de alimentos saludables, nutritivos y sostenibles, la industria alimentaria ha sido revolucionada por productos a base de estas especies, tales como harinas, sopas, yogur, setas frescas o deshidratadas y sustitutos de carne con textura similar. Estos derivados destacan como alimentos nutraceuticos gracias a su perfil nutricional y propiedades medicinales (antioxidantes, antitumorales, antifúngicas y antibacterianas) atribuidas a sus compuestos bioactivos. De esta manera, se obtienen productos con mayor valor agregado que responden a la salud pública y fortalecen la soberanía alimentaria regional. El objetivo central de la micodiversidad sustentable es el diseño de estrategias que garanticen el aprovechamiento tradicional mediante la organización, capacitación y asesoramiento técnico para el aislamiento y producción sostenible de estas especies. Este enfoque impulsa la economía local al aprovechar la vasta biodiversidad fúngica para ofrecer sabores, colores y texturas únicas. Así, se promueve una micogastronomía con profundo valor cultural y económico, fomentando la diversidad culinaria y el turismo local bajo un modelo de producción responsable con el medio ambiente, capaz de reciclar materia orgánica, descomponer contaminantes y capturar carbono de manera eficiente para el planeta.

1. Introducción

Ante la creciente demanda en la búsqueda de alternativas de alimentos saludables, nutritivos y con valor agregado, las especies fúngicas comestibles registradas han emergido como un recurso estratégico, ya que ofrecen un aporte nutricional y perfil bioactivo, ya que son ricas en vitaminas del complejo B, minerales esenciales y proteínas de alta digestibilidad, lo que ha permitido buscar alternativas de ingesta, además del consumo directo. Su valor agregado radica principalmente en sus propiedades medicinales, lo que ha generado un gran impulso en el diseño de productos nutracéuticos como alimentos funcionales capaces de prevenir y combatir enfermedades crónico-degenerativas mediante compuestos como los beta-glucanos y diversos antioxidantes naturales.

Este aprovechamiento no sería posible sin la integración del conocimiento local y tradicional que ha facilitado la recolección de manera responsable, garantizando la regeneración de las especies y proporcionando beneficios económicos a comunidades rurales. El conocimiento ecológico tradicional de sus recursos naturales ha impulsado el desarrollo de estrategias que promueven la conservación de sus ecosistemas forestales, mitigando la degradación ambiental derivada del uso de suelo y reduciendo la huella ecológica. Estas prácticas demuestran ser una herramienta científica que trabaja de manera informal pero rigurosa. Bajo este enfoque, se fortalece la soberanía alimentaria con el aprovechamiento de recursos fúngicos nativos. Asimismo, se busca la aplicación de biotecnología orientada a la producción y domesticación de cepas de especies nativas para la obtención de subproductos con alto valor comercial, tales como harinas enriquecidas, sustitutos de carne, extractos estandarizados y biomasa para suplementos.

Los avances tecnológicos, lejos de desplazar los conocimientos y saberes ancestrales, buscan potenciarlos mediante la tecnificación de cultivos que respetan los ciclos naturales. Este modelo integral garantiza siempre el respeto al conocimiento tradicional y salvaguarda el patrimonio biocultural de las regiones, posicionando a la micología aplicada como un pilar fundamental de la bioeconomía moderna. La investigación actual se ha enfocado en la domesticación de especies; actualmente, los

hongos más cultivados a nivel mundial son las setas ostra (*Pleurotus*), el shiitake (*Lentinula edodes*) y variedades de *Agaricus*. Estos han demostrado tener una alta rentabilidad y rapidez, así como sostenibilidad y bajo impacto ambiental, debido a que utilizan residuos agroindustriales, reciclan materia orgánica, descomponen contaminantes y capturan carbono. El desarrollo de la micología aplicada representa un puente fundamental entre la innovación científica y la regeneración ecosistémica, permitiendo transformar pasivos ambientales en recursos de alto valor nutricional y económico.

2. Aprovechamiento funcional: Bioprospección de compuestos promotores de la salud

2.1 Integración biocultural: El vínculo entre comunidad y biodiversidad

Existe una profunda integración entre la biodiversidad fúngica y la diversidad cultural. Este vínculo se manifiesta en el conocimiento ecológico local sobre el manejo de recursos heredados generacionalmente, lo cual previene la pérdida de saberes tradicionales y la extinción de hongos nativos. Este sistema simbólico abarca festividades, prácticas culturales, gastronomía y medicina ancestral con propiedades antitumorales, antiinflamatorias, enzimáticas, antioxidantes, analgésicas, antibacterianas, antimicrobianas, antimutagénicas, antifúngicas, anticancerígenas. Dado que la UNESCO advierte que el 40 % de las lenguas indígenas están en peligro de extinción por falta de nuevos hablantes (1), resulta imperativo documentar los saberes relacionados con el uso y aprovechamiento de los hongos silvestres. Bajo esta premisa, se han desarrollado trabajos etnomicológicos enfocados en la recolección e identificación de especies para profundizar en el conocimiento de estos recursos.

La diversidad lingüística de México es un pilar fundamental para la etnomicología, ya que cada lengua resguarda una cosmovisión única sobre el entorno natural. De acuerdo con el INALI, en el país se reconocen oficialmente 69 lenguas nacionales: el español y 68 lenguas indígenas (2). Esta riqueza cultural se refleja en diversos estudios de caso; por ejemplo,

Ruan-Soto et al. (2021) registraron en los Altos de Chiapas y la Selva Lacandona 231 taxones de interés cultural para grupos mayenses y mestizos, abarcando especies de ascomicetos y basidiomicetos (3). En el mismo sentido, la investigación con el pueblo chinanteco documentó 36 especies de uso alimentario, medicinal y lúdico, rescatando 27 fitónimos en lengua originaria (4). Finalmente, evidenciaron esta relación biocultural en Chiapas, donde las comunidades de Antelá y Tziscoa conservan nomenclaturas específicas en tojolabal y chuj para identificar sus recursos fúngicos (5). Estos hallazgos convergen con numerosas investigaciones realizadas en otros países sobre los saberes micológicos tradicionales, donde también son una prioridad para la conservación del patrimonio cultural y biológico.

a. Potencial nutracéutico y propiedades bioactivas

La amplia biodiversidad de los macrohongos ha propiciado su consumo global gracias a sus excelentes cualidades organolépticas, a pesar de que su recolección silvestre suele estar limitada a la temporada de lluvias. Asimismo, el conocimiento ancestral sobre su aprovechamiento medicinal ha impulsado avances científicos fundamentados en compuestos bioactivos —como terpenos, flavonoides y alcaloides— con propiedades antitumorales, antioxidantes y neuroprotectoras. Estos efectos se deben a elementos específicos: los β -glucanos actúan como inmunomoduladores; los compuestos fenólicos funcionan como antioxidantes; los terpenoides aportan actividad antiinflamatoria; y la fibra dietética contribuye a la salud digestiva y al control metabólico. Debido a esta sinergia entre beneficios medicinales y valor culinario, los hongos comestibles norteamericanos son considerados alimentos funcionales de alto valor (6).

En una revisión de 82 artículos científicos sobre las propiedades funcionales de los macrohongos, se clasificaron diversas especies según su potencial terapéutico, destacando por su recurrencia los géneros *Agaricus* (específicamente *A. bisporus* y *A. blazei*), *Ganoderma* (*G. lucidum*) y *Lentinula* (*L. edodes*). Como se detalla en las Tablas 1, 2 y 3, el género *Agaricus* posee la mayor representación en la producción global, y la sistematización de su información nutracéutica resulta fundamental para su integración en la micogastronomía (7). Además de estas especies co-

merciales, existen diversos hongos silvestres nativos de Norteamérica con notables propiedades medicinales; por ejemplo, especímenes de *Albatrellus flettii* recolectados en California han mostrado una fuerte actividad contra bacterias grampositivas como *B. cereus* y *Enterococcus faecalis* (8). Asimismo, en ejemplares de *Fomitopsis pinicola* provenientes de Oregón, se han aislado moléculas antibacterianas que incluyen triterpenoides de lanostano y esteroides de ergostano (9). En conjunto, estas especies son valoradas por combinar un sólido potencial bioactivo con el respaldo del conocimiento tradicional en la búsqueda de preservar la salud.

Ciertas especies fúngicas poseen propiedades inmunoterapéuticas debido a que actúan como moduladores naturales, capaces de fortalecer el sistema inmunitario del huésped mediante la activación de células dendríticas, células T, células NK, macrófagos y citocinas. En este contexto, un análisis de 29 especies nativas de América del Norte exploró su actividad inmunoestimulante, de las cuales 20 mostraron resultados positivos. Entre estas especies destacan: *Agaricus augustus*, *Fomes fomentarius*, *Guepinia helvelloides*, *Gyromitra esculenta*, *Hericium coralloides*, *Hydnum repandum*, *Hydnellum* sp., *Hygrophoropsis aurantiaca*, *Hypholoma fasciculare*, *Inocybe* sp., *Lae-tiporus conifericola* y *Piptoporus betulinus* (6). Estos hallazgos refuerzan la importancia de los macrohongos nativos como una fuente subexplorada de agentes terapéuticos de gran potencial para la medicina moderna.

b. Innovación alimentaria: De hongos silvestres a productos nutraceuticos

La innovación alimentaria basada en recursos fúngicos nativos no solo se enfoca en la salud del consumidor, sino también en el desarrollo de productos nutraceuticos que aportan valor agregado y responden a las exigencias del mercado. Estos avances abarcan diversas presentaciones, tales como polvos, deshidratados, conservas y sustitutos cárnicos. Un ejemplo destacado es *P. ostreatus*, utilizado para desarrollar carne vegana mediante impresión 3D y yogures que incrementan la viabilidad de bacterias probióticas, además de mejorar sus propiedades reológicas (10, 11). Asimismo, la mezcla de especies como *P. ostreatus* y *A. bisporus* se ha empleado en la elaboración de fideos que logran reducir la glucemia posprandial (12). Por otra parte, el uso de *Trametes*, *Coriolus versicolor*

y *L. edodes* en la producción de kombucha permite una fermentación acelerada, aportando un potencial inmunomodulador y efectos protectores contra patógenos (13). La elaboración de estas bebidas genera beneficios a la salud al mejorar las propiedades organolépticas, el valor nutricional y el contenido de compuestos bioactivos.

Los subproductos a base de hongos no se derivan exclusivamente de los cuerpos fructíferos; la biotecnología moderna ha impulsado su producción mediante el uso de micelio cultivado bajo estrictos estándares de higiene y control de calidad. Entre los productos destacados provenientes de biomasa micelial se encuentra la carne de micoproteína de *P. eryngii*, la cual presenta mayor dureza, masticabilidad y capacidad de retención de agua, además de un perfil nutricional superior y mejor aceptación sensorial que los productos comerciales (14). Asimismo, se han desarrollado hamburguesas vegetales con micelio de *P. ostreatus*, logrando reducir el amargor y el sabor a soja, modificando el aroma mediante actividad enzimática y mejorando la percepción sensorial general (15). De este modo, la micotecnología se consolida como una alternativa saludable y sostenible.

3. Conclusión

Los recursos fúngicos representan una alternativa clave para la producción de alimentos funcionales. Mediante la integración de técnicas sofisticadas de biotecnología moderna y saberes ancestrales, se fortalece el uso de la medicina tradicional en la elaboración de productos nutraceuticos, empleando herramientas de la micotecnología y la micogastronomía. El aprovechamiento integral de estos recursos constituye un pilar estratégico para la bioeconomía; la bioprospección de especies nativas demuestra que el reino Fungi no es solo una fuente de nutrición básica, sino una reserva crítica de compuestos bioactivos con propiedades medicinales de alto valor agregado.

En este contexto, la micotecnología no interactúa de manera aislada, sino que converge con los conocimientos locales y la nomenclatura indígena para impulsar la tecnificación de especies. Esta sinergia fomenta la soberanía alimentaria en comunidades rurales y permite la transición de la recolección silvestre hacia la domesticación controlada. Finalmente, el desarrollo de subproductos innovadores —como sustitutos de carne

y extractos estandarizados— consolida a la micología aplicada como una herramienta científica y social capaz de responder a las demandas globales de salud, sostenibilidad y conservación.

4. Referencias

1. UNESCO. Decenio Internacional de las Lenguas Indígenas 2022-2032 [Internet]. Paris: UNESCO; 2022 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://www.unesco.org/es/articles/la-unesco-celebra-el-decenio-internacional-de-las-lenguas-indigenas>
2. Secretaría de Cultura. México es uno de los países con mayor diversidad lingüística en el mundo [Internet]. Ciudad de México: Gobierno de México; 2019 Feb 21 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://www.gob.mx/cultura/prensa/mexico-es-uno-de-los-paises-con-mayor-diversidad-linguistica-en-el-mundo>
3. Ruan-Soto F, Cifuentes J, Pérez-Ramírez L, Ordaz-Velázquez M, Caballero J. Hongos macroscópicos de interés cultural en los Altos de Chiapas y la selva Lacandona, México. *Rev Mex Biodiv*. 2021;92:e923525. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2021.92.3525>
4. López-García A, Pérez-Moreno J, Jiménez-Ruiz M, Ojeda-Trejo E, Delgadillo-Martínez J, Hernández-Santiago F. Conocimiento tradicional de hongos de importancia biocultural en siete comunidades de la región chinanteca del estado de Oaxaca, México. *Sci Fungorum*. 2020;50:e1280. <https://doi.org/10.33885/sf.2020.50.1280>
5. Ramírez-Terrazo A, Montoya A, Kong A. Conocimiento micológico tradicional en dos comunidades aledañas al Parque Nacional Lagunas de Montebello, Chiapas, México. *Sci Fungorum*. 2021;51:e1321. <https://doi.org/10.33885/sf.2021.51.1321>
6. Zeb M, Lee CH. Medicinal properties and bioactive compounds from wild mushrooms native to North America. *Molecules*. 2021;26(2):251. <https://doi.org/10.3390/molecules26020251>
7. Fernández P, Haza AI, Morales P. Propiedades funcionales de hongos comestibles. *Agro Sur*. 2020;48(1):11-24. <https://doi.org/10.4206/agrosur.2020.v48n1-02>

8. Liu XT, Winkler AL, Schwan WR, Volk TJ, Rott MA, Monte A. Antibacterial compounds from mushrooms I: a lanostane-type triterpene and prenylphenol derivatives from *Jahnoporus hirtus* and *Albatrellus flettii* and their activities against *Bacillus cereus* and *Enterococcus faecalis*. *Planta Med.* 2010;76(2):182-5. <https://doi.org/10.1055/s-0029-1186001>
9. Liu XT, Winkler AL, Schwan WR, Volk TJ, Rott M, Monte A. Antibacterial compounds from mushrooms II: lanostane triterpenoids and an ergostane steroid with activity against *Bacillus cereus* isolated from *Fomitopsis pinicola*. *Planta Med.* 2010;76(5):464-6. <https://doi.org/10.1055/s-0029-1186227>
10. Demircan E, Aydar EF, Mertdinc Z, Kasapoglu KN, Ozcelik B. 3D printable vegan plant-based meat analogue: fortification with three different mushrooms, investigation of printability, and characterization. *Food Res Int.* 2023;173:113259. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2023.113259>
11. Vital ACP, Goto PA, Hanai LN, Gomes-da-Costa SM, Filho BAA, Nakamura CV, et al. Microbiological, functional and rheological properties of low fat yogurt supplemented with *Pleurotus ostreatus* aqueous extract. *LWT Food Sci Technol.* 2015;64(2):1028-35. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2015.07.003>
12. Wang L, et al. Edible mushrooms dietary fibre and antioxidants: effects on glycaemic load manipulation and their correlations pre- and post-simulated in vitro digestion. *Food Chem.* 2021;351:129320. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.129320>
13. Sknepnek A, Tomić S, Miletić D, Lević S, Čolić M, Nedović V, et al. Fermentation characteristics of novel *Coriolus versicolor* and *Lentinus edodes* kombucha beverages and immunomodulatory potential of their polysaccharide extracts. *Food Chem.* 2021;342:128344. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.128344>
14. Nian L, Zhou K, Li Q, Hu X, Su X, Yan X, et al. La incorporación de proteína de levadura mejora las propiedades texturales de un análogo de carne fúngica del micelio de *Pleurotus eryngii*. *Innov Food Sci Emerg Technol.* 2026;107:104322. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2025.104322>

15. Zhang Z, Zang M, Chen J, Zhang K, Wang S, Li D, et al. Efecto del micelio de las setas ostra en las propiedades físicas y de sabor de un análogo de carne de origen vegetal. LWT. 2024;198:116029. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2024.116029>

Tabla 1. Hongos del género *Agaricus* con propiedades medicinales (7)

Especie	Compuesto Bioactivo /Extracto	Mecanismo de acción
<i>Agaricus bisporus</i>	Derivados acuosos	Frena el crecimiento de la línea celular MCF-7
	Extractos varios	Bloquea la expansión de células de leucemia HL-60 mediante la activación de la muerte celular programada (apoptosis).
	Proteína sensible al calor	Resguarda las células Raji de linfoma ante el estrés oxidativo provocado por al H2O2 (in vitro).
	Lectina	Reducción de la proliferación y la contracción de la red de colágeno en fibroblastos humanos in vitro.
	α -glucano	El consumo de zumo de fruta enriquecida con 5 g de glucanos al día disminuye la producción de TNF- α en un 69 %.
<i>Agaricus sylvaticus</i>	No detallado	Optimiza indicadores sanguíneos e inmunes, además de disminuir la glucosa en sangre (in vivo)
<i>Agaricus blazei</i>	Extracto acuoso	Mitiga el daño genético hepático causado por dietilnitrosamina en modelos de animales (ratas Wistar macho (in vivo).
	Agaritina	Obstaculiza el desarrollo de diversas líneas celulares de leucemia (U937, MOLT4, HL60, K562)
	Blazeína	Provoca cambios estructurales en la cromatina que conduce a la muerte de células cancerígenas (LU99 , KATOIII)
	β -glucano	Ofrece protección contra alteraciones de ADN por benzo[a] pireno.
	Extracto (No detallado)	Potencia la respuesta de las células “Natural Killer” (NK) y atenúa las reacciones adversas del tratamiento en la quimioterapia.
	Andosan	Tras 12 días de uso, se observó una reducción de citoquinas plasmáticas en pacientes con colitis ulcerosa.

Tabla 2. Hongos del género *Ganoderma* con propiedades medicinales (7).

Especie	Compuesto Bioactivo /Extracto	Mecanismo de acción
<i>Ganoderma lucidum</i>	Polisacaropéptido	Disminuye el daño celular oxidativo causado por células cancerígenas que estimulan la vía ERK-1/2, que frena la expresión de c-fos y bloquea los factores de transcripción AP-1 y NF-kB.
	Extracto (No detallado)	Muerte celular programada (apoptosis) en adenocarcinoma colónico humano (HT-29) in vivo, mediada por el incremento en la actividad de caspasa-3
	Triterpenoides	Ejerce control sobre la proliferación celular mediante la activación de procesos de muerte celular programada (apoptosis).
	Extracto de etanol	Una dosis diaria actúa como inhibidor de la 5-alfa-reductasa (in vivo).
<i>Ganoderma lucidum</i>	Extracto (No detallado)	Induce la apoptosis y reduce la proliferación de la línea celular humana PC-3 mediante la regulación de las cascadas de señalización intracelular MAPK/Akt
	Lucialdehydes A-C	Presenta toxicidad selectiva contra líneas celulares de cáncer (carcinoma de pulmón de Lewis, T-47D, Sarcoma 180, líneas-A de células tumorales Meth) (in vivo).
	Polisacáridos	Compuesto activo que acelera la reparación de la mucosa gástrica en ratas con úlcera por ácido acético.
	Polisacáridos Triterpenoides	Favorece la recuperación gástrica y potencian enzimas antioxidantes clave como la catalasa y la superóxido dismutasa.
	Triterpenoides	Muestra la capacidad de frenar la proteasa en el VIH-I, abriendo una vía de estudio relevante para terapias contra el SIDA.
	Ganopoly	Evaluación in vivo de la actividad antiviral, hipoglucemiante y hepatoprotectora frente a la hepatitis B crónica.

Tabla 3. Hongos DEL género *Lentinula* con propiedades medicinales (7).

Especie	Compuesto Bioactivo /Extracto	Mecanismo de acción
<i>Lentinula edodes</i>	β-glucano y el lentinano	Potencian la respuesta de las defensas del organismo (sistema inmunitario).
	Lentinano	Ayuda a incrementar la tasa de vida en estudios con organismos vivos.
	Extracto (No detallado)	Frena el crecimiento de células cancerígenas e induce su muerte programada en casos de carcinoma de piel.
	Polisacárido	Eleva la protección antioxidante y bajan los niveles de sustancias inflamatorias (IL-2 y TNF-α) en casos de úlceras de boca.
	Polifenoles (ácido protocatecuico y p-hidroxibenzoico)	Actúa como escudo contra el daño causado por estrés oxidativo.
	Estatinas	Bloquea la enzima HMG-coA reductasa, dificultando la creación de colesterol.
	Eritadenina	Favorece que los tejidos absorban el colesterol y evita que este pase al flujo sanguíneo.
	Proteína ligadas a a polisacáridos A-PBP y L-PBP)	Ayudan a regular el peso corporal y reduce las grasas en sangre al limitar la absorción del colesterol.
	β-glucanos (Específicamente lentinano)	Combate microbios en la boca, deteniendo el desarrollo de bacterias y eliminando la placa bacteriana ya existente.

Capítulo 8

Bases fisicoquímicas del transporte de humedad en madera y su implicación en la sostenibilidad de materiales lignocelulósicos en Oaxaca

Emilio Hernández-Bautista¹

Manolo Luis González-Jiménez¹

María de Jesús Gil-Gallegos¹

Gildardo Oswaldo García-Montalvo²

Evelyn Abigail Cruz-López³

DOI: <https://doi.org/10.61728/AE26004891>



¹ Departamento de Ingeniería Química y Bioquímica, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México.

² Departamento de Ingeniería Industrial, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México

³ División de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México/ Instituto Tecnológico de Oaxaca, Oaxaca, México

Resumen

La humedad relativa (HR) en muchos estudios de procesos de secado no se considera una variable principal. Sin embargo, está directamente relacionada con la concentración de vapor en la cámara de secado, en la superficie del material y, en menor medida, en el dominio del material al final del proceso, dentro del régimen higroscópico. Dado que la principal fuerza impulsora del flujo de masa es la diferencia de concentración de vapor entre los alrededores (HR) y la superficie del material, la HR juega un papel importante al relacionar el límite con las condiciones del entorno. El objetivo de este trabajo es analizar el transporte de vapor de agua relacionado con la humedad relativa del medio poroso, la frontera y la cámara de secado durante el proceso de secado por debajo de los 100 °C. En este capítulo se realiza un análisis de las ecuaciones que describen el transporte de vapor relacionadas con la humedad relativa, en el dominio, la frontera y los alrededores (cámara de secado). Tomando como ejemplo un dominio de madera de pino con la condición de secado convectivo. En este dominio se calcula la concentración de vapor en un sistema multiescala a diferentes temperaturas.

1. Introducción

El entendimiento de medios porosos es un factor principal para su aprovechamiento y transformación. Los medios porosos como agro-materiales, entre los que se encuentran la madera y alimentos, son materiales que requieren la eliminación de agua para tener una mayor estabilidad dimensional y evitar el crecimiento microbiano (1).

El secado convectivo es un proceso en el cual se elimina el agua del medio. Los principales parámetros que afectan al secado son la temperatura, la velocidad del aire y la HR de la cámara (2). El proceso de transferencia de masa durante el secado se da principalmente en la

interfaz, donde la principal fuerza motriz es la concentración de agua en la superficie del material y la concentración de agua en la cámara de secado, la cual está ligada principalmente con la HR del medio.

La HR es la razón entre la presión de vapor en el medio y la presión de vapor de saturación a una temperatura determinada. La presión de vapor en el medio a una determinada temperatura solo puede alcanzar un valor máximo, que es la presión de vapor de saturación. Por lo que la HR solo podrá alcanzar valores entre 0 y 1 o, en porcentajes, valores de HR de 0 a 100 %. La HR no representa la concentración masa de humedad en el medio, por lo que esta no debe confundirse con el porcentaje de humedad, que es una razón en valores masa de humedad en el ambiente y humedad máxima en el ambiente que puede alcanzarse a esa temperatura (3). Los valores de humedad porcentual están relacionados con la masa y la HR está relacionada con las presiones parciales (4).

A partir del análisis de Zhang et al. (2021) (5) aplicado a experimentos de secado convectivo de frutas y vegetales, y basado en varios trabajos (6, 7), se concluye que durante el secado de materiales hay dos principales efectos de la HR en el secado. El primero es que incrementar la HR manteniendo la temperatura constante intensifica los procesos de transferencia de calor, mientras que disminuir la HR intensifica los procesos de transferencia de masa. Además, controlar la HR ayuda a evitar procesos de endurecimiento superficial y promover el desarrollo de conectividad porosa.

En el proceso de secado al vacío, la HR en los alrededores tiene una influencia muy importante, ya que, al tener un medio completamente sellado, la HR incrementa en la cámara de secado debido al flux másico eliminado del material; la humedad que sale del material se integra a los alrededores, incrementando la presión de vapor y al mismo tiempo la HR (8). Por lo que en este proceso es importante el control de la presión en la cámara (alrededores).

El control de la humedad en materiales lignocelulósicos como la madera tiene implicaciones directas en la salud pública, ya que condiciones inadecuadas de humedad favorecen el crecimiento de microorganismos (hongos y bacterias), afectando la calidad del aire interior y la durabilidad de viviendas en regiones como Oaxaca.

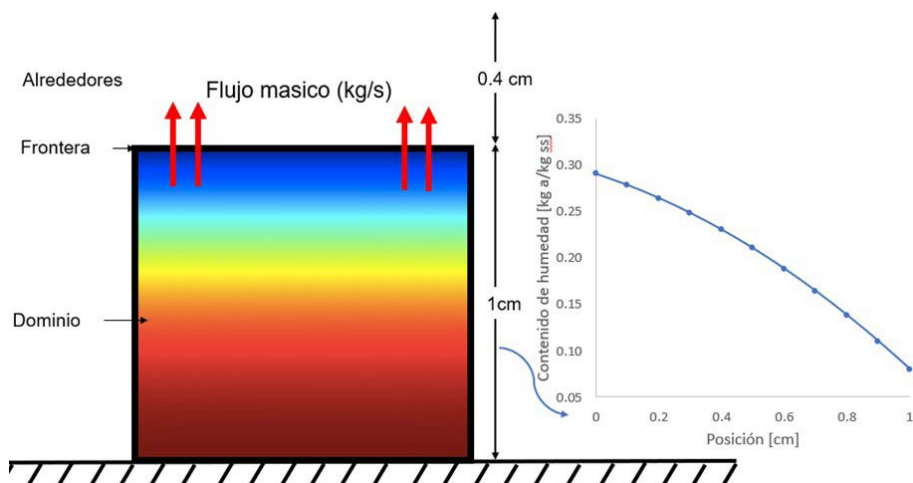
2. Objetivos

El objetivo de este capítulo es analizar el transporte de humedad del medio poroso (madera) hasta la cámara de secado. Se busca cómo expresar la concentración de vapor en el medio poroso para calcular la HR del medio, la frontera y la cámara de secado en función de variables primarias como contenido de humedad y temperatura, que usualmente se miden en procesos convectivos y del secado al vacío. Con la finalidad de tener un conjunto de ecuaciones propuestas que nos ayuden a entender el efecto de la HR en procesos de secado.

3. Materiales y métodos

En las ecuaciones de transporte de masa de tipo continuo, podemos dividir al sistema en dominio, fronteras y alrededores, en donde las fronteras las podemos relacionar con el dominio a través de las condiciones de la cámara de secado (alrededores). Como ejemplo para demostrar los mecanismos relevantes relacionados con la HR, partiremos de un sistema que cuenta con los elementos mencionados anteriormente.

Considerando que el sistema ya se encuentra en la región higroscópica. La Figura 1 muestra el medio poroso sometido a condiciones de secado convectivo. Las propiedades de este dominio representan a madera de pino, ya que es un material conocido, se muestra el dominio, las fronteras y las condiciones de la cámara de secado. Además, se muestra un perfil espacial de humedad en el interior del dominio que varía en dirección vertical. La frontera superior tiene un contenido de humedad menor que la inferior (9-10). Por lo cual, se supone un transporte de masa unidireccional. Las flechas presentan la dirección del flujo másico por unidad de área.

Figura 1. Medio poroso sometido a condiciones de secado y su perfil de secado.

Al tener menor contenido de humedad en las fronteras (contenido de humedad menor de 0.1), el flujo másico por unidad de área se desplaza de una zona de alta concentración a una zona de baja concentración, o de la parte inferior a la superior en la Figura 1. Al inicio del secado, la concentración de humedad en el dominio es homogénea. En este momento, la frontera, al estar en contacto con los alrededores, disminuye su concentración de vapor y se va formando el perfil de humedad en el dominio. Para poder describir este proceso en el medio poroso con ecuaciones de transporte como la ley de Fick o la ley de Darcy, se requiere saber cómo se calculan los valores de concentración de vapor en todo el sistema. También se requiere conocer cómo se relacionan las variables principales: temperatura, contenido de humedad y velocidad de aire con la HR, con el fin de describir correctamente la física del secado y saber cuáles son las variables más importantes en el proceso de secado que afectan la velocidad de transferencia de masa, su magnitud e importancia.

3.1 Humedad relativa en la cámara de secado

El aire de secado es una mezcla de aire seco y vapor de agua. Para describir esta mezcla en la cámara en función de sus concentraciones o presiones parciales, es necesario utilizar la ley de Dalton, que nos dice que la suma de las presiones parciales es igual a la presión total. Además, es necesario tener mediciones de la HR, así como de la presión total de la cámara de secado, que por lo regular es la presión atmosférica.

$$P_T = P_v + P_{\text{air}} \quad (1)$$

La ecuación 1 nos muestra la ley de Dalton, en donde conocemos la presión total del sistema, que es usualmente 1 atm, pero desconocemos la presión del aire seco y la presión de vapor en la cámara, sin embargo, esta última la podemos calcular utilizando la presión de vapor de saturación a la temperatura de secado. Esta la podemos conocer utilizando la ecuación de Antoine o también usando la relación de Dupré (4).

$$P_{v \text{ sat}} = 10^{A - \frac{B}{T+C}} \quad (2)$$

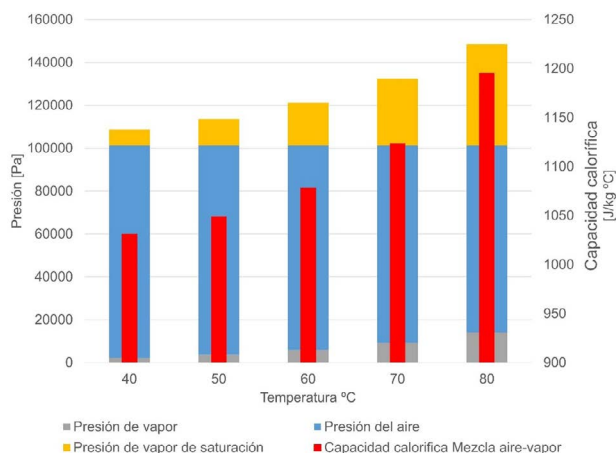
La ecuación 2 nos muestra la ecuación de Antoine, que nos predice la presión de vapor de saturación en función de la temperatura. La ecuación 2 nos dice que el logaritmo de presión de vapor de saturación es igual a una relación entre las constantes A, B, C y es inversamente proporcional a la temperatura. Las constantes para el caso del agua tienen los siguientes valores: $A = 8.0713$, $B = 1730.63$ y $C = 233.426$. Usando estos valores, la temperatura se sustituirá en grados centígrados y la presión de vapor saturado se obtiene en mmHg.

Sin embargo, como el sistema no está completamente saturado, multiplicaremos la presión de vapor de saturación por la actividad de agua (Ecuación 3) en la cámara de secado. Y utilizando la ecuación 1 podremos despejar la presión de aire seco y tener esta parte del sistema completamente caracterizada.

$$P_v = a_w \cdot P_{v \text{ sat}} \quad (3)$$

La Figura 2 muestra la presión de vapor ubicada en la parte baja de las barras en color gris y la presión de aire seco en la parte del centro en color azul en la cámara de secado; juntas suman 1 atm (101.325 kPa), que sería la presión total del sistema. Sin embargo, en la parte de arriba, en color amarillo, se añade el cálculo de la presión de vapor de saturación con el fin de compararla con la presión de vapor (gris). Además, se muestra la capacidad calorífica o calor húmedo de las muestras a diferentes temperaturas como una barra completa en color rojo.

Figura 2. Presión parcial en los alrededores a diferentes temperaturas.



Para calcular la presión de vapor en los alrededores, se propone un valor de HR en la cámara de secado de 30 %. Se muestra que, a medida que se incrementa la temperatura, el aire tiene más capacidad de almacenar humedad. Sin embargo, la cantidad de humedad en el aire también es función de la HR, si se compara la parte gris del fondo de las barras con la parte amarilla de arriba de las barras, que es HR al 100 %, o presión de vapor de saturación. Podemos ver que esta incrementa demasiado con la temperatura. En procesos de secado necesitamos que este valor sea más pequeño, ya que

el flux de humedad que sale del medio poroso es función de la diferencia de concentraciones en la superficie y el medio. Matemáticamente, sería lo que hay que tomar en cuenta; sin embargo, hay otros factores como el endurecimiento del material, el encostramiento o agrietamiento, que son factores propios del material (11), con los cuales se decide el valor de HR que es conveniente utilizar en la cámara de secado (12).

Usando la ley de gases ideales, se puede obtener la concentración de aire seco en la cámara y la concentración masa de vapor; esta última es muy importante debido a que en la frontera del material a usar podremos usar esta concentración en una fórmula análoga a la ley de Newton del enfriamiento, para poder obtener la condición frontera. Si se trabaja a temperatura constante en la cámara, podemos usar siempre esta concentración, pero si se trabaja con ciclos, se puede ver la variación de la concentración en función del ciclo de temperatura.

$$C_i = \frac{P_i \cdot M_{w_i}}{R \cdot T} \quad (4)$$

Donde i = vapor, aire seco, R es la constante de gases ideales 8314.46 [m³Pa/kgmol K], M_w es el peso molecular de la especie i , agua 18 [kg/kgmol] y T es la temperatura absoluta [K].

Por otra parte, si analizamos el calor húmedo en una mezcla de aire y vapor de agua, esta es la cantidad de calor requerido para elevar la temperatura de un kilogramo de aire seco más el vapor de agua presente en 1 K o 1 °C. Las capacidades caloríficas del aire y el vapor de agua se pueden suponer constantes en el intervalo normal de temperaturas e iguales a 1.005 kJ/kg aire seco·K y 1.88 kJ/kg de vapor de agua. K, respectivamente.

$$C_s = 1.005 + 1.88H \quad (5)$$

En la ecuación 5, H es el contenido de humedad del sistema en kg de agua sobre kg de aire seco. La Figura 2 muestra que, al incrementar la temperatura, manteniendo la HR constante, se incrementa la capacidad

calorífica del sistema. La humedad del sistema está relacionada con la HR; al incrementar la humedad del sistema, se incrementa la capacidad calorífica, mejorando los procesos de transferencia de energía mencionados por Zhang (2021) (5).

3.2 Humedad relativa en la interfaz

La condición frontera más común en muchos procesos de secado convectivo y del secado al vacío es la analogía de la ley de Newton del enfriamiento para transferencia de masa (13). La ecuación número 6 nos dice que el flujo másico es proporcional a un coeficiente de transferencia independiente de la concentración, multiplicado por la diferencia de concentración en la superficie del material menos la del ambiente. Esto para el caso del secado, ya que la ley de Newton no contempla la dirección; debemos ubicar primero la concentración más alta, que sería la de la superficie del material, y después la concentración más baja, que será la de la cámara.

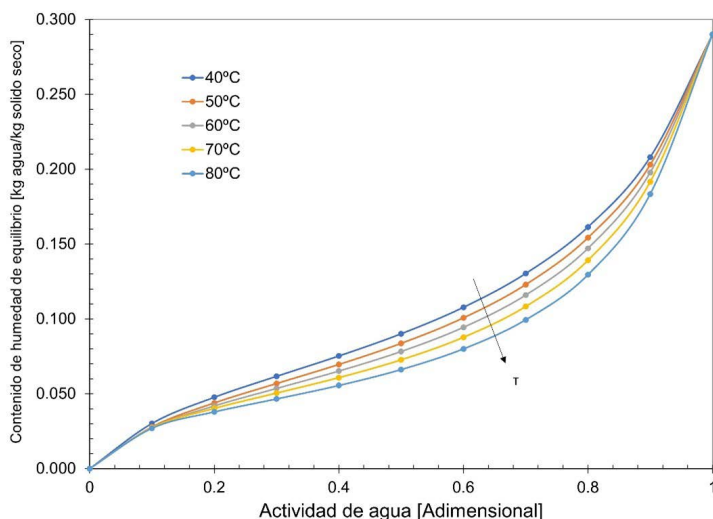
$$J_A^* = h_m(C_s - C_{amb}) \quad (6)$$

Donde C_{amb} es la concentración en la cámara; esta es calculada utilizando el procedimiento visto en la sección anterior. Para calcular la presión de vapor en la superficie del material y después convertirla a concentración C_s con la ecuación (4), es necesario el cálculo de la actividad de agua. Esta se calcula utilizando los valores de contenido de humedad (Figura 1), que los obtenemos con la ecuación de conservación de masa; esta ecuación se verá más adelante. El valor de contenido de humedad en la frontera varía en función de la temperatura y el tiempo; al principio será el mismo que en todo el dominio y, a medida que avanza el tiempo, se formará el perfil que se muestra en la Figura 1.

Otra condición necesaria para poder calcular la concentración en la superficie es suponer que la superficie del material llega muy rápido al equilibrio (2), por lo que podemos usar las isotermas de sorción para calcular la actividad de agua en la superficie del material y multiplicarla por la presión de vapor de saturación (ecuación 3). En la Figura 3 se

muestran isothermas de sorción de *Pinus pseudostrobus*, modeladas con la ecuación de GAB a diferentes temperaturas con la Ecuación 7. Se puede observar que, a medida que el contenido de humedad disminuye en la superficie, también lo hace la HR; así mismo, este fenómeno se ve ampliado con el aumento de temperatura.

Figura 3. Isothermas de sorción calculadas con la Ecuación 7.



$$w_{eq}(T, a_w) = \frac{x_m \cdot C \cdot K \cdot a_w}{(1 - K \cdot a_w)(1 + C \cdot K \cdot a_w - K \cdot a_w)} \quad (7)$$

Los parámetros C , x_m y K son propios del material y varían con la temperatura.

Una vez que se obtiene la HR a la temperatura y contenido de humedad de la superficie. Esta se multiplica por la presión de vapor de saturación (Ecuación 2). A la temperatura de la superficie. Obteniendo la presión de vapor y convirtiéndola a concentración con la Ecuación 4.

El coeficiente h_m de la Ecuación 6, coeficiente de transferencia de masa, se puede calcular utilizando el número de Sherwood y Lewis, dependiendo de las condiciones de secado, temperatura y velocidad del

aire. La variación de este coeficiente con la HR no es tomada en cuenta en ninguna de las relaciones empíricas. El coeficiente de transferencia de masa h_m (m/s) es calculado para la condición frontera; en la interfaz del sólido-gas; mediante la semejanza de los números adimensionales; donde el número de Prandtl es reemplazado por el número de Schmidt (Sc) y el número de Nusselt por el número de Sherwood (Sh).

$$Sc = \frac{\nu}{D_{AB}} \quad \text{y} \quad Sh = \frac{h_m \cdot L_c}{D_{AB}} \quad (8-9)$$

D_{AB} = Coeficiente de difusión del vapor de agua en el aire (m^2/s)

ν = Viscosidad cinemática del aire a una temperatura dada (m^2/s)

Para determinar el número de Sherwood (Ecuación 10) se utilizó la siguiente ecuación para flujo por convección forzada y para una geometría de placa plana con flujo laminar.

$$Sh = 0.664 \cdot Re^{1/2} \cdot Sc^{1/3} \quad 0.6 < Sc \leq 50 \quad (10)$$

Para determinar el Coeficiente de difusión del vapor de agua en el aire a diferentes temperaturas se utilizó la correlación empírica (Ecuación 11) propuesta por Marrero y Mason (1972) (14).

$$D_{\text{vapor water-air}} = 1.8 \times 10^{-10} \frac{T^{2.072}}{P} \quad 280 \text{ K} < T \leq 450 \text{ K} \quad (11)$$

Donde T es la temperatura absoluta y P es la presión total del sistema.

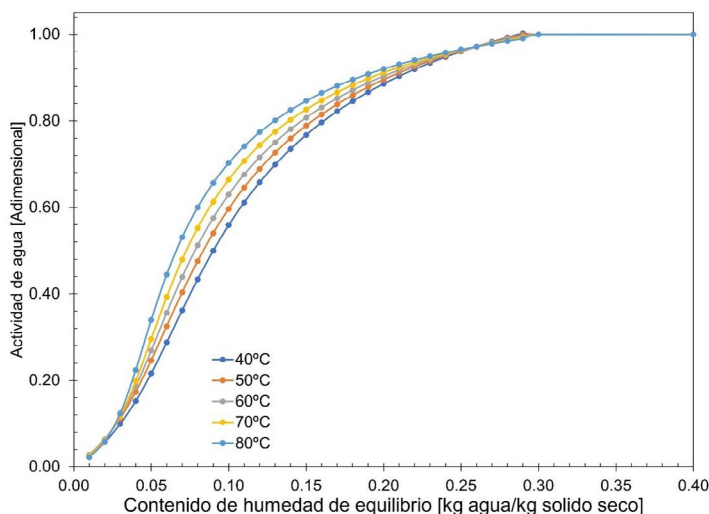
3.3 Humedad relativa en el dominio del material

La humedad en el dominio del medio poroso puede ser clasificada como agua libre, vapor de agua y agua ligada. Al principio, el agua libre estará dentro de los poros y será la primera en eliminarse durante el proceso de secado. Mientras los poros contengan agua en estado líquido (libre),

la presión de vapor en el dominio es igual a la presión de saturación, pues la actividad de agua será igual a 1 (Ecuación 3). En ese punto, la HR es del 100 % en los poros, dado que el sistema es una mezcla vapor de agua-aire y agua líquida. Esta última mantiene la saturación en los poros al 100 %. Una vez que el agua líquida se eliminó por completo, cuando se llega a un punto de humedad irreductible o, para la madera, punto de saturación de la fibra (15). Este punto es mostrado en la Figura 3, cuando la actividad de agua es 1; ahí solo queda agua ligada adherida a las paredes celulares y vapor de agua, la cual tiene como fuente de agua para mantenerse el agua ligada, por lo que están relacionados con la Ecuación 3.

El punto de saturación de la fibra para la madera de pino está aproximadamente a un valor de contenido de humedad de 0.28 kg de agua/kg de sólido seco. Este es el punto en donde contienen aún una cantidad de agua libre (saturación mayor a 0) y, por lo tanto, la actividad de agua aún se mantiene con un valor de 1. Debajo de este punto, la HR en los poros comienza a disminuir a diferente rapidez, que depende de la temperatura, como se muestra en la Figura 4. Estos valores son obtenidos utilizando la Ecuación 6, y despejando la actividad de agua de tal manera que se obtiene una función de $a_w(T, CHE)$. La isoterma de GAB, al ser una ecuación cuadrática, tiene dos raíces; por lo tanto, solo una de estas modela la actividad de agua en función de temperatura y contenido de humedad. Como se muestra en la Ecuación 12.

$$a_w(w_{eq}, T) = \frac{\sqrt{C} \cdot \sqrt{C \cdot w_{eq}^2 - 2(C-2) \cdot x_m \cdot w_{eq} + C \cdot x_m^2} + (C-2) \cdot w_{eq} - C \cdot x_m}{2(C-1) \cdot K \cdot w_{eq}} \quad (12)$$

Figura 4. Isotermas de sorción calculadas con la ecuación 6.

En la Figura 4, se observa que, a contenidos de humedad por encima de 0.28, la presión de vapor calculada con la Ecuación 3 es la presión de vapor de saturación. Y esta comenzará a disminuir debajo de este valor. La actividad de agua en los poros en un proceso de secado no disminuye hasta un valor de 0. Esta tiende a equilibrarse con el valor de actividad de agua de los alrededores. Esto sucede en la Ecuación 6, donde la concentración de vapor en la superficie llegará a un punto donde será igual a la concentración de vapor en la cámara y, por lo tanto, el flux másico tiende a 0; por lo tanto, no hay transferencia de masa entre el dominio y los alrededores; es ahí donde se equilibran las concentraciones.

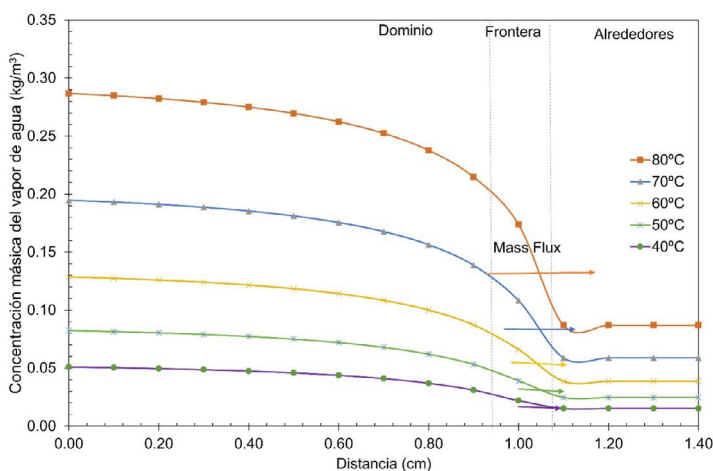
4. Resultados y discusiones

Se utilizaron las ecuaciones anteriores, así como un perfil de humedad que se muestra en la Figura 1 y una HR del 30 % en la cámara, para calcular la concentración del vapor en el dominio madera (0-0.90 cm), frontera (1 cm) y alrededores (1.1-1.4 cm). La presión de vapor de saturación se calculó usando la ecuación de Antoine (Ecuación 2) primero a la temperatura de 80 °C, considerando un sistema isotérmico. La actividad de

agua se obtuvo usando la isoterma de GAB despejada (ecuación 12) para el dominio y la frontera y se fijó una humedad relativa del 30 % para los alrededores. La presión de vapor se obtiene con la ecuación de Raoult (Ecuación 3) y esta presión parcial se convierte a concentración con la Ecuación 4. Estos cálculos se repitieron para las demás temperaturas.

En la Figura 5, se muestran concentraciones de vapor en procesos isotérmicos, se muestra que al incrementar la temperatura hay un incremento en la concentración de vapor, principalmente en el dominio. En las secciones con mayor contenido de humedad hay mayor incremento en la presión de vapor por la disponibilidad de agua ligada, como es el caso de la parte inferior que se muestra en la Figura 1. Sin embargo, a medida que nos acercamos a la superficie esta tiende a disminuir hasta llegar a la frontera.

Figura 5. Perfil de concentración de vapor en el dominio frontera y alrededores a diferentes temperaturas de secado.



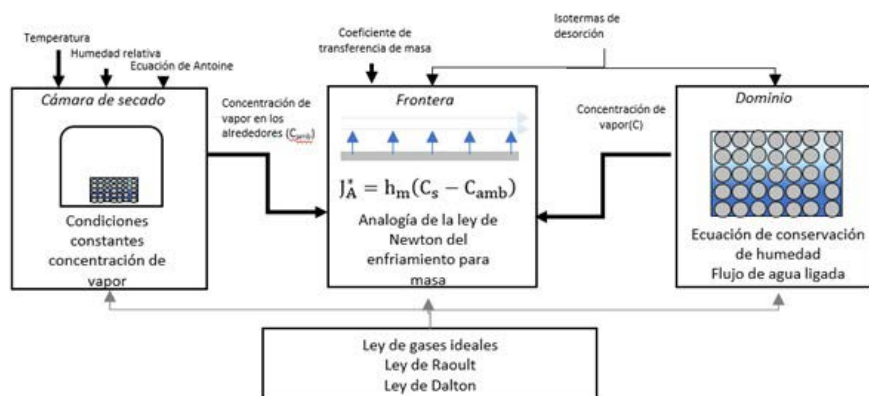
En la frontera, la variación de la concentración de vapor depende también del contenido de humedad en ese punto. Es necesario decir que dicho perfil se obtiene directamente de la ecuación de conservación de humedad en el dominio del material; esta utiliza como condición frontera la Ecuación 6. Por lo que el cálculo de la concentración de vapor en la superficie es necesario para obtener el perfil de distribución de humedad. Por lo regular, la analogía para la ley de Newton del enfriamiento se aplica para los puntos 1 y 1.1.

En la Figura 5 se muestra que en la frontera la diferencia entre las concentraciones de vapor en los puntos 1 y 1.1 tiende a disminuir con la disminución de la temperatura; esto también hace que disminuya la cantidad de flux másico en la frontera. Otro parámetro que también se toma en cuenta en el flux másico es el coeficiente de transferencia de masa; este depende directamente del número de Schmidt, que es proporcional directamente a la velocidad del aire y de manera indirecta a través del Reynolds. Además, es inversamente proporcional de manera indirecta a la temperatura a través del coeficiente de difusividad aire-vapor de agua.

Por lo que, incrementar la temperatura aumenta la diferencia de concentraciones, pero incrementar la velocidad aumenta el coeficiente de transferencia de masa en la superficie y este tiene menor impacto en el flux másico.

Por último, la concentración de vapor en los alrededores incrementa con el aumento de temperatura, pero tiene un mayor impacto el incremento en la HR del medio en la concentración de vapor. Sin embargo, para favorecer el secado, es importante disminuir las concentraciones en los alrededores, tomando en cuenta también los efectos de un flux másico grande en la superficie que puede llegar a causar alteraciones. En la Figura 6 se muestra la dependencia de estas variables mencionadas.

Figura 6. Relación entre el contenido de humedad y la humedad relativa (actividad de agua).



5. Conclusiones

Se mostraron las expresiones que describen la concentración de vapor en la cámara, la frontera y el dominio del medio poroso. Que están basados en la ley de Dalton, la ecuación de Clausius-Clapeyron y la ley de Raoult, y muestran la relación de las mezclas aire-vapor en los procesos de secado.

Se muestra que la temperatura tiene un efecto grande en el flux másico en la frontera, de incremento en la diferencia de concentraciones y en la disminución del coeficiente de transferencia de calor, pero al final domina la diferencia de concentraciones en el flux másico. La HR no es tomada en cuenta en las relaciones empíricas de los coeficientes de transferencia de masa, debido a que en muchos estudios el efecto es considerado como despreciable.

Por otra parte, la HR en los alrededores solo depende de la temperatura en la cámara de secado. La cual puede aumentar con respecto a la temperatura, pero también depende de la disponibilidad de agua en el ambiente.

6. Referencias

1. Younsi R, Kocaefe D, Poncsak S, Kocaefe Y. Computational modelling of heat and mass transfer during the high-temperature heat treatment of wood. *Appl Therm Eng.* 2007;27(8-9):1424-31. <https://doi.org/10.1016/j.applthermaleng.2006.10.025>
2. Sadoth ST. Mathematical modeling of the conventional drying of wood. *Madera Bosques.* 2009;15(1):75-89. <https://doi.org/10.21829/myb.2009.1511198>
3. McCormick PY, Mujumdar AS. Drying. In: *Kirk-Othmer Encyclopedia of Chemical Technology.* Hoboken (NJ): John Wiley & Sons, Inc.; 2004. p. 195-226. <https://doi.org/10.1002/0471238961.0418250913030315.a01.pub2>
4. Jannot Y. Humid air. *Lect Notes Phys.* 2022;994:1-17. https://doi.org/10.1007/978-3-030-90442-5_1
5. Zhang WP, Yang XH, Mujumdar AS, Ju HY, Xiao HW. The influence mechanism and control strategy of relative humidity on hot air drying of fruits and vegetables: a review. *Dry Technol.* 2021;39(15):1733-50. <https://doi.org/10.1080/07373937.2021.1943669>

6. Sabudin S, Hakimi Remlee MZ, Mohideen Batcha MF. Effect of relative humidity on drying kinetics of agricultural products. *Appl Mech Mater.* 2014;699:257-62. <https://doi.org/10.4028/www.scientific.net/AMM.699.257>
7. Darici S, Şen S. Experimental investigation of convective drying kinetics of kiwi under different conditions. *Heat Mass Transfer.* 2015;51(8):1167-76. <https://doi.org/10.1007/s00231-014-1487-x>
8. Xiao H, Cai YC. Factors affecting relative humidity during wood vacuum drying. *J For Res.* 2009;20(2):165-7. <https://doi.org/10.1007/s11676-009-0029-8>
9. Whitaker S. Simultaneous heat, mass, and momentum transfer in porous media: a theory of drying. *Adv Heat Transf.* 1977;13:119-203. [https://doi.org/10.1016/S0065-2717\(08\)70223-5](https://doi.org/10.1016/S0065-2717(08)70223-5)
10. Crank J. *The mathematics of diffusion.* Oxford: Oxford University Press; 1979.
11. Shahari N, Hibberd S. Mathematical modelling of shrinkage effect during drying of food. In: 2012 IEEE Colloquium on Humanities, Science and Engineering (CHUSER). Piscataway (NJ): IEEE; 2012. p. 249-54. <https://doi.org/10.1109/CHUSER.2012.6504319>
12. Gulati T, Datta AK. Mechanistic understanding of case-hardening and texture development during drying of food materials. *J Food Eng.* 2015;166:119-38. <https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2015.05.031>
13. Krabbenhoft K, Damkilde L. A model for non-Fickian moisture transfer in wood. *Mater Struct.* 2004;37(273):615-22. <https://doi.org/10.1617/14036>
14. Marrero TR, Mason EA. Gaseous diffusion coefficients. *J Phys Chem Ref Data.* 1972;1(1):3-118.
15. Babiak M, Kúdela J. A contribution to the definition of the fiber saturation point. *Wood Sci Technol.* 1995;29(3):217-26. <https://doi.org/10.1007/BF00204589>

*Bases bioquímicas de la salud pública y su rol en la sostenibilidad regional de
Oaxaca.*

*Se terminó de imprimir en agosto de 2026
en los talleres gráficos de Astra Ediciones
Av. Acueducto 829, Colonia Santa Margarita, C. P. 45140,
Zapopan, Jalisco*

E-mail: edicion@astraeditorial.com.mx

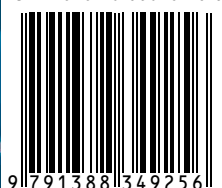
www.astraeditorialshop.com

*Impresión digital con interiores en papel bond 75g.
portada en cartulina sulfatada 12 pts.
El tiraje consta de 100 ejemplares*

Este libro, "**Bases bioquímicas de la salud pública y su rol en la sostenibilidad regional de Oaxaca**", es un compendio que subsana esta carencia de conocimiento de forma crítica y rigurosa. El texto propone a la bioquímica como una disciplina que analiza la información para caracterizar, diagnosticar y mitigar los problemas del desarrollo de la humanidad y su efecto sobre el medio ambiente a escala regional.

A través de ocho capítulos que van desde toxicología ambiental y la genómica poblacional hasta la bioprospección y la modelación computacional, este ejemplar se ofrece como un medio de conocimiento científico orientado al desarrollo de estrategias basadas en evidencia.

ISBN: 979-13-88349-25-6



9 791388 134925 6



Consulta y descarga



TECNOLÓGICO
NACIONAL DE MÉXICO



astra
editorial