



Simposio: Física de Sistemas Biológicos

Procesos Estocásticos y Sistemas Complejos

Libro de Resúmenes

Programa Académico y Compendio de Ponencias

Comité Organizador

Dr. Leonardo Dagdug Lima
Dr. Inti Pineda Calderón
M. en C. Jason Peña
M. en C. David Hernandez-Leon
M. en C. Pedro J. Salgado
Fis. Frida Yamehl Martínez Monroy
M. en C. Carlos Sánchez

Octubre, 2026

Índice

Cerebros líquidos, hormigas y cómputo emergente. — Dr. Octavio Miramontes	3
Termodinámica Irreversible de Sistemas Biofísicos Pequeños — Dr. Iván Santamaría Hólek	4
Procesos de búsqueda aleatoria basados en síntesis y degradación. — Dr. Denis Boyer	4
Ley extendida de estados correspondientes: orígenes, retos y aplicaciones a materiales auto-ensamblantes. — Dr. Ramón Castañeda	4
Tensión superficial a partir de la curvatura local de gotas: una alternativa no iterativa basada en diferencias finitas — Dr. Juan Escobar	5
Diffusion of Core-shell particles in complex fluids. — Dr. Rolando Castillo	5
Modelado generativo de scRNA-seq mediante mezclas Binomiales Negativas sobre conteos y geometría latente de Hellinger. — M. en C. Carlos Sanchez	6
Procesos de búsqueda estocástica de partículas coloidales en baños markovianos y no-markovianos. — Dr. Ruben Gomez-Solano	6
Pinzas ópticas, una alternativa para el estudio de sistemas estocásticos. — Dr. José Hernández Pozos	7
Pinzas ópticas, una alternativa para el estudio de sistemas estocásticos. — M. en C. Aurea Sánchez	7
La Competencia entre el Plegamiento Nativo y la Autoagregación Amiloide — Dr. Edgar Vázquez Contreras	8
Eventos tempranos en el ensamblaje de complejos Cre-ADN: transiciones orden-desorden. — Dra. Nina Pastor	8
Caracterización de variantes del sistema Cre-loxP con actividad alterada — Dr. Antonio Ramírez	8
El rol de las glucoproteínas en el ensamblaje del virus de Chikungunya. — Dr. Mauricio Comas	9
Controlling self-assembly across scales — M. en C. Jason Peña	9
Determinación atomística de la rigidez de flexión de la cápside del VPH-16 — M. en C. David Hernandez-Leon	10
¿Qué determina la forma de un virus? Elasticidad y cinética en el autoensamblado de cápsides. — Dr. Carlos Mendoza	10
Estudios del uso de hidrogeles de polímeros naturales para la formación de andamios para aplicaciones de medicina regenerativa: mejora de la cicatrización de heridas mediante su nanofuncionalización — Dr. José Campos	11
De la geometría de la materia a la epidemiología: Procesos estocásticos y estadística en la interpretación de datos biológicos complejos — Dr. Atahualpa Kraemer	11
Trayectorias de diferenciación celular usando formalismos de tipo Fokker-Planck en la biología de células individuales — Dr. Enrique Hernández Lemus	12

Programa General

A continuación se detalla el orden de las ponencias para el día lunes:

Horario	Título de la Ponencia	Ponente
10:00 — 10:30	Inauguración	Dr. J. Morales & Dr. R. Olayo
10:30 — 11:00	Cerebros líquidos, hormigas y cómputo emergente.	Dr. Octavio Miramontes
11:00 — 11:30	Termodinámica Irreversible de Sistemas Biofísicos Pequeños	Dr. Ivan Santamaria
11:30 — 12:00	Receso y Café	—
12:00 — 12:30	Procesos de búsqueda aleatoria basados en síntesis y degradación.	Dr. Denis Boyer
12:30 — 13:00	Ley extendida de estados correspondientes: orígenes, retos y aplicaciones a materiales auto-ensamblantes.	Dr. Ramón Castañeda
13:00 — 13:30	Tensión superficial a partir de la curvatura local de gotas: una alternativa no iterativa basada en diferencias finitas	Dr. Juan Escobar
13:30 — 14:00	Diffusion of Core-shell particles in complex fluids.	Dr. Rolando Castillo
14:00 — 16:00	Espacio de Comida	—
16:00 — 16:30	Modelado generativo de scRNA-seq mediante mezclas Binomiales Negativas sobre conteos y geometría latente de Hellinger.	M. en C. Carlos Sanchez
16:30 — 17:00	Procesos de búsqueda estocástica de partículas coloidales en baños markovianos y no-markovianos.	Dr. Rubén Gomez
17:00 — 17:30	Pinzas ópticas, una alternativa para el estudio de sistemas estocásticos.	Dr. José Hernández
17:30 — 18:00	Pinzas ópticas aplicadas a sistemas biológicos: Caracterización mecánica de glóbulos rojos en pacientes con diabetes.	M. en C. Aurea Sánchez

A continuación se detalla el orden de las ponencias para el día martes:

Horario	Título de la Ponencia	Ponente
10:00 — 10:30	Modelado generativo de scRNA-seq mediante mezclas Binomiales Negativas sobre conteos y geometría latente de Hellinger	Dr. Edgar Vázquez
10:30 — 11:00	Eventos tempranos en el ensamblaje de complejos Cre-ADN: transiciones orden-desorden.	Dra. Nina Pastor
11:00 — 11:30	Caracterización de variantes del sistema Cre-loxP con actividad alterada	Dr. Antonio Martínez
11:30 — 12:00	Receso y Café	—
12:00 — 12:30	El rol de las glucoproteínas en el ensamblaje del virus de Chikungunya.	Dr. Mauricio Comas
12:30 — 13:00	Controlling self-assembly across scales	M. en C. Jason Peña
13:00 — 13:30	Determinación atomística de la rigidez de flexión en la cápside del VPH-16	M. en C. David Hernández
13:30 — 14:00	¿Qué determina la forma de un virus? Elasticidad y cinética en el autoensamblado de cápsides.	Dr. Carlos Mendoza
14:00 — 16:00	Espacio de Comida	—
16:00 — 16:30	Estudios del uso de hidrogeles de polímeros naturales para la formación de andamios para aplicaciones de medicina regenerativa: mejora de la cicatrización de heridas mediante su nanofuncionalización	Dr. José Campos
16:30 — 17:00	De la geometría de la materia a la epidemiología: Procesos estocásticos y estadística en la interpretación de datos biológicos complejos.	Dr. Atahualpa Kraemer
17:00 — 17:30	Trayectorias de diferenciación celular usando formalismos de tipo Fokker-Planck en la biología de células individuales	Dr. Enrique Hernández
17:30 — 18:00	Clausura	Dr. I. Pinea & Dr. L. Dagdug

Resúmenes de Ponencias (lunes 19 de octubre del 2026)

Cerebros líquidos, hormigas y cómputo emergente.

Ponente: Dr. Octavio Miramontes

Universidad Autónoma de México (IF UNAM).

En esta plática se revisarán conceptos de las redes neuronales de Hopfield donde las conexiones entre elementos no son fijas ya que estos pueden moverse como partículas autopropulsadas (redes neuronales fluidas en cerebros líquidos”). Se revisará la conjetura en la que, en la cercanía a una transición de fase orden-desorden emerge el cómputo óptimo. Finalmente se discutirá un modelo de este formalismo para mostrar la dinámica colectiva de posibles operaciones aritméticas en sociedades de insectos, en las que existe una transición crítica.

Termodinámica Irreversible de Sistemas Biofísicos Pequeños

Ponente: Dr. Iván Santamaría Holek
Universidad Autónoma de México (UMDI-J UNAM)

Este trabajo expone la aplicación de la Termodinámica Irreversible de Sistemas Pequeños (TISP) basada en el esquema de Onsager-Machlup para describir de forma consistente el acoplamiento multiescala entre los sistemas biológicos en la meso- y nano-escala y sus entornos cambiantes. A través de modelos aplicados a la formación y colapso de poros en vesículas lipídicas, el estiramiento molecular irreversible de ARN mediante pinzas ópticas acoplado a fluctuaciones elásticas de ruido de color, y la dinámica estocástica de proteínas motoras guiada por su cinética química, se demuestra la capacidad de la TISP para unificar las leyes fisicoquímicas con los procesos estocásticos. El enfoque establece relaciones que permiten una interpretación transparente de los datos experimentales y una predicción ágil de efectos dinámicos complejos donde las fluctuaciones juegan un papel central.

Procesos de búsqueda aleatoria basados en síntesis y degradación.

Ponente: Dr. Denis Boyer
Universidad Autónoma de México (IF UNAM).

Los procesos controlados por la síntesis y degradación estocástica (SSD) de moléculas son comunes en biología celular, pero su cinética de reacción no está bien entendida. Utilizando métodos derivados de la teoría de los procesos de reinicio, determinamos las propiedades de primer paso de un conjunto de partículas independientes que se sintetizan y degradan a tasas constantes, y siguen un proceso difusivo arbitrario en algún espacio. Con tasas de síntesis y degradación iguales, el tiempo medio de reacción con un sitio receptor se puede minimizar, como en el reinicio estocástico, y se deriva un criterio CV. Cuando la tasa de degradación se mantiene fija y se toman en cuenta los costos de síntesis, se obtiene una tasa de síntesis óptima. En dominios acotados, a pesar de la degradación de partículas, la SSD mejora el tiempo medio de búsqueda en comparación con una sola partícula no degradable si la tasa de síntesis supera un valor crítico que satisface una relación universal. Ilustramos estos resultados con difusión browniana en la línea infinita y en un intervalo.

Ley extendida de estados correspondientes: orígenes, retos y aplicaciones a materiales auto-ensamblantes.

Ponente: Dr. Ramón Castañeda
Universidad de Guanajuato (UGTO).

La llamada “ley extendida de estados correspondientes” es usada actualmente para analizar y entender las propiedades termodinámicas, los procesos de solidificación amorfa, los diagramas

de estado, dentro y fuera del equilibrio termodinámico, de una gran variedad de nano- y micro-materiales auto-ensamblantes (proteínas, nano-coloides, partículas Janus, etc.). Esta ley provee una descripción compacta del papel que desempeña el potencial de interacción entre moléculas en la determinación de las propiedades termodinámicas, estáticas y de transporte de los materiales antes mencionados. En esta plática hablaré de los orígenes de esta ley, algunos de los retos y sus aplicaciones en la determinación de fenómenos tales como el arresto dinámico de nano-partículas, la transición líquido-vapor en soluciones de proteínas y en los procesos de agregación coloidal reversible.

Tensión superficial a partir de la curvatura local de gotas: una alternativa no iterativa basada en diferencias finitas

Ponente: Dr. Juan Escobar

Universidad Autónoma de México (IF UNAM)

El análisis de forma de gota axisimétrica (ADSA) constituye uno de los métodos estándar para determinar la tensión superficial de líquidos a partir de imágenes de gotas colgantes. En este procedimiento, el perfil experimental se compara iterativamente con soluciones numéricas de la ecuación de Young–Laplace hasta determinar los parámetros que mejor reproducen la forma de la gota, entre ellos el número de Bond y, a partir de éste, la tensión superficial.

En esta plática presentaré un método alternativo y no iterativo basado en el cálculo directo de la curvatura local del perfil mediante diferencias finitas. Las primeras y segundas derivadas de las coordenadas experimentales permiten calcular, punto por punto, la presión capilar adimensional. Para una gota en equilibrio con tensión superficial constante, esta cantidad debe variar linealmente con la coordenada vertical, de modo que el número de Bond se obtiene directamente de la pendiente de una regresión lineal. El uso de una ventana deslizante y de un espaciamiento adecuado entre los puntos del stencil permite controlar la amplificación del ruido inherente a la diferenciación numérica.

Además de eliminar la optimización no lineal característica de ADSA, el método permite relacionar analíticamente la incertidumbre en el número de Bond con el ruido experimental de las coordenadas del perfil y, por tanto, asignar una incertidumbre a una medición realizada sobre una sola imagen. En experimentos con gotas colgantes de agua, ambos métodos se aplicaron a exactamente los mismos perfiles subpíxel, sin suavizado previo. Bajo estas condiciones, el método de diferencias finitas produjo una menor dispersión entre mediciones consecutivas y una menor sensibilidad de la tensión superficial obtenida al tamaño de la gota

Diffusion of Core-shell particles in complex fluids.

Ponente: Dr. Rolando Castillo

Universidad Nacional Autónoma de México (IF UNAM).

To understand the way a hairy particle diffuses in a liquid in contrast to plain hard-core colloid diffusion, this paper presents a study of the diffusion of PS-PNIPAM core-shell particles in a

liquid medium at $T = 20^\circ\text{C}$ in the hydrated state of the PNIPAM. We measured the mean-squared displacements and the diffusion constant in 2D using videomicroscopy and in 3D using diffusive wave spectroscopy. We made the measurements in water and in dilute (35,000 Da) polyethylene glycol solutions around the overlap concentration.

We identified two kinetically distinguishable populations in 2D: a fast population and a reproducible population strongly influenced by the surfaces (glass and adsorbed polyethylene glycol). The fast population and the 3D mean-squared displacements follow a Brownian motion with a slope very close to 1. Apparently, the system does not account for the particles being hairy due to the polymer core; they behave like plain hard-core colloids. We discussed the experimental techniques, the synthesis of the core-shell particles, the theoretical approximations, and the results.

Modelado generativo de scRNA-seq mediante mezclas Binomiales Negativas sobre conteos y geometría latente de Hellinger.

Ponente: M. en C. Carlos Sanchez

Universidad Autónoma Metropolitana (UAM).

Los flujos de trabajo tradicionales en la secuenciación de ARN de célula única (scRNA-seq) suelen tratar el agrupamiento como una etapa algorítmica independiente, apoyándose con frecuencia en transformaciones no lineales y reducciones de dimensionalidad que pueden alterar las propiedades discretas de los datos de conteo originales. En este trabajo proponemos un enfoque alternativo: integrar el agrupamiento de forma nativa dentro de un modelo probabilístico global. En lugar de procesar células de manera aislada, modelamos la muestra biológica completa bajo un esquema de mezcla de Binomiales Negativas mediante un ajuste híbrido MAP-EM, operando directamente sobre conteos brutos y factores de escala para mitigar las distorsiones estadísticas. A partir de las responsabilidades a posteriori, proyectamos las células en una variedad estadística definida por la métrica de Hellinger. Validamos la generalización del modelo mediante chequeos predictivos a posteriori (PPC), métricas de preservación geométrica (Trustworthiness y Continuity) y benchmarks de partición clásicos (ARI y NMI). Los resultados demuestran que al respetar la naturaleza generativa de los datos, la heterogeneidad celular emerge de forma natural como una propiedad estadística implícita, ofreciendo una alternativa sólida a las metodologías de clustering convencionales.

Procesos de búsqueda estocástica de partículas coloidales en baños markovianos y no-markovianos.

Ponente: Dr. Ruben Gomez-Solano

Universidad Autónoma de México (IF UNAM).

Los procesos de búsqueda estocástica se han convertido recientemente en un tema de gran relevancia en la física estadística debido a su ubicuidad en la naturaleza, como ocurre en la

unión de proteínas al ADN, el transporte intracelular, el forrajeo de animales y la propagación de epidemias, por mencionar unos pocos ejemplos. En tales procesos es importante determinar las propiedades estadísticas del tiempo de primer paso (TPP), el cual es el tiempo que un sistema sujeto a ruido necesita para alcanzar un objetivo por primera vez comenzando desde una condición inicial determinada. En esta charla presentaré resultados experimentales y teóricos sobre el TPP de una partícula coloidal atrapada por un potencial armónico en un fluido a temperatura constante, el cual puede comportarse como un baño térmico markoviano o no-markoviano dependiendo de su estructura microscópica. Asimismo, mostraré algunos resultados de experimentos de partículas coloidales sujetas a reinicio estocástico implementado mediante pinzas ópticas de intensidad intermitente en fluidos viscosos y viscoelásticos. Los resultados de ambos tipos de procesos de búsqueda aleatoria muestran efectos no-markovianos no triviales en la estadística de TPP de las partículas debido a la viscoelasticidad de su medio, los cuales están ausentes cuando estos ocurren bajo condiciones markovianas en fluidos puramente viscosos.

Pinzas ópticas, una alternativa para el estudio de sistemas estocásticos.

Ponente: Dr. José Hernández Pozos
Universidad Autónoma Metropolitana (UAM).

En esta charla se hará una breve descripción de las fuerzas que actúan sobre una partícula confinada por un láser enfocado o pinza óptica. De cómo varios de los métodos de calibración de este sistema están basados en medir las propiedades de un caminante aleatorio sujeto a un potencial externo. Discutiremos también ejemplos y posibilidades de usar esta tecnología para diversos sistemas que poseen comportamiento aleatorio.

Pinzas ópticas, una alternativa para el estudio de sistemas estocásticos.

Ponente: M. en C. Aurea Sánchez
Universidad Autónoma Metropolitana (UAM).

Las pinzas ópticas son una técnica de micromanipulación ampliamente utilizada en las últimas décadas para el estudio de sistemas biológicos. Su atractivo reside en la capacidad de medir y aplicar fuerzas a escala microscópica de forma no invasiva. La investigación se orienta a la evaluación de las propiedades elásticas de la membrana de eritrocitos. El objetivo principal es analizar posibles modificaciones en las propiedades mecánicas de la membrana celular asociadas a pacientes con diagnóstico de diabetes, considerando que dicha enfermedad puede inducir alteraciones estructurales y funcionales en los eritrocitos que afectan su deformabilidad. El presente trabajo corresponde a una etapa preliminar de la investigación, desarrollado posterior al proceso de calibración de la fuerza de atrapamiento de las pinzas ópticas.

Resúmenes de Ponencias (martes 20 de octubre del 2026)

La Competencia entre el Plegamiento Nativo y la Autoagregación Amiloide

Ponente: Dr. Edgar Vázquez Contreras
Universidad Autónoma Metropolitana (UAM)

En los años 60, Christian Anfinsen demostró que la información necesaria para determinar la estructura tridimensional de una proteína se encuentra codificada únicamente en su secuencia lineal de aminoácidos (código 1D estructura 3D). En esa misma época, Cyrus Levinthal concluyó que dicho plegamiento no puede ser una búsqueda conformacional al azar, sino un proceso guiado por leyes energéticas. Aunque algoritmos de aprendizaje profundo como AlphaFold o ESMFold han resuelto el problema de la predicción estructural, el enigma de la dinámica física persiste: aún no podemos simular a nivel atómico y en tiempo real los estados intermedios del proceso.

Por otro lado, la hipótesis de Christopher Dobson plantea que el estado amiloide es una propiedad genérica y universal del esqueleto peptídico, independientemente de la secuencia. Esto transforma el paradigma clásico: el estado nativo funcional no es el mínimo global de energía libre del sistema, sino únicamente un mínimo local metaestable, mientras que la fibra amiloide actúa como una trampa termodinámica y el verdadero mínimo global. En esta presentación se analiza cómo la variación en el pH del medio modifica la competencia entre la vía de plegamiento intramolecular (que conduce al monómero nativo funcional) y la ruta de autoagregación intermolecular (que produce estructuras amiloides). Se propone que la concentración de iones hidronio o hidroxilo altera drásticamente la topología del paisaje de potencial, modificando la altura de las barreras de activación y redirigiendo el destino conformacional de la proteína.

Eventos tempranos en el ensamblaje de complejos Cre-ADN: transiciones orden-desorden.

Ponente: Dra. Nina Pastor
Universidad Autónoma del Estado de Morelos CIDC UAEM

La manipulación precisa de material genético es central para muchos virus. La recombinasa Cre se encarga de la propagación exitosa del bacteriófago P1 cuando éste infecta a *Escherichia coli*. Para esto, reconoce específicamente una región de ADN llamada loxP, formando un complejo constituido por cuatro copias de Cre y dos regiones loxP. El proceso de ensamblaje de este complejo es relevante para el proceso de recombinación del ADN, ya que determina cuáles copias de Cre son catalíticamente competentes y cuáles no. Presentaré el análisis de 240 microsegundos de simulaciones de dinámica molecular de complejos formados por una copia de Cre y medio sitio loxP, y un dímero de Cre sobre un sitio loxP, mostrando la importancia de ser el primer monómero colonizador de loxP y la capacidad de Cre para leer específicamente la secuencia del ADN.

Caracterización de variantes del sistema Cre-loxP con actividad alterada

Ponente: Dr. Antonio Ramírez

Universidad Autónoma del Estado de Morelos CIDC UAEM

El sistema Cre/loxP promueve el corte, la inserción y la traslocación de secuencias específicas de ADN. Dicho proceso requiere del ensamblaje de un complejo tetramérico (intasoma) formado por cuatro monómeros de Cre y dos secuencias loxP. A pesar de ser un sistema ampliamente estudiado, los detalles moleculares asociados al reconocimiento y especificidad de las interacciones proteína-ADN no han sido del todo entendidos.

En este trabajo estudiamos, mediante simulaciones de dinámica molecular, mutantes del sistema Cre/loxP, tanto en la proteína como en el ADN, que presentan cambios en su actividad recombinasa (cm24-Acm8) y en el reconocimiento de sus sitios diana (RecS3-loxSE3). Analizamos los intasomas RecS3-loxSE3, cm24-Acm8 y las combinaciones entre ellos, así como un nuevo sistema que contiene todas las mutaciones de ambas variantes. El objetivo es caracterizar cómo las mutaciones modifican la plasticidad conformacional de la proteína y del ADN, así como las interacciones que determinan el reconocimiento molecular.

El análisis de propiedades estructurales y dinámicas, incluyendo contactos proteína-ADN, puentes de hidrógeno, flexibilidad y parámetros estructurales del ADN, permite identificar cambios en los mecanismos moleculares asociados con la afinidad y especificidad de recombinación. Estos resultados contribuyen a comprender la relación entre dinámica, estructura y función en sistemas de reconocimiento biomolecular y proporcionan una perspectiva bofísica sobre los mecanismos que permiten modular la actividad de la recombinasa Cre.

El rol de las glucoproteínas en el ensamblaje del virus de Chikungunya.

Ponente: Dr. Mauricio Comas

Universidad Autónoma de San Luis Potosí (UASLP).

El virus de Chikungunya, perteneciente al género Alphavirus, se caracteriza por tener viriones con dos capas icosaédricas $T = 4$ y empaquetar RNA de una sola cadena. El ensamblaje de estos viriones ocurre en dos pasos: en el primero, el core empaqueta el genoma y se ensambla en el citoplasma; en el segundo, el core interactúa con las glucoproteínas virales E1 y E2 en la membrana plasmática. El ensamblaje de este virus es un proceso concertado en el que se acoplan la gemación y la formación de las dos capas icosaédricas. Para entender este proceso, hemos estudiado el rol de estos aminoácidos mediante mutaciones dirigidas por sitio, simulaciones de dinámica molecular de grano grueso y atomísticas, así como mediante nanoindentación. Los resultados indican que los azúcares en la proteína E2 son fundamentales tanto para el proceso de ensamblaje del virión como para la estabilidad de la partícula y que las interacciones entre el azúcar en ASN263 de la proteína E2 son multifuncionales.

Controlling self-assembly across scales

Ponente: M. en C. Jason Peña

Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa (UAM).

Las cápsides de muchos virus se forman mediante un proceso de autoensamblaje. Este mismo fenómeno se observa en el ADN origami, donde nanoestructuras completamente plegadas actúan como bloques de construcción que se autoensamblan para formar polímeros unidimensionales, túbulos y cubiertas con simetría icosaédrica. Sin embargo, los mecanismos físicos a través de los cuales estos bloques de construcción se organizan en estructuras complejas y altamente simétricas aún no se comprenden por completo.

En esta charla, presentaré avances teóricos y computacionales orientados a comprender los principios físicos y los mecanismos biológicos que subyacen al autoensamblaje a escala nanoscópica. Discutiré modelos basados en la teoría clásica de nucleación para describir la termodinámica del crecimiento de estructuras formadas por un mismo tipo de subunidad y las distintas contribuciones energéticas involucradas en este proceso. Asimismo, examinaré el papel de las moléculas de andamiaje (scaffolding) y la cinética fuera del equilibrio.

Finalmente, mostraré cómo las simulaciones de dinámica browniana permiten estudiar el polimorfismo en estas estructuras, y cómo la dinámica molecular ayuda a determinar propiedades de sus bloques de construcción que resultan difíciles (o imposibles) de medir experimentalmente.

Determinación atómica de la rigidez de flexión de la cápside del VPH-16

Ponente: M. en C. David Hernandez-Leon

Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa (UAM-I)

La cápside viral es una estructura autoensamblada cuyas propiedades mecánicas emergen de las interacciones entre sus proteínas. Parámetros como la energía de adhesión, el ángulo óptimo de interacción y la rigidez de flexión determinan su forma, tamaño y estabilidad, y son fundamentales para comprender el ensamblaje viral.

En esta charla mostraremos cómo la dinámica molecular atómica permite cuantificar estas propiedades en la cápside del VPH-16 y estudiar su dependencia con el entorno fisicoquímico. Este enfoque conecta las interacciones proteína-proteína a escala atómica con modelos físicos del autoensamblaje viral y abre posibilidades para interferir con la formación de la cápside como una posible estrategia para detener infecciones virales.

¿Qué determina la forma de un virus? Elasticidad y cinética en el autoensamblado de cápsides.

Ponente: Dr. Carlos Mendoza

Universidad Autónoma de México (IIM UNAM)

El autoensamblado de estructuras curvas, como cápsides virales y nanotubos, resulta de la competencia entre las interacciones de enlace y los costos energéticos asociados con la deformación y el borde de las estructuras. Mediante teoría de la elasticidad, simulaciones de grano grueso y modelos de nucleación, estudiamos cómo esta competencia determina las morfologías y los tamaños de las estructuras autoensambladas. Mostramos que dos parámetros adimensionales, el número FvK y el número B, permiten caracterizar las principales rutas y morfologías del ensamblaje. Estos resultados proporcionan un marco físico para comprender y controlar el autoensamblado de estructuras curvas, con aplicaciones potenciales en nanomateriales y en el estudio de la formación de cápsides virales.

Estudios del uso de hidrogeles de polímeros naturales para la formación de andamios para aplicaciones de medicina regenerativa: mejora de la cicatrización de heridas mediante su nanofuncionalización

Ponente: Dr. José Campos

Universidad Autónoma Metropolitana (UAM)

La cicatrización de heridas es un proceso complejo y dinámico que implica fases coordinadas de inflamación, proliferación y remodelación, y sigue representando un importante desafío clínico. En este contexto, el uso de biomateriales sostenibles derivados de polímeros naturales, junto con nanomateriales conductores, ofrece estrategias prometedoras para potenciar propiedades que favorecen el crecimiento, la maduración y la funcionalidad celular, mejorando así la regeneración tisular y su aplicación terapéutica.

En este trabajo, se presenta el desarrollo de un andamio híbrido de alginato- quitosano. Este sistema biodegradable y biocompatible combina la elevada capacidad de retención de agua y de formación de gel del alginato con las propiedades antimicrobianas y mecánicas del quitosano, dando lugar a una matriz altamente porosa que fomenta las interacciones célula-biomaterial. Para potenciar aún más su funcionalidad, el andamio se funcionalizó con nanopartículas de oro (AuNp) y con un sistema combinado de AuNp y alginato.

La caracterización fisicoquímica de los andamios se realizó mediante estudios de hinchamiento, degradación y espectroscopia infrarroja. Los resultados muestran que los andamios obtenidos son altamente porosos (> 90 %) e hidrofílicos, con porcentajes de hinchamiento cercanos al 3000 %. La caracterización de las AuNp en cuanto a forma, tamaño y potencial zeta se realizó mediante dispersión de luz y microscopía electrónica.

El potencial regenerativo de estos materiales híbridos se evaluó utilizando un modelo *in vivo* de cicatrización de heridas, en el que se analizaron cuatro grupos experimentales: control sin tratamiento, andamio de Alg-CS, AuNp solas y andamios funcionalizados con AuNp-Alg. Los resultados demuestran que los grupos tratados exhibieron una cicatrización mejorada en comparación con los controles. El aumento de la densidad de fibroblastos y de la deposición de colágeno al séptimo día sugiere una transición acelerada de la fase inflamatoria a la proliferativa. Asimismo, una mayor expresión de marcadores moleculares específicos y una actividad angiogénica incrementada indican una mejora en la remodelación tisular y la vascularización.

De la geometría de la materia a la epidemiología: Procesos estocásticos y estadística en la interpretación de datos biológicos complejos

Ponente: Dr. Atahualpa Kraemer
Facultad de Ciencias (FC UNAM)

En los sistemas biológicos, no siempre tenemos acceso a sistemas ideales en equilibrio ni a muestras masivas e imparciales. La información real suele estar oculta bajo capas de ruido, sesgos de captura o dinámicas estocásticas fuera del equilibrio. En esta plática exploraremos cómo las herramientas de la física estadística y la probabilidad —desde la materia hiperuniforme hasta la modelación cinético-estocástica y las series temporales con desfase— nos permiten recuperar la señal biológica a distintas escalas: la espacial (ámbar), la molecular (ADN) y la poblacional (epidemiología).

Trayectorias de diferenciación celular usando formalismos de tipo Fokker–Planck en la biología de células individuales

Ponente: Dr. Enrique Hernández Lemus
Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN)

La biología de células individuales ha revelado que los tejidos biológicos no constituyen entidades homogéneas, sino poblaciones dinámicas de estados celulares en constante transición. Este cambio de paradigma plantea una pregunta fundamental: ¿cómo describir matemáticamente la diferenciación celular cuando sólo observamos instantáneas discretas de un proceso intrínsecamente dinámico y estocástico? Proponemos interpretar la diferenciación celular desde la perspectiva de la física estadística, considerando a las células como realizaciones individuales de un sistema complejo cuya dinámica colectiva puede describirse mediante distribuciones de probabilidad en un espacio de estados de expresión génica. Bajo esta visión, los estados celulares forman un paisaje dinámico donde la diferenciación emerge como un flujo probabilístico gobernado por fuerzas efectivas de deriva y fluctuaciones moleculares inherentes al sistema biológico. Se introduce un formalismo inspirado en ecuaciones tipo Fokker–Planck para modelar la evolución de poblaciones celulares en espacios fenotípicos de alta dimensión reconstruidos a partir de datos de transcriptómica unicelular. Este enfoque permite reinterpretar conceptos clásicos (por ejemplo, potencial celular, estabilidad fenotípica y destino celular) como propiedades geométricas y dinámicas de un campo probabilístico subyacente. Herramientas contemporáneas como RNA velocity, reducción dimensional y estimación de densidades se integran dentro de un marco unificado que conecta los datos experimentales de las tecnologías ómicas con la física fuera de equilibrio y los procesos estocásticos. Más allá de su formulación técnica, discutiré algunas implicaciones conceptuales de describir la biología celular mediante leyes estadísticas efectivas: la transición desde descripciones deterministas hacia enfoques probabilísticos, la emergencia de comportamiento colectivo a partir de interacciones moleculares microscópicas y presentaré algunos avances de nuestro trabajo en el contexto de los microambientes tumorales.