

# MEMORIAS

---

# BOGOTÁ MICROBIAL MEETING



**Universidad Nacional – 25-26 de julio de 2019**

**Con el apoyo de**



## MEMORIAS

### BOGOTÁ MICROBIAL MEETING



Memorias  
Bogotá Microbial Meeting –2019

Publicación anual  
Segunda Edición  
Bogotá, Colombia  
25-26 de julio de 2019  
ISSN 2539-2999 en línea- seriado

#### Editores

**Alejandro Acosta González.** Universidad de La Sabana; Embajador joven "ISME Society".

**Carolina Díaz.** Investigadora contratista-SINCHI - Bogotá

**Alejandro Reyes.** Profesor Asistente Universidad de los Andes. Bogotá.

**Santiago Hernández.** Estudiante de Maestría. Universidad de los Andes. Bogotá.

**Alejandro Caro.** Investigador. Corpoica sede Tibaitatá, Mosquera.

**Gina López.** Profesora. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.

**Diego Jiménez.** Profesor. Universidad de los Andes. Bogotá.

**Jimena Sánchez.** Profesora. Universidad Nacional. Bogotá.

**María Angelina Leal.** Profesora. Universidad Nacional. Bogotá.

**Yih Wen Fung.** Profesora. Universidad Nacional. Bogotá.

**Gina Paola del Carmen Rodríguez.** Estudiante Doctorado. Universidad de la Sabana. Bogotá



AMERICAN  
SOCIETY FOR  
MICROBIOLOGY



UNIVERSIDAD  
NACIONAL  
DE COLOMBIA



Universidad de  
los Andes



ARTILAB®  
Artículos para Laboratorio

## TABLA DE CONTENIDO

|  |    |
|--|----|
| PRESENTACIÓN ORAL BOGOTÁ MICROBIAL MEETING 2019 .....  | 6  |
| DESARROLLO DE UN SISTEMA DE TRANSPORTE DE ROTAVIRUS ONCOLÍTICO BASADO EN GLOBULOS ROJOS CON POTENCIAL APLICACIÓN EN EL TRATAMIENTO DEL CÁNCER .....  | 7  |
| ANTAGONISMO E INHIBICIÓN DE LA COMUNICACIÓN BACTERIANA EN BACTERIAS CULTIVABLES AISLADAS DE ESPONJAS DEL CARIBE COLOMBIANO CON BIOFOULING Y SIN BIOFOULING .....   | 8  |
| DISECCIONANDO A LOS CAUDOVIRALES: EVALUACIÓN DE SU CLASIFICACIÓN INTERNA Y POTENCIAL RELACIÓN EVOLUTIVA CON TECTIVIRIDAE .....   | 10 |
| DISEÑO Y ENSAMBLAJE DE UNA BIOFABRICA BACTERIANA PARA LA EXPRESIÓN HETERÓLOGA DE NARINGENINA.....  | 11 |
| ECOLOGÍA DE BACTERIAS DEL INTESTINO HUMANO DEGRADADORAS DEL FLAVONOIDE QUERCETINA .  | 12 |
| EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE PÉPTIDOS QUIMÉRICOS DERIVADOS DE LA LACTOFERRICINA BOVINA Y LA BUFORINA .....   | 13 |
| DISEÑO Y CONSTRUCCIÓN DE UNA PLATAFORMA PARA LA PRODUCCIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS (PAM) EN <i>Escherichia coli</i> UTILIZANDO PROTEÍNA VERDE FLUORESCENTE (GFP).....  | 14 |
| MOSAIC, UN SOFTWARE DE FÁCIL USO PARA EL ANÁLISIS DE METAGENOMAS VIRALES.....  | 15 |
| CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE RIZOBACTERIAS ENTOMOPATÓGENAS DE <i>Tecia solanivora</i> (LEPIDÓPTERA: GELECHIIDAE) .....  | 16 |
| DIVERSIDAD DE HEMOPARÁSITOS EN HERPETOFAUNA COLOMBIANA: UN RETO Y UN ENORME POTENCIAL PARA LA INVESTIGACIÓN .....  | 17 |
| PRESENTACIÓN DE PÓSTER BOGOTÁ MICROBIAL MEETING 2019 .....   | 19 |
| ESTUDIO DE LOS FACTORES DE RIESGO ASOCIADOS A EHRlichiosis Y ANAPLASMOSIS EN CANINOS, BARRANCABERMEJA, SANTANDER .....   | 20 |
| ACOPLAMIENTO MOLECULAR SOBRE LA PROTEÍNA dUTPasa DE <i>Trypanosoma cruzi</i> PARA EL DESCUBRIMIENTO DE POTENCIALES INHIBIDORES EN EL TRATAMIENTO DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS .....  | 21 |
| IDENTIFICACIÓN DE FACTORES ASOCIADOS A PROMOCIÓN DE CRECIMIENTO VEGETAL EN <i>Bacillus subtilis</i> ATCC 6633 Y <i>Pseudomonas extremaustralis</i> CMPUJ U515 Y PERSPECTIVAS EN EL CULTIVO DE TOMATE .....                           | 22 |
| CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DEL SISTEMA BIOLÓGICO <i>Bacillus thuringiensis kurstaki</i> HD-1, PLANTA DE PAPA Y <i>Tecia solanivora</i> .....   | 23 |
| DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE AISLAMIENTOS DE <i>Staphylococcus aureus</i> RESISTENTE A METICILINA (SARM) CON RESISTENCIA INTERMEDIA HETEROGÉNEA A VANCOMICINA (hVISA), EN PACIENTES CON BACTERIEMIA EN LATINOAMÉRICA..... | 24 |

|   |    |
|---|----|
| EVALUACIÓN DEL POTENCIAL CELULOLÍTICO POR BACTERIAS Y HONGOS A DIFERENTES<br>CONCENTRACIONES DE DIÉSEL DE SUELO NO PERTURBADO Y DISTURBADO DEL PIEDEMONTE LLANERO<br>OBTENIDO DEL INSTITUTO AGRÍCOLA GUACAVÍA EN EL MUNICIPIO DE CUMARAL (META) ..... | 26 |
| EVALUACIÓN DEL POTENCIAL BIOCONTROLADOR DE HONGOS AISLADOS EN EL LABORATORIO DE<br>INGENIERÍA AMBIENTAL, EMPLEANDO MEDIOS DE CULTIVO ALTERNATIVOS.....  | 27 |
| EFFECTO DE LA SALINIDAD SOBRE GENES ASOCIADOS A CICLOS BIOGEOQUÍMICOS DEL MANGLAR DE LA<br>DESEMBOCADURA DEL RÍO RANCHERÍA, LA GUAJIRA.....   | 28 |
| EVALUACIÓN DE ACTIVIDADES ENZIMÁTICAS DE AISLADOS BACTERIANOS DE INTESTINO DE CACHAMA<br>BLANCA ( <i>Piaractus brachypomus</i> ) .....  | 29 |
| SIMULACIÓN MULTIFÍSICA DE ATRAPAMIENTO HIDRODINÁMICO DE <i>S. cerevisiae</i> .....  | 30 |
| ANÁLISIS FILOGENÓMICO DE ROTAVIRUS ONCOLÍTICO.....  | 31 |
| EVALUACIÓN DE MÉTODOS DE CONSERVACIÓN PARA BACTERIAS ACIDÓFILAS DEPOSITADAS EN EL<br>CEPARIO DEL INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA .....  | 32 |
| CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN DE UNA LEVADURA AISLADA EN TERRITORIO COLOMBIANO PARA LA<br>PRODUCCIÓN DE XILITOL.....   | 33 |
| INFLUENCIA DE LA SALINIDAD EN TOLERANCIA A METALES PESADOS, DEGRADACIÓN DE MATERIA<br>ORGÁNICA Y BIOCONTROL EN SUELO DE MANGLAR .....   | 34 |
| ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE BACTERIAS DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE MICROORGANISMOS<br>DE AGROSAVIA FRENTE A <i>Escherichia coli</i> O157 Y <i>Salmonella typhimurium</i> .....   | 35 |
| ESTUDIO SOBRE EL EFECTO DE LA PRESIÓN SOBRE CÉLULAS DE LEVADURAS .....  | 36 |
| DESARROLLO DE PROMOTORES TRAMPA COMO UNA ESTRATEGIA DE RESISTENCIA DE AMPLIO<br>ESPECTRO A LA BACTERIOSIS VASCULAR DE LA YUCA.....  | 37 |
| RELACIÓN ENTRE DIETA, SALUD CARDIOMETABÓLICA Y MICROBIOTA INTESTINAL EN UNA COHORTE DE<br>ADULTOS COLOMBIANOS .....   | 38 |
| EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS DEL POLVO DE TRUB EN LA VITALIDAD Y VIABILIDAD DE <i>Saccharomyces<br/>cerevisiae</i> CEN.PK PARA LA PRODUCCIÓN DE CERVEZA .....  | 39 |
| FORMULACIÓN PRELIMINAR DE RIZOBACTERIAS ENTOMOPATÓGENAS DE <i>Tecia solanivora</i> INSECTO<br>PLAGA DE LOS TUBÉRCULOS DE PAPA <i>Solanum tuberosum</i> .....  | 40 |
| MICROBIOLOGÍA DEL BIODETERIORO DE MATERIALES ARQUITECTÓNICOS DEL MUSEO COLONIAL EN LA<br>CIUDAD DE PAMPLONA NORTE DE SANTANDER.....   | 41 |
| CARACTERIZACIÓN DE LA COMPOSICIÓN BACTERIANA INTESTINAL EN PACIENTES CON PARKINSON Y<br>CONTROLES NEGATIVOS DE COLOMBIA.....  | 42 |
| PESCADORES DE MICROORGANISMOS: RENOVANDO LAS TÉCNICAS DE CULTIVO CONVENCIONALES....   | 43 |
| COEFICIENTE VOLUMÉTRICO DE TRANSFERENCIA DE OXÍGENO COMO PARÁMETRO PARA EL CAMBIO DE<br>ESCALA DEL PROCESO DE PRODUCCIÓN DE UNA BACTERIA PROBIÓTICA ( <i>Lactobacillus fermentum</i> K73)<br>.....  | 45 |
| CARACTERIZACIÓN DE CEPAS DE LEVADURA COLOMBIANA <i>Saccharomyces cerevisiae</i> PARA SU<br>POTENCIAL USO EN LA PRODUCCIÓN DE CERVEZA "COLOMBIAN ALE" .....  | 46 |

|  |    |
|--|----|
| DETERMINACIÓN DE LAS ESPECIFICACIONES PARA OPTIMIZAR Y AJUSTAR LOS PARÁMETROS DE ESTERILIZACIÓN EN UN TURBIDOSTATO POR MEDIO DE RADIACIÓN UV .....   | 47 |
| EVALUACIÓN DEL ANTAGONISMO ENTRE DISTINTAS CEPAS DE RIZOBACTERIAS AISLADAS DE SUELO EN PROCESO DE RESTAURACIÓN ECOLÓGICA EN LA LOCALIDAD DE USME .....   | 48 |
| SUSCEPTIBILIDAD A MUPIROCINA EN AISLADOS DE <i>Staphylococcus aureus</i> COLONIZANTES DE PACIENTES EN HEMODIÁLISIS- MEDELLÍN COLOMBIA .....  | 49 |
| AISLAMIENTO Y EVALUACIÓN CUALITATIVA DE LA ACTIVIDAD DE BACTERIAS FIJADORAS DE NITRÓGENO, SOLUBILIZADORAS DE FOSFATOS Y CELULOLÍTICAS DE SUELOS DEL RESGUARDO ANDOKE, ARARACUARA, MUNICIPIO DE SOLANO (CAQUETA - COLOMBIA) ..... | 50 |
| EVALUACIÓN DE <i>Penicillium sp</i> COMO DEGRADADOR DE CELULOSA EN EL PROCESO DE COMPOSTAJE DE RESIDUOS ORGÁNICOS DE ORIGEN VEGETAL EN LA LOCALIDAD 20 DE BOGOTÁ .....   | 51 |
| CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS PRODUCTORAS DE COMPUESTOS VOLÁTILES ASOCIADAS A FLORES DE FRESA ( <i>Fragaria x ananassa</i> ) Y EVALUACIÓN DE EFECTOS ANTAGONISTAS CONTRA <i>Botrytis sp.</i> .....                                | 52 |
| EFFECTO DEL PROCESO DE ESTERILIZACIÓN EN AUTOCLAVE SOBRE EL PH DEL MEDIO DE CULTIVO .....  | 54 |
| AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS HALOTOLERANTES POTENCIALMENTE PATÓGENAS PRESENTES EN EL PESCADO SECO .....  | 55 |
| CACERÍA DE VIRUS EN LA SELVA HÚMEDA TROPICAL DE LA SIERRA NEVADA DE SANTA MARTA, COLOMBIA .....  | 57 |
| EVALUACIÓN DE TRATAMIENTOS HIDROTÉRMICO E IRRADIACIÓN CON UV-C PARA EL CONTROL DE ANTRACNOSIS EN MANGO AZÚCAR DURANTE SU POSCOSECHA .....  | 59 |
| DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE UN MEGAPLÁSMIDO EN UNA CEPA SILVESTRE DE <i>Clostridium sp.</i> .....   | 60 |
| EFFECTO DE DIFERENTES CONCENTRACIONES DE PETRÓLEO CRUDO Y SAL SOBRE LA DIVERSIDAD DE BACTERIAS DE UN SUELO DE CAMPO PETROLÍFERO BRASILEÑO CON ADICIÓN DE COMPOST DE RESIDUOS SÓLIDOS URBANOS .....                               | 61 |
| "Mu_TnX", UNA HERRAMIENTA PARA FAVORECER LA EXPRESIÓN DE GENES PRESENTES EN ADN EPISOMAL .....   | 62 |
| ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE <i>Streptomyces</i> DEL RÍO ARAUCA FRENTE A BACTERIAS PATÓGENAS DE IMPORTANCIA CLÍNICA EN COLOMBIA .....   | 63 |
| INMUNIDAD ENTRENADA EN LA INFECCIÓN POR <i>Leishmania viannia</i> : UN MECANISMO POTENCIAL DE INMUNOPATOGENESIS EN LA ENFERMEDAD CUTÁNEA HUMANA .....  | 64 |
| IDENTIFICACIÓN DE FACTORES ABIÓTICOS QUE INFLUYEN EN LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS DE <i>Escherichia coli</i> O157 Y <i>Salmonella typhimurium</i> .....  | 65 |
| EXPLORANDO LA VARIABILIDAD DE MICROORGANISMOS QUELANTES DE HIERRO Y SU VERSÁTIL APLICACIÓN EN EL CONTROL DE FITOPATÓGENOS .....  | 66 |
| PREVALENCIA DE BACTERIÓFAGOS COMENSALES EN EL INTESTINO HUMANO Y ANÁLISIS DE SU FUNCIÓN .....  | 67 |

|  |    |
|--|----|
| DETERMINACIÓN DE LA CONCENTRACIÓN DE PHA PARA CEPAS DE <i>Bacillus subtilis</i> Y <i>Bacillus thuringiensis</i> IMPLEMENTANDO LA TÉCNICA DE TINCIÓN DE NEGRO DE SUDÁN B .....  | 68 |
| GENÓMICA COMPARATIVA DE TRES ESPECIES DEL GÉNERO <i>Streptococcus</i> .....  | 69 |
| SCENE-QC: HERRAMIENTA DE VISUALIZACIÓN DE CALIDAD DE SECUENCIACIÓN BASADA EN ESCENARIOS DE USO .....   | 70 |
| EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GELIFICANTE DE PRODUCTOS AGROINDUSTRIALES PARA LA SUSTITUCIÓN PARCIAL O TOTAL DEL AGAR UTILIZADO EN MEDIOS DE CULTIVO MICROBIOLÓGICO .....  | 71 |
| LA CEPA BIOCONTROLADORA IBUN 2755 POSEE UNA ALTA CAPACIDAD COLONIZADORA Y RESPUESTA QUÍMICO ATRAYENTE HACIA EXUDADOS RADICULARES DE PLANTULAS DE ARROZ .....   | 72 |
| SELECCIÓN DE LEVADURAS CON POTENCIAL PARA LA TRANSFORMACIÓN DE XILOSA HASTA XILITOL....  | 73 |
| EVALUACIÓN DEL COMPORTAMIENTO DE <i>Lactobacillus casei subsp. rhamnosus</i> E INULINA EN BEBIDAS DE FRUTOS ROJOS.....   | 74 |
| CARACTERIZACIÓN Y ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE NANOCOMPUESTOS DE SUBMUCOSA INTESTINAL PORCINA Y NANOPARTÍCULAS DE PLATA OBTENIDAS POR SÍNTESIS VERDE: BIOSÍNTESIS POR <i>Fusarium oxysporum</i> Y SÍNTESIS MEDIADA POR MIEL.....                              | 75 |
| EVALUACIÓN DE NUEVOS CANDIDATOS TERAPÉUTICOS PARA EL TRATAMIENTO DE INFECCIONES ASOCIADAS A <i>Malassezia pachydermatis</i> .....  | 76 |
| EFFECTO DE MOLÉCULAS SEÑAL TIPO N-ACIL HOMOSERINA LACTONAS (AHLs) DE RIZOBACTERIAS PROVENIENTES DE CULTIVOS DE PAPA EN EL CONTROL DE <i>Tecia solanivora</i> .....   | 77 |
| EXTRACCIÓN DE B-GLUCANO A PARTIR DEL RESIDUO DE LEVADURA PRODUCIDO EN LA ELABORACIÓN DE CERVEZA Y DISEÑO DE UN PRODUCTO NUTRACÉUTICO .....   | 78 |
| POTENCIAL DEL ANÁLISIS ESPECTROSCÓPICO PARA LA DISCRIMINACIÓN Y CLASIFICACIÓN DE BACTERIAS .....   | 79 |
| FORMULACIÓN DE UN TRATAMIENTO TÓPICO BASADO EN UN NANOBIOCONJUGADO MAGNETITA-BUFORINA-II PARA EL TRATAMIENTO DE INFECCIONES CAUSADAS POR <i>Staphylococcus aureus</i> RESISTENTE A LA METICILINA (MRSA) .....  | 80 |
| EFFECTO DEL USO (GANADERIA, CAÑA DE AZÚCAR Y BOSQUE SECO TROPICAL), MANEJO (AGROECOLÓGICO VS. CONVENCIONAL) Y REGIÓN GEOGRÁFICA SOBRE LOS GENES DEL CICLO DE CARBONO Y NITRÓGENO DE LA COMUNIDAD MICROBIANA EDÁFICA EN DOS REGIONES DEL VALLE DEL CAUCA..... | 81 |
| EVALUACIÓN DE BUFORINA II INMOVILIZADA EN NANOPARTÍCULAS DE MAGNETITA PEGILADAS COMO VEHÍCULOS DE PENETRACIÓN CELULAR Y ESCAPE ENDOSOMAL .....   | 82 |
| HIDROGELES A BASE DE COLÁGENO PARA LA ENCAPSULACIÓN DE <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : APLICACIONES EN REACTORES DE LECHO EMPACADO ALTAMENTE EFICIENTES PARA LA PRODUCCIÓN DE METABOLITOS DE INTERÉS .....   | 83 |
| DISEÑO Y EVALUACIÓN DE UN PROTOTIPO DE FORMULACIÓN A PARTIR DE UN AISLAMIENTO NATIVO DE <i>Bacillus velezensis</i> PARA EL CONTROL DE <i>Botrytis cinerea</i> EN ROSAS .....   | 84 |

|   |     |
|---|-----|
| DISEÑO Y FABRICACIÓN DE MILIBIORREACTORES TIPO AIRLIFT: UN ENFOQUE DE LABORATORIO A BAJO COSTO PARA EXPERIMENTOS DE PRUEBA DE CONCEPTO.....   | 85  |
| LA INOCULACIÓN DE BACTERIAS SOLUBILIZADORAS DE FOSFATO MEJORA EL DESARROLLO DEL RYEGRASS Y TRÉBOL ROJO BAJO LA PRIVACIÓN DE P.....  | 87  |
| CARACTERÍSTICAS GENÓMICAS Y GENÓMICA COMPARATIVA DE LA CEPA BIOCONTROLADORA DE <i>Bacillus</i> IBUN 2755 CON EL GRUPO <i>Bacillus amyloliquefaciens/B. velezensis</i> .....           | 88  |
| MODIFICACIONES DE CASCARILLA DE ARROZ POR LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA DE <i>Pleurotus ostreatus</i> EN CULTIVO SUMERGIDO.....   | 89  |
| UNA APROXIMACIÓN GENÓMICA APLICADA A LA BIOPROSPECCIÓN DE LIPASAS SINTETIZADAS POR BACTERIAS DE ORIGEN MARINO Y AMBIENTES EXTREMOS .....  | 90  |
| ESTABLECIMIENTO DE UN MODELO EXPERIMENTAL PARA EL ESTUDIO DE <i>Haemoproteus columbae</i> (HAEMOSPORIDIA: HAEMOPROTEIDAE).....  | 92  |
| EFFECTO DE LAS CONDICIONES DE CULTIVO SOBRE LA PRODUCCIÓN DEL PRINCIPIO ACTIVO DE <i>Bacillus velezensis</i> (IBUN 2755) Y SU ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA CONTRA PATÓGENOS DE ARROZ..... | 93  |
| PRESENTACIÓN DE PÓSTER DE GRUPO BOGOTÁ MICROBIAL MEETING 2019 .....   | 96  |
| GRUPO FISIOLÓGÍA DE HONGOS DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA - (FDHUN).....  | 97  |
| GRUPO DE CIENCIAS PLANETARIAS Y ASTROBIOLOGÍA.....  | 98  |
| GRUPO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS BIOLÓGICAS Y QUÍMICAS .....  | 99  |
| “MICROSONICK” UN ESPACIO RADIAL PARA LA DIVULGACIÓN DE LA CIENCIA, LA TECNOLOGIA, LA INVESTIGACIÓN Y LA CULTURA.....  | 100 |

**PRESENTACIÓN ORAL  
BOGOTÁ MICROBIAL  
MEETING 2019**



## **DESARROLLO DE UN SISTEMA DE TRANSPORTE DE ROTAVIRUS ONCOLÍTICO BASADO EN GLOBULOS ROJOS CON POTENCIAL APLICACIÓN EN EL TRATAMIENTO DEL CÁNCER**

**Angie Andrea Bedoya Rodríguez; Carlos Arturo Guerrero Fonseca**

Laboratorio de biología molecular de virus, Universidad Nacional de Colombia.

**aabedoyar@unal.edu.co**

El laboratorio de biología molecular de virus de la Universidad Nacional de Colombia es pionero en aislar y adaptar cepas de rotavirus con capacidad oncolítica. El rotavirus es la causa principal de gastroenteritis y una gran parte de la población presenta memoria inmunológica contra él. Por lo tanto, es necesario buscar un sistema de transporte ideal que permita la protección del rotavirus oncolítico para eludir el reconocimiento del anticuerpo y llegar satisfactoriamente al tumor. Los glóbulos rojos (RBC, por sus siglas en inglés) son las células más abundantes del organismo, y dadas sus características morfológicas y funcionales, podrían ser candidatos atractivos para el transporte del rotavirus oncolítico hacia el sitio del tumor. Se extrajo sangre periférica de sujetos aparentemente sanos, previo consentimiento informado, se purificaron los RBCs por la técnica de ficoll hypaque. Con el fin de encapsular o unir el virus a los RBCs: los virus oncolíticos (WT1-5 o TRUYO) se incubaron con polielectrolitos catiónicos (bromuro de hexadimetrina o polibreno y protamina) o heparina con el fin de formar diferentes nanocomplejos. El nanocomplejo formado (virus-polímero) se agregó a los RBCs. Los RBCs cargados con el rotavirus oncolítico se cultivaron, en diferentes concentraciones, con la línea tumoral de melanoma (SK-MEL 28), las cuales son resistentes a la infección por rotavirus, o la línea tumoral de cáncer de mama (MCF-7) para evaluar la infección. Asimismo, se evaluó la liberación, en el tiempo, del rotavirus unido o encapsulado en RBC; para esto, los RBC cargados con rotavirus se incubaron cada 30 minutos, se centrifugaron y se recuperó el sobrenadante, que se añadió a las células tumorales. Esto último también se realizó, pero teñiendo la membrana de los RBC, cargados con rotavirus, con DiD o DiO. Finalmente, se pre-trató el medio que contenía las células tumorales con anticuerpos anti-TLP (específico para el bloque de rotavirus) y se añadieron los RBCs cargados con rotavirus oncolítico para evaluar la infección. Los RBCs cargados con rotavirus, por medio de polibrene, aumentaron la infección de células tumorales más de tres veces (350%) con respecto al control positivo (rotavirus oncolítico incubado directamente con células tumorales) (100%). El sobrenadante obtenido a partir de los 30 min hasta los 180 min, mostró un porcentaje de infección mayor (30 min: 170%) comparado con el control positivo tanto por las técnicas de inmunocitoquímica como por ELISA de captura. Asimismo, las células tumorales mostraron una ganancia de color (fluorescencia) cuando se incubaron con el sobrenadante (producto de la centrifugación de RBC teñidos con DiO o DiD y cargados con rotavirus). Finalmente, la infección del rotavirus oncolítico en células tumorales no fue inhibida cuando estos fueron cargados en RBCs y estuvieron en presencia de anticuerpos de bloqueo, mostrando una alta intensidad de fluorescencia comparada con el control positivo (cuyo bloqueo fue del 100%). El nanocomplejo formado entre rotavirus-polibrene, cargado en RBCs, mostró mayor capacidad de infección en células tumorales SK-MEL 28 y MCF-7, evitando el reconocimiento por parte de anticuerpos anti-rotavirus. La liberación del rotavirus oncolítico, cargado en el RBC, probablemente se dé a través de vesículas extracelulares. Estos resultados preliminares muestran que los RBCs son prometedores sistemas de transporte para la administración eficiente del rotavirus oncolítico.

# ANTAGONISMO E INHIBICIÓN DE LA COMUNICACIÓN BACTERIANA EN BACTERIAS CULTIVABLES AISLADAS DE ESPONJAS DEL CARIBE COLOMBIANO CON BIOFOULING Y SIN BIOFOULING

**Angie Daniela Burgos Toro, Catalina Arévalo Ferro**

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias – Departamento de Biología

Grupo de investigación de Comunicación y Comunidades Bacterianas

**angie adburgost@unal.edu.co**

Las esponjas son organismos marinos sésiles que albergan en su superficie comunidades bacterianas de gran diversidad y en algunos casos, en presencia de organismos eucariotas se constituye el denominado *biofouling*. La primera etapa de colonización para la formación del *biofouling* o epibiosis sucede con la construcción de un *biofilm* bacteriano que es regulado, entre otros factores, por la secreción de sustancias propias del hospedero y por la presencia de especies bacterianas involucradas en el consorcio; seleccionando y/o modulando la colonización de ciertos organismos tanto eucariotas como procariotas. En el mar caribe colombiano se han encontrado esponjas con y sin crecimiento de *biofouling* en su superficie, permitiendo intuir que el consorcio bacteriano presente y diferencial para ambos casos puede estar involucrado en la selección de los organismos de la *epibiosis* y su respectiva modulación. Estudios de caracterización de comunidades bacterianas marinas y su comunicación celular han demostrado que una vez formado el *biofilm*, la secreción y difusión de moléculas señal por parte de las bacterias participantes están involucradas en procesos de atracción, asentamiento y maduración de, por ejemplo, larvas de cnidarios. El objetivo de esta investigación es caracterizar y comparar las especies bacterianas cultivables presentes en esponjas marinas del caribe colombiano con y sin *biofouling*, además de evaluar la capacidad de estas bacterias por producir sustancias inhibitoras del *Quorum Sensing* (QS) y sustancias inhibitoras del crecimiento bacteriano de otras cepas cultivables pertenecientes al mismo nicho. Para la caracterización molecular de los aislamientos bacterianos se realizó PCR y secuenciación del gen ribosomal 16S por el método Sanger, seguido de una determinación taxonómica usando las herramientas bioinformáticas BLAST, EZ-TAXON y SILVA donde se eligieron secuencias con porcentajes de identidad superior al 97% que fueron usadas para la identificación de los aislamientos y para estudios filogenéticos posteriores. Las secuencias de 16S rDNA elegidas tras la consulta de especies bacterianas similares, fueron obtenidas en la base de datos curada de taxonomía bacteriana LPSN. Con las secuencias y el *contig* de cada aislamiento en estudio se realizaron alineamientos usando el algoritmo CLUSTAL X en el software MEGA7. Se calcularon matrices de distancia usando los modelos evolutivos “Distancia-p” y “Kimura 2-parámetros” con Bootstrap de 1000 réplicas en ambos casos. Se construyeron dendogramas usando el método de agrupamiento “Neighbor-Joining”. Para la evaluación de la producción de sustancias inhibitoras del QS, los aislamientos fueron enfrentados a la bacteria *Chromobacterium violaceum* ATCC31532, observando la inhibición de producción de Violaceína, fenotipo que es regulado por QS. La producción de sustancias inhibitoras del crecimiento bacteriano se valoró en ensayos de enfrentamiento de todas las cepas bacterianas obtenidas para cada estado, con y sin *biofouling*. Se lograron caracterizar 85 aislamientos bacterianos para ambos estados, en su mayoría bacilos Gram positivos pertenecientes al Filo Firmicutes y Actinobacteria; además, los dos grupos de cepas bacterianas evaluadas comparten algunas especies, en su mayoría del género *Bacillus*. Se reportan 12 cepas con capacidad de inhibir

*Quorum Sensing* y 25 cepas productoras de sustancias inhibidoras del crecimiento bacteriano de otras cepas cultivables pertenecientes a su mismo nicho.

## DISECCIONANDO A LOS CAUDOVIRALES: EVALUACIÓN DE SU CLASIFICACIÓN INTERNA Y POTENCIAL RELACIÓN EVOLUTIVA CON TECTIVIRIDAE

**Juan Sebastián Andrade Martínez, Alejandro Reyes Muñoz**

Grupo de Investigación en Biología Computacional y Ecología Microbiana. Max Planck Tandem  
Group in Computational Biology. Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.  
[js.andrade10@uniandes.edu.co](mailto:js.andrade10@uniandes.edu.co)

Los Caudovirales, o fagos con cola, son los virus más abundantes de ADN de doble cadena, infectando tanto Bacterias como Arqueas. En años recientes, métodos de distancia y análisis de redes, ambos basados en clústeres de proteínas ortólogas, han puesto en duda la clasificación fundamentada en morfología de las tres familias tradicionales del orden: Siphoviridae, Myoviridae y Podoviridae. Asimismo, los resultados de la aplicación de dichas aproximaciones sugieren la existencia de una relación evolutiva entre el orden Caudovirales y la familia de bacteriófagos Tectiviridae, asociada a los Polintovirus. En ese contexto, el objetivo de este trabajo fue, a través del uso de clústeres de dominios ortólogos virales (VDOGs) y k-meros, determinar si la clasificación del orden Caudovirales es razonable desde un punto de vista evolutivo y explorar la posibilidad de una ancestría común entre los clados Caudovirales y Tectiviridae. Un total de 4424 genomas completos de Caudovirales y 15 de Tectiviridae fueron descargados de la base de datos *Assembly* de NCBI. Estas entradas fueron dereplicadas, primero a nivel de ácidos nucleicos y posteriormente de proteínas, produciendo una serie de proteomas representativos. Las proteínas de los últimos fueron sometidas a una búsqueda de Modelos Ocultos de Markov contra una base de datos de clústeres de dominios ortólogos, con el fin de determinar qué proteomas poseían proteínas asociadas a cada uno de los VDOGs. Igualmente, se realizó una búsqueda de k-meros en los genomas asociados a los proteomas representativos, para establecer qué k-meros, con longitudes entre 6 y 15, eran abundantes en los Caudovirales, Tectiviridae, o alguno de sus subclados. Los descriptores representativos, es decir aquellos que constituían firmas taxonómicas, fuesen k-meros o VDOGs, de cada uno de estos clados fueron obtenidos, y se construyó un dendrograma basado en todos estos, solo en k-meros representativos, y solo en VDOGs representativos, usando la metodología de Neighbor-Joining y la de distancia de Jaccard como medida de cercanía. Todos los dendrogramas basados al menos parcialmente en k-meros generaron una distinción casi perfecta entre los grupos externos y aquellos de interés, con los Caudovirales y Tectiviridae ubicándose en una misma rama. Por su parte, el dendrograma generado exclusivamente con VDOGs muestra que la mayoría de las subfamilias de los Caudovirales son monofiléticas o virtualmente monofiléticas. En contraste, ninguno de los dendrogramas sugiere que las familias de Caudovirales son monofiléticas. Adicionalmente, se observó que la distancia de Jaccard promedio entre miembros de los Caudovirales y Tectiviridae es significativamente menor ( $p\text{-value} < 0.01$ ) que aquella de miembros Caudovirales o Tectiviridae con otros proteomas de su mismo grupo, sugiriendo una mayor cercanía de algunos Tectiviridae con ciertos Caudovirales. Los resultados soportan la hipótesis de que la clasificación de las tres familias tradicionales de Caudovirales debe revisarse, sugieren fuertemente la existencia de una ancestría común entre Caudovirales y Tectiviridae, y constituyen una primera aproximación al estudio de la utilidad del uso de VDOGs y k-meros para análisis filogenéticos en distintos rangos taxonómicos.

## DISEÑO Y ENSAMBLAJE DE UNA BIOFABRICA BACTERIANA PARA LA EXPRESIÓN HETERÓLOGA DE NARINGENINA

**Laura Estefanía Parra Daza<sup>1</sup>, Lina Suárez Medina<sup>1</sup>, Albert Enrique Tafur Rangel<sup>1,3</sup>, Miguel Ángel Fernández Niño<sup>1</sup>, Silvia Restrepo<sup>2</sup>, Hector Hugo Olarte<sup>4</sup>, Andrés González Barrios<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Grupo de Diseño de Productos y Procesos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

<sup>2</sup>Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

<sup>3</sup>Grupo de Investigación CINBIOS, Departamento de Microbiología, Valledupar. Colombia.

<sup>4</sup>Casa Luker, Bogotá, Colombia.

**le.parra10@uniandes.edu.co**

Los polifenoles son considerados un grupo de compuestos de gran interés debido a sus propiedades antioxidantes, anticancerígenas y antimutagénicas. Uno de los grupos más estudiados de los polifenoles son los flavonoides, dadas sus propiedades benéficas para la salud. En diferentes estudios, la naringenina ha sido reportada como un precursor común involucrado en la síntesis de un amplio número de distintos flavonoides en plantas. Debido a su alto valor en el mercado, recientemente se han desarrollado diversos esfuerzos con el objetivo de lograr su producción a escala industrial siguiendo dos metodologías generales: primero, mediante síntesis química y segundo a través de la extracción líquido-líquido (LLE) de la planta. Ambos métodos coinciden en la implementación de solventes y sustancias químicas peligrosas y tóxicas que pueden afectar la salud humana y además representan estrategias tradicionales poco competitivas en términos costo-beneficio en comparación con otras tecnologías actuales. En los últimos años, el diseño e ingeniería de microorganismos ha sido implementado como una alternativa para la expresión de un gran número de productos de interés. El presente proyecto buscó implementar herramientas *in silico* (i.e. modelación de redes metabólicas) e *in vitro* (i.e. ingeniería metabólica y biología sintética) para la predicción, evaluación y producción heteróloga de naringenina en *Escherichia coli*. Para llevar a cabo la parte *in silico*, se implementó el método computacional OptStoic-minRxn/minRxn, el cual permitió predecir la ruta más corta para la producción de naringenina a partir del aminoácido L-fenilalanina; posteriormente, se realizó un análisis de balance de flujo (FBA) para evaluar la factibilidad termodinámica de dicha ruta. En la parte *in vitro* se implementó la configuración monocistrónica de la metodología ePathBrick para la construcción de una ruta artificial para la expresión heteróloga de naringenina en *E. coli* basado en los datos de modelación *in silico*. Nuestros datos permitieron identificar una ruta corta para la producción de naringenina, en la cual intervienen cuatro enzimas (PAL, 4CL, CHS y CHI). Los datos de FBA resultaron en una producción de 0.12 mmolgDW<sup>-1</sup>h<sup>-1</sup> de naringenina con un flujo de biomasa de 0.86 mmolgDW<sup>-1</sup>h<sup>-1</sup>. Cada uno de los genes escogidos para la expresión heteróloga de la ruta artificial de producción de naringenina fue diseñado y mandado a sintetizar en la empresa ShineGene; para llevar a cabo la construcción de los plásmidos, se seleccionaron los vectores pETM6ypRSM3, con resistencia a ampicilina y kanamicina, respectivamente. En resumen, se obtuvo una ruta metabólica para la producción de naringenina a partir de L-fenilalanina y la construcción de una ruta artificial para la expresión heteróloga de naringenina en *Escherichia coli*.

## ECOLOGÍA DE BACTERIAS DEL INTESTINO HUMANO DEGRADADORAS DEL FLAVONOIDE QUERCETINA

Gina P. Rodríguez Castaño<sup>1</sup>, Alejandro Acosta González<sup>1</sup>, Federico Rey<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ingeniería, Universidad de La Sabana

<sup>2</sup>University of Wisconsin

ginaroca@unisabana.edu.co

Las propiedades de los flavonoides que promueven la salud son ampliamente estudiadas, sin embargo, estos compuestos fenólicos pueden sufrir extensas transformaciones por parte de la microbiota intestinal. *Flavonifractor plautii* y *Eubacterium ramulus* son bacterias del intestino humano capaces de romper uno de los anillos fenólicos de estos compuestos, formando ácidos fenólicos más pequeños, biológicamente activos y más biodisponibles que los compuestos precursores. Aunque existen investigaciones sobre los diferentes flavonoides que estas bacterias pueden degradar, se sabe poco sobre la ecología de éstas. En el presente estudio se estudiaron las posibles interacciones ecológicas de estas bacterias en comunidades simples (cocultivos con bacterias no degradadores de flavonoides) y complejas (incubaciones con materia fecal), usando la quercetina como flavonoide tipo. En el modelo de la comunidad simple, se evidenció que el metabolismo de la quercetina por parte de *Eubacterium ramulus* depende de las interacciones de alimentación cruzada entre especies cuando el almidón es la única fuente de energía disponible. *E. ramulus* puede degradar la quercetina en presencia de glucosa, pero no puede usar el almidón para el crecimiento o la degradación de la quercetina. Sin embargo, la bacteria *Bacteroides thetaiotaomicron*, quien metaboliza el almidón pero no la quercetina, estimuló la degradación del flavonoide y la producción de butirato por parte de *E. ramulus* a través de la alimentación cruzada de moléculas de glucosa y maltosa liberadas a partir del almidón. Esto es relevante en el intestino, donde hay una enorme competencia por los nutrientes. Por otra parte, el estudio de las comunidades complejas reveló un posible fenómeno ecológico entre dos especies del género *Flavonifractor*. Durante la incubación de suspensiones fecales (n=9) con el flavonoide, la abundancia relativa de estas dos especies se incrementaba, sin embargo, sus abundancias relativas se correlacionaban inversamente y la abundancia relativa inicial de cada especie no explicaba qué especie sería la dominante. Por último, en experimentos con ratones (n=6) asociados con microbiota humana para controlar la variabilidad del huésped, quienes fueron alimentados con dos dietas distintas lo cual altera la estructura de la comunidad microbiana intestinal, se observó de nuevo el patrón de exclusión para las dos especies relacionadas a *Flavonifractor* independiente de la dieta. Estos resultados sugieren que puede haber competencia entre especies de *Flavonifractor*, lo que podría modular la degradación de los flavonoides en el intestino. Los resultados de esta investigación establecen la importancia de estudiar las interacciones que llevan a cabo las bacterias degradadoras de flavonoides con compuestos dietarios y con especies degradadoras y no degradadoras de flavonoides, revelando factores que pueden afectar la biodisponibilidad y bioactividad de estos compuestos y por ende sus efectos sobre la salud.

## EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE PÉPTIDOS QUIMÉRICOS DERIVADOS DE LA LACTOFERRICINA BOVINA Y LA BUFORINA

**Hector Pineda, Javier García, Zuly Rivera**

Universidad Nacional de Colombia

**[hmpinedac@unal.edu.co](mailto:hmpinedac@unal.edu.co)**

El uso indiscriminado de antibióticos ha generado un incremento de la resistencia por parte de las bacterias, lo que es considerado una amenaza creciente para la salud a nivel mundial. En recientes reportes, emitidos por la Organización Mundial de la Salud (OMS), se describe la importancia de la búsqueda de nuevas moléculas con potencial terapéutico, que logren combatir infecciones causadas por cepas resistentes y que su actividad se base en mecanismos de acción diferentes a los que exhiben los antibióticos convencionales. Dentro de este contexto, los péptidos antimicrobianos (PAMs) surgen como candidatos a nuevos agentes terapéuticos, el diseño de quimeras en la actualidad es una de las estrategias que busca potenciar la actividad de PAMs sintéticos. Para este estudio, se seleccionaron dos PAMs de origen animal: la Buforina II (BFII) y la Lactoferricina Bovina (LfcinB), los cuales han presentado un amplio espectro de actividad antimicrobiana. A partir de estos PAMs, se obtuvieron quimeras peptídicas que combinan los motivos mínimos de actividad antibacteriana tanto de la LfcinB como de la BFII. Se evaluó la actividad de las quimeras sintéticas, frente a cepas de *E. coli*, *S. aureus*, *E. faecalis* y *P. aeruginosa*, encontrándose moléculas con amplio espectro de actividad cuyas concentraciones mínimas inhibitorias (MICs) variaron en un rango de 6  $\mu$ M a 131  $\mu$ M. Las quimeras que presentaron mejor actividad contienen en su estructura los motivos RRWQWR y RLLRLLR, y presentan actividad bactericida y bacteriostática en las cepas evaluadas. Los resultados de este trabajo sugieren que el diseño de quimeras derivadas de la LfcinB y BFII es una alternativa viable para generar nuevos PAMs sintéticos, promisorios para el desarrollo de nuevas opciones terapéuticas.

## **DISEÑO Y CONSTRUCCIÓN DE UNA PLATAFORMA PARA LA PRODUCCIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS (PAM) EN *Escherichia coli* UTILIZANDO PROTEÍNA VERDE FLUORESCENTE (GFP)**

**Camila Ocasión Martínez, Luis Humberto Reyes Barrios**  
GDPP Departamento Ingeniería Química, Universidad de los Andes  
[c.ocasion10@uniandes.edu.co](mailto:c.ocasion10@uniandes.edu.co)

Cada año cerca de dos millones de personas se contagian con bacterias resistentes a antibióticos en Estados Unidos y cerca de veintitrés mil personas mueren consecuencia de dichas infecciones (Centers for Disease Control and Prevention, 2018). El desarrollo de nuevos antibióticos se ha suspendido en las compañías farmacéuticas, dado que estos solo son útiles y efectivos durante cortos periodos de tiempo (Ventola, 2015), hecho que ha dado paso a nuevas estrategias para combatir las infecciones por microorganismos. Los péptidos antimicrobianos (PAM) han empezado a ser considerados como una solución, dada su capacidad de atacar desde hongos hasta bacterias Gram positivas y Gram negativas (Park, Kim, & Kim, 1998). Sin embargo, su obtención es un reto debido a la ausencia de métodos simples, efectivos y rentables para producirlos a gran escala. Los PAM se han producido utilizando técnicas de ADN recombinante, pero los métodos han sido ineficientes para prevenir la degradación proteolítica y la toxicidad en las bacterias (Soundrarajan, y otros, 2016). En este proyecto, se buscó producir los PAM asociándolos a una proteína que permitiera camuflar su toxicidad para la bacteria y así, luego de su producción, recuperarlos mediante una proteólisis química con ácido o-yodobenzoico. Para ello, se empleó Bufenina II, que fue insertada en cuatro puntos distintos (Glu 172, Ile 188, Lys 156 y Lys 101) de la proteína GFPuv (versión optimizada de GFP), se usó el plásmido pUC57 para insertar el ADN y producir la proteína en *Escherichia coli*, se extrajo la proteína mediante sonicación y, posteriormente, se purificó usando una cromatografía de tipo IMAC. Se demostró que el péptido puede producirse utilizando la proteína GFPuv como plataforma, esto, a pesar de que las tasas de crecimiento bacteriano disminuyeron entre el 3 y el 31% con respecto a la proteína sin inserciones. El caso más exitoso fue la inserción en Lys 101, donde el crecimiento disminuyó sólo 6.5% sin inducción y 7.1% con inducción, mientras que la fluorescencia aumentó alrededor de 131% al cabo de 24 horas, permitiendo obtener aproximadamente 10.35 mg de proteína por cada 200 ml de cultivo. Sin embargo, la proteína obtenida aún debe ser digerida proteolíticamente para extraer el péptido y este debe ser sometido a pruebas de actividad antimicrobiana, para verificar que su funcionalidad no se ve afectada por el proceso. Adicionalmente, es necesario optimizar las condiciones de producción, extracción y purificación de la proteína para aumentar el rendimiento y finalmente, obtener un nuevo método de producción más eficaz y rentable que los empleados hasta ahora, que permita camuflar mejor la toxicidad de los PAM y producirlos a gran escala.



## MOSAIC, UN SOFTWARE DE FÁCIL USO PARA EL ANÁLISIS DE METAGENOMAS VIRALES

**Laura Forero, Alejandro Reyes**

Universidad de Los Andes

**lm.forero10@uniandes.edu.co**

El campo de la metagenómica viral depende de los desarrollos y limitaciones de las tecnologías de secuenciación y de la bioinformática. Cada vez se requieren más herramientas bioinformáticas y recursos computacionales para entender los amplios conjuntos de datos producidos por las tecnologías NGS. Hasta la fecha, se han desarrollado flujos de trabajo y se han publicado metodologías detalladas para analizar metavirómas. Sin embargo, muchos de estos requieren habilidades computacionales intermedias a avanzadas. Por lo tanto, la curva de aprendizaje del uso de herramientas de bioinformática viene acompañada por sentimientos de frustración y los usuarios terminan temiendo a la "pantalla negra" de la línea de comandos de Unix, quedándose así con opciones limitadas para avanzar en los análisis de sus datos. Así, el objetivo de este proyecto fue crear un software de fácil uso para el análisis de datos de metagenómica viral. Esta herramienta, Mosaic, está diseñada para el análisis de muestras enriquecidas por virus. Incluye herramientas de identificación viral y umbrales seleccionados específicamente para este tipo de conjuntos de datos. Se basa en el uso de *Snakemake* como sistema de gestión de flujo de trabajo, junto con *conda* para la instalación de las dependencias requeridas. El uso de *Snakemake* proporciona escalabilidad automática, al optimizar el número de procesos paralelos en función del número de núcleos proporcionado. Por lo tanto, se puede ejecutar en una amplia gama de arquitecturas, desde computadoras portátiles hasta clústeres, sin modificar el código. *Snakemake* permite manejar la instalación en entornos *conda*, por lo que las dependencias de software son administradas por Mosaic para garantizar que todas las versiones sean compatibles. Así, este software utiliza datos de secuenciación crudos para generar la tabla de abundancia viral (vOTU). Además, este software de código abierto es compatible con lecturas largas, en concordancia con su prometedor futuro en el análisis metagenómico. Mosaic es flexible y permite al usuario seleccionar parámetros de acuerdo con sus necesidades específicas. Estos parámetros se pueden exportar y agregar como datos complementarios para permitir la reproducción exacta en futuros experimentos. Además, detecta automáticamente los tipos de datos de entrada (por ejemplo: single-end, paired-end, o Nanopore) para realizar los análisis correspondientes. Finalmente, hay documentación disponible que describe paso a paso la instalación y ejecución del flujo de trabajo. En conclusión, Mosaic es una herramienta fácil de usar diseñada para reducir el miedo y estrés que experimentan los investigadores que no están familiarizados con la programación. Sigue los umbrales utilizados actualmente y combina herramientas de vanguardia para generar tablas vOTU de manera eficiente, reproducible y precisa. Por lo tanto, al usar Mosaic, los investigadores pueden depositar secuencias en bases de datos más rápidamente para expandir la diversidad de secuencias virales abiertas al público.

## CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE RIZOBACTERIAS ENTOMOPATÓGENAS DE *Tecia solanivora* (LEPIDÓPTERA: GELECHIIDAE)

Vivian Johanna Boyacá Vásquez<sup>1</sup>, Luisa Fernanda Pantoja Delgado<sup>2</sup>, Pedro F. B. Brandão<sup>3</sup>, Javier Vanegas Guerrero<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia, Maestría en Ciencias-Bioquímica.

<sup>2</sup>Universidad Antonio Nariño, Facultad de Ciencias.

<sup>3</sup>Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias, Departamento de Química.  
vjboyacav@unal.edu.co

Las rizobacterias entomopatógenas presentan diversos factores de virulencia como la producción de compuestos orgánicos volátiles (VOCs), compuestos antimicrobianos y potenciales toxinas insecticidas que han sido poco explorados. Mediante herramientas como la genómica se han realizado acercamientos para entender las interacciones rizobacterias, la planta e insectos plaga. El objetivo de este trabajo fue caracterizar, a nivel genómico, las rizobacterias entomopatógenas *Raoultella* C47 y *Enterobacter* TN152. Estas rizobacterias presentaron una tasa de mortalidad superior al 75% contra el insecto-plaga del cultivo de papa *Tecia solanivora*. Se realizó extracción de ADN genómico, secuenciación masiva utilizando *HiSeq* 4000 (Illumina), ensamblaje y anotación mediante herramientas bioinformáticas. Las lecturas de *Raoultella* C47 y *Enterobacter* TN152 fueron ensambladas en 58 y 121 *contigs*, respectivamente, con un valor de N50 superior a 300.000, con un tamaño de genoma medio de 5.4 Kb, y sin presencia de plásmidos. Se determinó la presencia de genes involucradas en el potencial biotecnológico agrícola y específicamente a la actividad biocontroladora de rizobacterias, organizados en 8 categorías funcionales. Encontrando para *Raoultella* C47 y *Enterobacter* TN152, veintiuno y dieciocho mecanismos asociados a la interacción bacteria con la rizosféra, 3 y 4 genes asociados con productos antimicrobianos, 10 y 2 a VOCs, 3 genes para producción de sideróforos y 4 para hidrolasas, *Raoultella* C47 presentó un gen asociado a la producción de biosurfactantes (ramnolípidos) y en *Enterobacter* TN152 se determinó la presencia de 4 genes asociados a una toxina entomopatógena homóloga al complejo Tc. Este estudio contribuye a entender los mecanismos de patogenicidad de rizobacterias y su potencial para establecerse en el ecosistema, extendiendo el limitado grupo de rizobacterias entomopatógenas que se conocen y su respectiva secuenciación.

## DIVERSIDAD DE HEMOPARÁSITOS EN HERPETOFAUNA COLOMBIANA: UN RETO Y UN ENORME POTENCIAL PARA LA INVESTIGACIÓN

**Germán Gutierrez<sup>1</sup>, Leydy Gonzalez<sup>1</sup>, Carolina Vargas<sup>1</sup>, Martha Calderón<sup>1</sup>, Mario Vargas-Ramirez<sup>1</sup>, Oscar Rodríguez-Fandiño<sup>2</sup>, Nubia Matta<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia, Colombia

<sup>2</sup>Universidad Unitrópico, Colombia

**gagutierrezl@unal.edu.co**

Colombia ha sido considerada como el segundo lugar de mayor biodiversidad en el mundo. Con una herpetofauna altamente diversa que incluye aproximadamente 1430 especies entre anfibios, lagartos, tortugas y cocodrilos; poco se sabe acerca de las infecciones parasitarias que albergan, y los efectos que estos patógenos tienen en la condición física de su huésped. Con el objetivo de caracterizar los parásitos sanguíneos que infectan la herpetofauna colombiana, se han muestreado un total de 415 individuos entre anfibios y reptiles, en 8 ecosistemas. El examen microscópico de frotis sanguíneos reveló que las hemogregarina son el parásito más prevalente en las muestras analizadas, con una prevalencia general del 48,67%, para reptiles de 57.32% y anfibios 24.07%, 202 han sido diagnosticados mediante microscopia de luz como positivos para la presencia de hemoparásitos en sangre periférica. En anfibios se ha encontrado parásitos de los géneros *Trypanosoma* (14,4% del total de los anfibios muestreados), *Dactylosoma* (3,4%), *Haemogregarina* (3,4%) y *Karyolisus* (0,84%); adicionalmente se encontró en un organismo microfilarias en sangre periférica, es decir, estadios larvales de algunas especies de nematodos. Para el caso de reptiles se han encontrado organismos infectados por parásitos de los géneros *Hemogregarina* (10,1% del total de los reptiles muestreados), *Hepatozoon* (2%) y *Plasmodium* (1,8%), también se ha evidenciado la presencia de organismos cuya descripción morfológica no ha permitido su clasificación a nivel de género y por tanto continúan indicadas a nivel de familia, se ha encontrado entonces organismos de la familia *Haemogregarinidae* (24,5%) y el orden *Haemosporida* (0,2%). Además, se obtuvieron genomas parciales mitocondriales de *Plasmodium* sp., *P. kentropyxi* y *P. carmelinoi*. Las relaciones filogenéticas ubican el *Plasmodium* sp. linaje estrechamente relacionado con *P. floridense*, un parásito descrito previamente en Colombia, mientras que *P. kentropyxi* y *P. carmelinoi* se colocan en un clado separado, estos parásitos se informaron previamente en Brasil. Linajes de hemogregarina, estrechamente relacionados con otros parásitos del mismo género reportados anteriormente en Brasil. La caracterización de estos organismos se ha efectuado principalmente por medio de caracteres morfológicos, evidenciados por microscopía óptica, y, en algunos casos, por medio de análisis moleculares. El objetivo de este trabajo ha sido evidenciar la presencia de microorganismos parasitarios infectando la herpetofauna colombiana y sus características más relevantes. Esto con el fin de generar información de base que permita la formulación e implementación de planes de conservación, actividades

de suma importancia teniendo en cuenta la amplia biodiversidad de anfibios y reptiles presente en nuestro país.

**PRESENTACIÓN DE PÓSTER  
BOGOTÁ MICROBIAL  
MEETING 2019**

## ESTUDIO DE LOS FACTORES DE RIESGO ASOCIADOS A EHRLICHIOSIS Y ANAPLASMOSIS EN CANINOS, BARRANCABERMEJA, SANTANDER

**Angel Alberto Florez Muñoz, Juan Carlos Pinilla Leon, Ariel Rosas Martinez**

Universidad de Santander. Instituto Universitario de la Paz

**angelflorezmvz@hotmail.com**

Las Rickettsias son bacterias intracelulares estrictas que pueden infectar un amplio rango de animales, incluido el hombre, se consideran zoonosis emergentes. *Ehrlichia* y *Anaplasma* son las rickettsias con mayor presentación en la clínica de pequeños animales. Los estudios sobre factores de riesgo asociados a presentación de Ehrlichiosis y Anaplasmosis en caninos en Colombia son escasos. El objetivo de la presente investigación fue determinar los factores de riesgo asociados a Ehrlichiosis y Anaplasmosis en caninos atendidos en la Clínica Veterinaria UNIPAZ, Barrancabermeja. Por medio de un estudio descriptivo – retrospectivo, corte transversal. Se revisaron 75 historias clínicas, durante el período 2012-2017, con diagnóstico positivo a *Ehrlichia* spp. y *Anaplasma* spp. por pruebas serológicas (Anigen Rapid E. canis/ Anaplasma Ab test Kit ®). Los resultados se analizaron mediante estadísticos descriptivos y test de Ji-cuadrado. Se determinó Odds Ratio (OR). Se utilizó el programa IBM ® SPSS Statistics ® versión 21. La prevalencia para *E. canis* fue 57/75 (76%), para *Anaplasma* spp. fue 18/75 (24%). Para *E. canis*, en las variables sexo, edad, raza y presencia de garrapatas, no se encontró asociación estadística y tampoco factores de riesgo ( $P > 0,05$ ) con  $OR = 0,41$  sexo,  $OR = 0,96$  edad,  $OR = 0,66$  raza y  $OR = 0,7$  presencia de garrapatas. Respecto a *Anaplasma*, los machos resultaron ser un factor de riesgo, con  $OR = 2,41$  (IC95% 0,75 - 7,7), al igual que raza y presencia de garrapatas. Se observó una mayor presentación de *Ehrlichia* en las historias clínicas revisadas. Al realizar los análisis *Ehrlichia* no presentó factores de riesgo, por el contrario, en *Anaplasma* se observaron factores de riesgo asociados a su presentación.

## ACOPLAMIENTO MOLECULAR SOBRE LA PROTEÍNA dUTPasa DE *Trypanosoma cruzi* PARA EL DESCUBRIMIENTO DE POTENCIALES INHIBIDORES EN EL TRATAMIENTO DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS

John Torres<sup>1</sup>, Ángela Rojas<sup>1</sup>, Fabia López<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Grupo de biología celular y autoinmunidad, Departamento de Farmacia, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia

<sup>2</sup>Departamento de química, Universidad Nacional de Colombia.  
joatorresle@unal.edu.co

La enfermedad de Chagas, reconocida por la OMS dentro de las 17 enfermedades tropicales desatendidas, es endémica de América Latina y es causada por el parásito *Trypanosoma cruzi*. En la actualidad sólo se cuenta con dos fármacos disponibles en el mercado para el tratamiento de la enfermedad como Nifurtimox y Benznidazol. Ambos pueden presentar reacciones adversas importantes y generar resistencia por lo que la búsqueda de alternativas farmacológicas resulta necesario actualmente. De acuerdo a esto, en el siguiente trabajo se buscó determinar la proteína cristalizada de *Trypanosoma cruzi* que puede ser el blanco molecular más viable para ser inhibido buscando alcanzar objetivos terapéuticos y se realizó acoplamiento molecular sobre el mismo para determinar inhibidores con potencial farmacológico. El trabajo consistió en el alineamiento de las proteínas cristalizadas de *Trypanosoma cruzi* disponibles en PDB y la selección de un blanco molecular basado en la menor homología con proteínas humanas. Posterior a la elección del blanco se realizó preparación de la proteína elegida con Maestro y se efectuó el proceso de acoplamiento molecular con recursos de TACC usando las bases de datos de Zinc y Zinc natural compounds. Se realizó evaluación de los resultados y selección de moléculas basada en comprobación de los resultados por acoplamiento 'in house' con Autodock vina, se evaluaron propiedades moleculares relacionadas con farmacocinética usando Marvin y se evaluó potencial de toxicidad in silico usando la plataforma Xundrug. Se alinearon 271 secuencias FASTA de las proteínas cristalizadas disponibles en PDB encontradas con los parámetros "Trypanosoma cruzi". Se eligió como blanco la proteína dUTPasa considerando que ésta presenta un *query cover* menor al 10% con proteínas humanas, que se encuentra involucrada en procesos metabólicos vitales para el parásito y no se encontró literatura que reporte inhibidores viables en investigación a pesar de su alta diferenciación en relación con proteínas de actividad catalítica similar en otras especies. Se determinó que el programa Autodock Vina es capaz de reproducir el modo de unión del ligando cristalizado ( $\leq 2.0$  Å RMSD) por lo que resultaba viable usar recursos de TACC para la búsqueda de inhibidores. Se evaluaron las 1000 moléculas de cada base con mejor puntuación en el alineamiento y se encontró que 7 moléculas cumplen con los requisitos de energía libre de unión calculada, adecuado perfil farmacocinético y bajo potencial de toxicidad evaluada in silico para ser potenciales inhibidores de la enzima encontrándose viabilidad en moléculas como la 4-(3-(3(trifluorometil)fenil)isoxazol-5-il)piridin-2-amina para posterior investigación. Este trabajo permitió identificar un blanco molecular poco explorado en *Trypanosoma cruzi* como la dUTPasa y se pudo determinar que existen por lo menos 7 moléculas disponibles comercialmente que pueden ser evaluadas como potenciales fármacos para tratamiento de enfermedad de Chagas lo que resulta importante considerando la baja oferta de alternativas farmacológicas para esta enfermedad.

## IDENTIFICACIÓN DE FACTORES ASOCIADOS A PROMOCIÓN DE CRECIMIENTO VEGETAL EN *Bacillus subtilis* ATCC 6633 Y *Pseudomonas extremaustralis* CMPUJ U515 Y PERSPECTIVAS EN EL CULTIVO DE TOMATE

Adriana Carolina Rojas Arias, Yudi Carolina Rodríguez Mirque, Silvio Alejandro López-Pazos

Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño

alejandrolopezpazos@uan.edu.co

El tomate, taxonómicamente denominado como *Solanum lycopersicum*, es una fuente rica en vitaminas A, B1, B2, B6, C y E, y de minerales como fósforo, potasio, magnesio, manganeso, zinc, cobre, sodio, hierro y calcio. Tiene un importante valor nutricional ya que incluye proteínas, carbohidratos, fibra, ácido fólico, ácido tartárico, ácido succínico y ácido salicílico. Este cultivo es altamente generador de empleo. En Colombia se calcula que una hectárea requiere alrededor de 160 jornales por ciclo de producción, lo cual representa alrededor de 2.309.440 jornales utilizados en el país anualmente en este cultivo. Las bacterias promotoras de crecimiento vegetal representan un grupo que se asocia con las plantas produciendo efectos benéficos por medio de mecanismos directos como la fijación de nitrógeno, o la solubilización de fosfatos, e indirectos como el biocontrol de patógenos. Se ha demostrado a través de diversos estudios que el género *Bacillus* tiene la capacidad de promover el crecimiento vegetal y que posee actividad de biocontrol de patógenos, razón por la que se han estudiado sus potencialidades en procesos de biotecnología agrícola. La promoción de crecimiento vegetal por este género se lleva a cabo de forma directa o indirecta: de forma directa presenta potencial en la producción de hormonas reguladoras de crecimiento vegetal, solubilizar fosfatos y tiene efecto en la fijación biológica de nitrógeno; de forma indirecta es capaz de producir sustancias antagónicas de patógenos. *B. subtilis* es una bacteria esporuladora, que posee capacidad de promover el crecimiento en diversos cultivos como tomate, maíz, y espinaca entre otros. El género *Pseudomonas sp.* corresponde a bacterias Gram negativas que se han descrito ampliamente para la promoción de crecimiento vegetal. *P. extremaustralis* es una bacteria psicrófila cuyo genoma ha sido secuenciado, se caracteriza por la producción de biopolímeros, que sería una estrategia para soportar bajas temperaturas. En este trabajo se evaluó la capacidad de *B. subtilis* ATCC 6633 y *P. extremaustralis* CMPUJ U515 para la promoción de crecimiento en frijol. Se determinó cualitativamente que ambas bacterias poseen características relacionadas con promoción de crecimiento: fijación de nitrógeno, solubilización de fosfatos, producción de sideróforos y proteasas, síntesis de la enzima catalasa, generación de ácido indole acético y motilidad. Se implementó la producción de inóculos a partir de estas bacterias ( $1 \times 10^{10}$  UFC/mL) para su evaluación en promoción de crecimiento en tomate a escala de laboratorio usando suelo estéril, usando *P. aeruginosa* PAO1 como control positivo. Se encontró que las bacterias estimulan el crecimiento de la raíz, tallo, aumento de peso y tamaño de las hojas. Adicionalmente se analizó el proteoma *in silico* de *P. extremaustralis* en cuanto a genes relacionados a promoción de crecimiento vegetal, identificándose varios determinantes específicos. Este trabajo es un primer acercamiento del uso de estas bacterias para su aplicación en promoción de crecimiento en la cadena productiva del tomate.



# CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DEL SISTEMA BIOLÓGICO *Bacillus thuringiensis kurstaki* HD-1, PLANTA DE PAPA Y *Tecia solanivora*

**Silvio Alejandro López-Pazos**

Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño

[alejandrolopezpazos@uan.edu.co](mailto:alejandrolopezpazos@uan.edu.co)

El cultivo de la papa (*Solanum tuberosum*) constituye la principal actividad económica primaria del piso térmico frío en Colombia, fundamental para nutrición de cerca de 100 mil familias y que cubre alrededor de 180000 hectáreas anuales. El uso de plaguicidas representa el 20% de costos totales de producción, siendo por tradición la única alternativa de control ante problemas fitosanitarios. *Tecia solanivora* (Lepidoptera: Gelichiidae) es una plaga de la papa originaria de Centroamérica. Las larvas de *T. solanivora* causan daños directos a los tubérculos tanto en campo como en almacén, lo cual ocasiona pérdidas económicas por rechazo del material, además contribuye al incremento de agroquímicos y costos de producción. Las proteínas Cry de la bacteria entomopatógena *Bacillus thuringiensis* (Bt) tienen actividad hacia insectos plaga de los órdenes Lepidoptera, Coleoptera, y Diptera. Estas proteínas se caracterizan por alta diversidad genética y propiedades estructurales que resultan en especificidad y alta potencia, en una correlación con su mecanismo de acción que corresponde a la relación bacteria - invertebrado. Se han propuesto diferentes mecanismos de acción para las proteínas Cry que implican solubilización de toxinas, activación proteolítica y unión al receptor caderina en el intestino medio del insecto, donde se dan dos posibilidades: (i) reconocimiento de un segundo grupo de receptores y formación de poros que inducen muerte del insecto; (ii) iniciación de cascada de señalización con hinchazón celular y/o citotoxicidad. Además se ha encontrado que las bacterias producen lipopéptidos que inducen resistencia sistémica inducida (ISR) en plantas ante el ataque de insectos que dependen de cascadas de señalización que pueden activar diferentes sistemas de defensa. Aquí, se describe la caracterización bioquímica de la interrelación Bt – insecto plaga - planta, usando la cepa Bt *kurstaki* HD-1 (Dipel TM), *T. solanivora*, y planta de papa, basado en microscopia de contraste de fase, PCR, SDS-PAGE, ensayo biológico, modelado tridimensional *in silico* de proteínas Cry híbridas (por intercambio de dominios), y determinación de genes relacionados con ISR en plantas ante el ataque de insectos, y las enzimas relacionadas con síntesis de lipopéptidos en Bt *kurstaki* HD-1. La cepa Bt *kurstaki* HD-1 presenta cristales bipiramidales en su fase estacionaria, con presencia de genes *cry1* en reacción de PCR implementada con el diseño experimental de Taguchi. Las proteínas Cry1 presentaron un peso de 130 kDa. En los ensayos biológicos se encontró una CL50 de 0,9 ng/cm<sup>2</sup> de dieta de cristales purificados de Bt *kurstaki* HD-1 sobre larvas de primer instar de *T. solanivora*. Se diseñó una proteína Cry híbrida *in silico* (Cry1Ac-Cry1Ba-Cry1Ac), donde se identificó presencia de loops diferenciales en el dominio II que correlaciona con la actividad biológica. En el análisis de genes relacionados para ISR se encontraron más de 10 genes relacionados con producción de lipopeptidos en el genoma de Bt *kurstaki* HD-1, y más de 60 genes en el genoma de la papa asociados a ISR específica ante ataque de insectos inducida por el género *Bacillus* sp. Este estudio aporta evidencia de la toxicidad de la cepa de Bt *kurstaki* HD-1 y sus genes *cry* relacionados, el diseño de una proteína híbrida Cry1Ac – Cry1B por intercambio de dominios dirigidos a la mejora de la actividad biológica de la proteína *in vivo*, y estudio de la interacción de la bacteria y la planta ante el ataque de insectos.

# DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE AISLAMIENTOS DE *Staphylococcus aureus* RESISTENTE A METICILINA (SARM) CON RESISTENCIA INTERMEDIA HETEROGÉNEA A VANCOMICINA (hVISA), EN PACIENTES CON BACTERIEMIA EN LATINOAMÉRICA

Monica L. Vargas<sup>1,2</sup>, Betsy E. Castro<sup>1</sup>, Angie K. Hernández<sup>1</sup>, Lina V. Millan<sup>1</sup>, Rafael Rios<sup>1</sup>, Lina P. Carvajal<sup>1</sup>, Carlos Seas<sup>3</sup>, Jose M. Munita<sup>4,5,6</sup>, Cesar A. Arias<sup>1,6</sup>, Jinnethe Reyes<sup>1</sup>, Lorena Diaz<sup>1,5,6</sup>.

<sup>1</sup>Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana, Universidad El Bosque, Bogotá

<sup>2</sup>Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

<sup>3</sup>Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú

<sup>4</sup>Clínica Alemana de Santiago, Universidad del Desarrollo, Chile.

<sup>5</sup>Millennium Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance

<sup>6</sup>Center for Antimicrobial Resistance and Microbial Genomics, UTHealth McGovern, Houston USA

[mlvargasa@unal.edu.co](mailto:mlvargasa@unal.edu.co)

Vancomicina (VAN) es un antibiótico de primera línea para el tratamiento de infecciones severas por SARM, particularmente en Latinoamérica donde otras alternativas son limitadas. Si bien se sabe que la resistencia a alto nivel de VAN es poco frecuente, la prevalencia de la resistencia intermedia (VISA) y especialmente de VISA heterogénea (hVISA) sigue siendo desconocida. Además, los mecanismos moleculares que llevan al desarrollo de VISA/hVISA aún no están claros. Dado que hVISA se asocia con fallas terapéuticas, la detección y caracterización de este fenotipo son necesarias. En este estudio evaluamos la prevalencia de hVISA en aislamientos SARM causantes de bacteriemia en Latinoamérica, y exploramos huellas genéticas asociadas con este fenotipo para proporcionar datos que permitan desarrollar una plataforma genómica para identificar estos aislamientos. Evaluamos un total de 538 aislamientos SARM recolectados en un estudio prospectivo de bacteriemias en nueve países de Latinoamérica (2011-2014): Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Guatemala, México, Perú y Venezuela. Todos los aislamientos fueron susceptibles a VAN por dilución en agar ( $MIC_{90} = 1 \mu\text{g/mL}$ ), todos se analizaron mediante pruebas de detección en agar suplementadas con VAN y teicoplanina, y los aislamientos positivos se sometieron a GRD y a E-test Macrométodo (MET); luego realizamos el análisis PAP/AUC para los positivos. Posteriormente se realizó secuenciación de genoma completo en plataforma Illumina. Basados en estudios previos, seleccionamos 46 genes asociados al desarrollo de hVISA. Se realizaron alineamientos múltiples por Blast usando como genomas de referencia: ATCC29213 y N315 (VSSA), Mu3 (hVISA) y Mu50 (VISA). Un total de 230 aislamientos (43%) fueron positivos por pruebas en agar y 30 (5.6%) fueron positivos por GRD y MET. La mayor prevalencia hVISA se observó en Perú (19%) y Chile (12%), y ningún aislamiento se detectó en Colombia, México, Guatemala o Venezuela. De los 30 aislamientos, 28 se asocian al ST5, uno al ST1341 (SLV de ST239) y uno al ST20. Usando la cepa de referencia Mu3, 3 (0.56%) aislamientos fueron confirmados como hVISA por PAP/AUC. Encontramos un total de 130 cambios en 46 proteínas predichas pertenecientes a 8 categorías funcionales: 48 cambios relacionados con biogénesis de pared celular, 22 al procesamiento de ADN/ARN, 17 a sistemas reguladores, 12 a cofactores y enzimas, 11 a biosíntesis de membrana, 9 a virulencia, 6 al metabolismo de aminoácidos, y 5 a transporte. Huellas genéticas previamente reportadas como H481N en RpoB; L14F y R222K en Walk; L26F y T224I en GraS; L218P, R283H, G312D y M202T en TcaA, fueron encontradas en este estudio. Las proteínas con el mayor número de cambios en los aislamientos confirmados por PAP/AUC fueron: CapP, DltA, Pbp4, TcaA, LytM (biogénesis de pared); MutL, RpoB (procesamiento de ADN/ARN); GraS (sistemas reguladores); y PgsA (biosíntesis de membrana). Basados en las pruebas E-test, determinamos una prevalencia de hVISA de 5.6% en aislamientos SARM causantes de bacteriemia en Latinoamérica. Sin embargo, por PAP/AUC solo 3 (0.56%) fueron confirmados. Los cambios en genes asociados con biogénesis de la pared celular, procesamiento de ADN/ARN y sistemas reguladores, fueron

los más frecuentes en las cepas hVISA. Las huellas genéticas H481N en RpoB; L14F y R222K en WalK; L26F y T224I en GraS; L218P, R283H, G312D y M202T en TcaA, estarían potencialmente asociadas al fenotipo. Estos cambios podrían usarse para desarrollar una plataforma para la posible identificación de aislamientos hVISA.

# EVALUACIÓN DEL POTENCIAL CELULOLÍTICO POR BACTERIAS Y HONGOS A DIFERENTES CONCENTRACIONES DE DIÉSEL DE SUELO NO PERTURBADO Y DISTURBADO DEL PIEDEMONTE LLANERO OBTENIDO DEL INSTITUTO AGRÍCOLA GUACAVÍA EN EL MUNICIPIO DE CUMARAL (META)

José David Salinas Vera, María Alexandra Méndez Leal, Cesar Augusto Riveros Romero

Facultad de Ingeniería Ambiental-Universidad Santo Tomás sede Villavicencio.  
josesalinasv@usantotomas.edu.co

El estudio presenta la viabilidad y capacidad de bacterias y hongos endémicos en el mantenimiento de la capacidad de producir enzimas celulolíticas? células, uno de los roles primordiales del ciclaje de los nutrientes y la productividad ecosistémica en suelos, ante el vertimiento accidental o incidental de combustibles derivados del petróleo como el diésel. La cercanía de cultivos a la malla vial del departamento, vinculada con el uso operativo de maquinaria agrícola y la dependencia al uso de combustibles de origen fósil, incrementa el riesgo latente a vertimientos de crudo de petróleo o sus derivados, impactando de manera negativa al entorno ecológico provocando un desequilibrio en el entorno biótico y abiótico. Los efectos biológicos y ambientales –alteración de flora, fauna y microbiota– que se presentan luego de un derrame de Diésel u otros derivados de los hidrocarburos sobre el suelo, son causados por las propiedades intrínsecas del compuesto químico; tales como sus elevados rangos en el número de átomos de carbono, los cuales resultan tóxicos para el entorno. Dichos derrames se ven influenciadas por características físicas, químicas y biológicas del suelo y por las condiciones climatológicas del entorno. Entre los materiales que forman los suelos del piedemonte llanero, se ubican los entisoles, inceptisoles, molisoles, ultisoles; presenta un microrelieve ondulado, texturas variadas de gruesas a finas, muy fuertemente ácidos, fertilidad baja, toxicidad por aluminio, relieve de aBanicos antiguos y una litología de sedimentos mixtos aluviales que recubren depósitos de cantos y grava bastantes alterados, se caracterizaron los suelos del estudio como inceptisoles; los cuales presentan procesos de meteorización y bajo contenido de materia orgánica. Se planteó como problema ¿Cómo varían las correlaciones entre las distintas concentraciones de Diésel y la presencia de bacterias y hongos con actividad celulolítica, para determinar el potencial enzimático, en suelos de vocación agrícola extraído de predios de la Institución Educativa Agrícola de Guacavía, en un periodo de cuatro meses?, por lo cual, se simuló un vertimiento de combustible en condiciones controladas, empleando suelo del piedemonte llanero; procesado para aislar y analizar el potencial celulolítico de bacterias y hongos endémicos, en laboratorios de la Universidad Santo Tomás Sede Villavicencio (Meta); teniendo como hipótesis “En un suelo con vocación agrícola existen bacterias y hongos con actividad celulolítica las cuales reducen su actividad enzimática entre mayor sea la concentración de diésel en el área.” La metodología planteada, se emplearon tratamientos conteniendo 7 kg de suelos tamizado al 0,2 mm, se contaminaron artificialmente, por triplicado, con las concentraciones de diésel 0 g/kg, 2,5 g/kg, 6,1 g/kg y 9,8 g/kg, donde se aislaron cepas con actividad celulolítica, sobre medio sólido a diferentes concentraciones de cCarboximetilcelulosa (0,5, 1 y 2%), revelando la actividad enzimática con rojo congó al 1% (p/v), obteniendo que el 33% de las cepas de hongos filamentosos con la propiedad, tan solo el 23,1%, cepas N0h1, N1h2 y N2h3, demostraron mayor capacidad de hidrólisis, se identificaron como *Aspergillus* sp. Del 67% de las cepas bacterianas encontradas, solo el 11,3% presentó una mayor capacidad celulolítica, siendo identificadas en su mayoría como *Pseudomonas* sp. y *Bacillus* sp.; finalmente, de acuerdo con el índice de Pearson se estableció que las cepas N0b1 y N2b2 poseen el mayor potencial celulolítico, siendo de interés para ser empleadas en procesos de recuperación de suelos impactados con vertimientos de diésel.

## EVALUACIÓN DEL POTENCIAL BIOCONTROLADOR DE HONGOS AISLADOS EN EL LABORATORIO DE INGENIERÍA AMBIENTAL, EMPLEANDO MEDIOS DE CULTIVO ALTERNATIVOS

**Astrid Carolina Sanchez Viracacha, Ivan Alejandro Avila Leon, Lina Marcela Guavita Huerfano, Jhoanna Milena Camargo Cortes**

Semillero de investigación en ingeniería de bioprocesos, Facultad de Ingeniería Ambiental, Universidad Antonio Nariño

asanchez695@uan.edu.co

La agricultura moderna sufre una crisis ambiental preocupante, debido a prácticas agrícolas intensivas, fomentadas por el alto consumo de insumos que traen consigo la degradación de los recursos naturales, por medio de procesos de erosión, desertificación, contaminación por pesticidas, fungicidas y fertilizantes que hacen generar pérdidas progresivas en la productividad de los cultivos y consigo incidir en efectos deletéreos sobre las poblaciones microbianas del suelo. Por ello nace el concepto de agricultura sostenible que impulsa la necesidad de realizar ajustes frente a la agricultura convencional, integrándose enfoques sociales, ambientales y económicos. Una alternativa es desarrollar un sistema capaz de no ser dependiente de los agroquímicos y que más bien sean técnicas que interactúen con productos a bases de microorganismos viables para el desarrollo de los cultivos, prevaleciendo la fertilidad del suelo, recuperando el balance de biocontroladores naturales y promoviendo el crecimiento vegetal. Por esta razón nace el interés de evaluar el potencial de hongos aislados en el laboratorio de Ingeniería Ambiental de la Universidad Antonio Nariño, como posibles antagonistas en medios de cultivo alternativos. Para ello se identificaron características macroscópicas y microscópicas de 4 cepas de hongos provenientes de: madera en descomposición (hongo verde y hongo blanco), lodos activados (hongo rosa) y aislado de una contaminación en caja Petri (hongo verde oliva). Para su identificación preliminar se utilizaron técnicas de siembra en placa Petri y microcultivo en medios agar papa dextrosa (PDA) y agar salvado de trigo (AST); dadas sus estructuras morfológicas se pudo evidenciar que estos hongos podrían pertenecer a los géneros de *Trichoderma sp* (hongo verde), *Acremonium sp* (hongo blanco), *Penicillium sp* (hongo verde oliva) y *Fusarium* (hongo rosa); en el caso de crecimiento en los medios de cultivo se pudo observar que en el medio AST hubo mayor rapidez de crecimiento de los hongos, puesto que este medio contiene una composición nutricional importante, como algunos compuestos recalcitrantes bioactivos (lignina, celulosa, hemicelulosa) proteínas, minerales y sales macro y micro que en últimas favorecieron el desarrollo del hongo. Por otro lado se hicieron enfrentamientos duales de los hongos en medios AST y agar Müller Hinton (AMH) con el fin de ver si existía algún tipo de antagonismo entre ellos (se tomaron 5 enfrentamientos en total) se obtuvo que entre los enfrentamientos *Trichoderma vs Fusarium* y *Penicillium vs Fusarium* se producía una barrera de defensa de 0.2 mm en el primero y en el segundo caso se presentó un crecimiento expansivo y una producción de clamidosporas por parte de *Trichoderma sp* alrededor de *Fusarium sp* que indicaron antagonismo. En conclusión se puede decir que las cepas tienen una preferencia en el medio AST porque estos géneros tienen capacidades metabólicas de producir enzimas celulolíticas (hongo verde oliva) y ligninolíticas (hongo rosa, hongo verde, hongo blanco) que rompen los polímeros presentes en el salvado dejándolos fácilmente disponibles; por lo tanto este medio puede ser usado para pruebas antagonistas de hongos lignocelulósicos. Además, se pudo evidenciar antagonismo en dos enfrentamientos por la presencia de un mecanismo de competencia por espacio, barrera de incompatibilidad entre las cepas y formación de estructuras de resistencia (clamidosporas) que son muy comunes en el género de *Trichoderma*; estas pruebas presentadas demuestran que estos hongos antagonistas pueden ser usadas para control biológico.

## EFFECTO DE LA SALINIDAD SOBRE GENES ASOCIADOS A CICLOS BIOGEOQUÍMICOS DEL MANGLAR DE LA DESEMBOCADURA DEL RÍO RANCHERÍA, LA GUAJIRA.

**Javier Vanegas<sup>1</sup>, Vanessa Sandoval-Figueredo<sup>2</sup>, Maria Camila Rodelo<sup>2</sup>, Juan Pablo Isaza<sup>1</sup>, Ingrid Figueroa-Galvis<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Antonio Nariño, sede circunvalar, Cra 3 Este No. 47 A 15, Bogotá, Colombia.

<sup>2</sup>Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Calle 28 No. 5B-02, Bogotá, Colombia.

<sup>3</sup>Universidad Nacional de Colombia, Carrera 45 No. 26-85, Bogotá, Colombia.

**avsandoval96@gmail.com**

Los manglares son ecosistemas altamente productivos debido a la actividad de una gran variedad de microorganismos del suelo claves en el ciclaje de nutrientes que actúan bajo variaciones estacionales y diarias de salinidad. Sin embargo la hipersalinización del suelo un problema ambiental actual, puede alterar la estructura microbiana y por ende su potencial funcional, por lo tanto comprender cómo estos responden a un aumento de sal es esencial para predecir la vulnerabilidad del ecosistema al cambio ambiental. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de la salinidad sobre genes asociados a ciclos biogeoquímicos Nitrógeno, Azufre y Metano en un manglar alterado de la Guajira por medio de un análisis metagenómico. Para esto se muestrearon tres puntos contrastantes en salinidad (H: 61,52 ‰, M: 14,61 ‰, L: 2,80 ‰), se extrajo el ADN total, se secuenció por *Illumina HiSeq*, se anotó con *MEGAN 5* y se asignaron las secuencias con la base de datos *KEGG*. El análisis estadístico y gráfico se realizó con la página web *Microbiome Analyst* y *STAMP*. Se encontró que los genes asociados al ciclo del Metano obtuvieron las mayores abundancias, seguido de los genes del ciclo del N y S. El ciclo del Metano fue favorecido por la salinidad. Se detectaron más genes marcadores de salinidad alta entre los tres ciclos. Sin embargo, la salinidad baja favoreció la abundancia de glutamina sintetasa (*glnA*) del ciclo del N, la salinidad media de sulfato adeniltransferasa (*sat*) del ciclo del S y la salinidad alta de la piruvato, agua dikinasa (*pps*) del ciclo del Metano. Los resultados revelan que la salinidad influyo sobre la abundancia de las categorías funcionales, mas no determino su presencia, ya que el potencial funcional en los tres puntos contrastantes de salinidad se mantuvo.

## EVALUACIÓN DE ACTIVIDADES ENZIMÁTICAS DE AISLADOS BACTERIANOS DE INTESTINO DE CACHAMA BLANCA (*Piaractus brachypomus*)

Jessica Alejandra Piñeros Ochoa, Víctor Castañeda Monsalve, Omar Camargo, Claudia Ximena Moreno Herrera

Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección. Universidad Nacional de Colombia-Sede Medellín, Calle 59A No 63 – 20 Bloque 19A Laboratorio Biología celular y Molecular, Medellín –Colombia.  
japineroso@unal.edu.co

La cachama blanca (*Piaractus brachypomus*) es considerada como la segunda mayor especie piscícola en el ámbito nacional, con mayor potencial productivo y comercial. Debido a su importancia, es necesario estudiar la complejidad de su microbiota gastrointestinal y el potencial biotecnológico de los microorganismos presentes. En este trabajo se analizaron aislados de microbiota intestinal asociada a cachama blanca por presentar características de potenciales patógenos o probióticos. Se seleccionaron 9 aislados de la microbiota de cachama blanca de acuerdo con su caracterización e identificación. Los aislados indentificados como *Aeromonas hydrophila* (AN J2), *Plesiomonas shigelloides* (MK J8B), *Edwarsiella tarda* (MK A12A), *Enterococcus sp.* (M17 J8), *Bacillus sp.* (AN A11), *Enterobacter sp.* (M17 A5) y (AN J5B), *Enterococcus faecium* (AN A14) y *Lactococcus lactis* (M17 J11) fueron reactivadas y se les evaluó la presencia de la enzima catalasa, la capacidad hemolítica y la sensibilidad a diferentes antibióticos de interés en la acuicultura (oxitetraciclina, florfenicol, tetraciclina, eritromicina y estreptomycin). A las últimas 4 cepas se les evaluó además la capacidad de tolerancia a condiciones de estrés, a pH, y a sales biliares. Los aislados se caracterizaron como anaerobios facultativos y, los estudios enzimáticos indicaron que los aislamientos bacterianos *A. hydrophila*, *P. shigelloides*, *E. tarda* y *Bacillus sp.* (AN J2, MK A12A, MKJ8B, AN A11) mostraron actividad catalasa. Los aislados *A. hydrophila* y *Bacillus sp.* (AN J2, AN J11) poseen la capacidad de hemólisis  $\beta$ , *E. tarda* (MK A12A) presentó hemólisis  $\alpha$ , y *P. shigelloides* (MK J8B), junto con los aislados potencialmente probióticos presentaron hemólisis  $\gamma$ . Frente al ensayo de resistencia a los antibióticos, *Enterococcus sp.* (M17 J8) presentó resistencia a múltiples antibióticos. *A. hydrophila* (AN J2), *P. shigelloides* (MK J8B), *E. tarda* (MK A12A), *Enterococcus sp.* (M17 J8), *Bacillus sp.* (AN A11), *Enterobacter sp.* (M17 A5) y (AN J5B), *Enterococcus faecium* (AN A14) y *Lactococcus lactis* (M17 J11) fueron sensibles a oxitetraciclina, tetraciclina y florfenicol. Los aislados *Enterobacter sp.* (M17 A5) y (AN J5B), *Enterococcus faecium* (AN A14) y *Lactococcus lactis* (M17 J11) mostraron ser tolerantes a las condiciones de estrés evaluadas, las cuales se correlacionan con la supervivencia en el tracto gastrointestinal. Los ensayos realizados proporcionaron una información relevante sobre la actividad enzimática de los aislados del intestino de cachama blanca, se discuten las posibles implicaciones para el papel de estas bacterias en la digestión y los procesos fisiológicos. Según los criterios dados por la FAO para la utilización de cepas probióticas se tienen cuatro potenciales aislados, a los cuales es conveniente evaluarles su actividad antimicrobiana y capacidad de adherencia a la mucosa intestinal, para determinar cuál sería el mejor candidato.

## **SIMULACIÓN MULTIFÍSICA DE ATRAPAMIENTO HIDRODINÁMICO DE *S. cerevisiae***

**David Duran<sup>1</sup>, Juan Manuel Pedraza<sup>1</sup>, Ivon Acosta<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>Universidad de los Andes

<sup>2</sup>Universidad Distrital Francisco Jose de caldas

**acostamanuela280@gmail.com**

La levadura *Saccharomyces cerevisiae* es un organismo modelo utilizado para el estudio de envejecimiento en células eucariotas. El método tradicional con el que se estudia el envejecimiento usa micromanipuladores lo cual lo hace difícil, haciendo que consuma mucho tiempo y a la vez muchos recursos. Como alternativa a estos métodos tradicionales han surgido diferentes plataformas de microfluidos que simplifican este proceso. Sin embargo, todos estos métodos usan atrapamiento mecánico el cual ejerce presión sobre la célula. La presión en la célula puede afectar la expresión genética lo cual sesgaría los resultados de estos experimentos. Como alternativa, proponemos una plataforma que no use atrapamiento mecánico sino hidrodinámico. Este dispositivo debe lograr el objetivo de atrapar la célula madre, para dejar escapar las células hijas. Para lograr esto se necesita un ajuste muy preciso de los flujos. Para diseñar este dispositivo se realizaron simulaciones multifísicas con el fin de probar diferentes parámetros y seleccionar los óptimos. En este trabajo, presentamos los resultados de estas simulaciones y su aplicación experimental para el desarrollo de una plataforma que automatice las mediciones de envejecimiento en levaduras. Las simulaciones se realizaron usando COMSOL Multiphysics 4.3 con procesador Intel Core 2 Duo de 2 GHz y RAM 4GB y un sistema operativo de 64 bits. Se usaron técnicas estándar de fotolitografía para la fabricación del master y técnicas estándar de Soft-lithography para la elaboración del chip. Se inyectaron los fluidos usando una syringe pump Harvard Apparatus. Se usó un microscopio Carl Zeiss invertido y adquisición automática de imágenes con Micromanager. Se usaron levaduras *S. cerevisiae* BY4741 crecidas en medio Synthetic Dropout con 2% glucosa. Se simuló el flujo en un canal de acuerdo a los parámetros obtenidos por el atrapamiento con la geometría adecuada y así obtener resultados de cada uno y corroborarlo con el experimento real. Se construyó un dispositivo de microfluidos para realizar mediciones dinámicas en levaduras a nivel de células individuales. Se encontraron los parámetros óptimos para el dispositivo de microfluidos. Se construyó un sistema de microfluidos con los parámetros obtenidos de la simulación. Se atraparon células en el dispositivo con el fin de realizar las mediciones dinámicas.



## **ANÁLISIS FILOGENÓMICO DE ROTAVIRUS ONCOLÍTICO**

**Diana Katherine García Garay**

Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia  
Laboratorio de biología molecular de virus, Universidad Nacional de Colombia  
**dkgarciag@unal.edu.co**

Los virus oncolíticos nacieron como alternativa al uso de las quimio y radio terapias, dado que estos virus presentan un mayor afinidad con respecto al hospedero, y por tanto puede disminuir los efecto secundarios sobre el resto del cuerpo, en comparación con los tratamientos tradicionales. El profesor Carlos Guerrero, del laboratorio de biología molecular de virus, de la universidad nacional de Colombia, ha tomado a los Rotavirus como potencial oncolítico por ciertas características de este. A partir de esto, el profesor realizó una serie de mezclas con diferentes cepas de rotavirus, para seleccionar aquellas partículas que crecieran únicamente en líneas tumorales (que se les llamó TRUYO, WMW, Wt1-5, EcWt-o y WTEW). Para conocer más a fondo sobre los virus adaptados se mandó a secuenciarlos por la técnica de Illumina, pero los resultados arrojaron que el genoma tenía más homología con reovirus que con rotavirus. Por esto, se quiso hacer un nuevo análisis de las muestras rotavirales, por medio de varias técnicas de diagnóstico (electroferotipos, inmunofluorescencia y PCR), así como un nuevo análisis de las secuencias obtenidas, para verificar si las muestras seguían siendo rotavirus y observar si había presencia o no de reovirus en estas, así como hacer un primer acercamiento a la filogenia que presentan los nuevos rotavirus. Lo que se pudo encontrar con los resultados obtenidos, es que hay presencia de proteínas asociadas a reovirus, pero que cualitativamente se ve una mayor presencia de rotavirus, y además el genoma secuenciado sigue teniendo una mayor homología a reovirus. Por otra parte, se pudo determinar una gran cantidad de información con respecto a la filogenia del genoma de cada rotavirus oncolítico, como por ejemplo que el virus TRUYO tiene una mayor cantidad de genoma asociado a su parental bovino y simiano, que al resto, que el virus EcWt-o ha tenido varios cambios puntuales que a la hora de ser comparado con una base de datos global (GenBank) presenta mayor homología con un virus humano que con uno de ratón, entre otros resultados. Lo anterior, sugiere que hay que realizar una continuación a este trabajo para determinar una posible contaminación con reovirus, y realizar una purificación de los rotavirus oncolíticos, con el fin de evaluar nuevamente todos los parámetros y observar si ahora solo hay presencia de rotavirus, y ver si la filogenia realizada inicialmente corresponde con la que se haga para las nuevas muestras purificadas.

## EVALUACIÓN DE MÉTODOS DE CONSERVACIÓN PARA BACTERIAS ACIDÓFILAS DEPOSITADAS EN EL CEPARIO DEL INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

Daniela Aguirre Rodríguez<sup>1</sup>, Carlos Eduardo Barragán<sup>1,2</sup>, Marco Antonio Márquez<sup>2</sup>, Dolly Montoya Castaño<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Bioprocesos y Bioprospección, Instituto de Biotecnología UN.

<sup>2</sup>Grupo de Mineralogía aplicada y bioprocesos, Facultad de Minas, UN Sede Medellín.

daguirrer@unal.edu.co

Las bacterias acidófilas quimolitoautótrofas del género *Acidithiobacillus spp.* tienen un potencial uso en biominería y pueden ser conservadas en forma de cultivos activos preservados en medio líquido acidificado (pH 2 - 3) a baja temperatura durante meses, o congeladas por métodos convencionales. Los métodos de congelación con criopreservantes no son reproducibles en cuanto a tasas de viabilidad y varían entre especies y/o cepas. Actualmente el cepario del Instituto de Biotecnología (IBUN) cuenta con varias cepas nativas de *Acidithiobacillus spp.* conservadas en cultivos activos mantenidos a 4°C mediante repiques cada tres a cuatro meses. Este método de conservación es laborioso, costoso, susceptible de sufrir contaminación y no garantiza la estabilidad genética de las cepas, por lo que pone en riesgo la conservación de los rasgos de relevancia biotecnológica. Por lo tanto, en la búsqueda de métodos de conservación alternativos que resulten más económicos y eficientes, se realizó el presente estudio con el objetivo de evaluar la factibilidad de la conservación por liofilización y criopreservación en dos cepas nativas de bacterias del género *Acidithiobacillus spp.* depositadas en el cepario IBUN. Se evaluó el crecimiento de dos cepas nativas (*Acidithiobacillus sp.* Pt1247-S3 y *At. ferriphilus* Ppt12) en medio con tiosulfato para establecer el valor máximo de pH tolerado por las bacterias. Tras definir el pH adecuado para obtener los cultivos de conservación, las dos cepas nativas junto con dos cepas tipo (*At. thiooxidans* ATCC 19377 y *At. ferrooxidans* DSMZ 14882) se sometieron a dos protocolos de conservación: 1) liofilización en leche desnatada con azufre o mineral y almacenamiento a 4°C; y 2) criopreservación a -80°C en glicerol (50%). Luego de 5 meses se evaluó la viabilidad de cada cepa mediante su activación y seguimiento del pH y potencial redox (Eh) durante 9 días. Su actividad metabólica fue evaluada con los mismos parámetros durante 5 días en medios con azufre o sulfato ferroso como donadores de electrones. Todos los ensayos fueron llevados a cabo por duplicado. El medio con tiosulfato a pH 6 fue seleccionado para obtener las células a conservar debido a que demostró que mantiene la viabilidad de las cepas oxidadoras de hierro y de azufre nativas. Las cepas conservadas por el método tradicional se activaron y alcanzaron la actividad metabólica correspondiente a su fase exponencial de crecimiento cerca del día 5 (pH < 1,2 o Eh > 500 mV). Tanto las cepas liofilizadas como las criopreservadas fueron viables, y exhibieron actividad metabólica (oxidación de azufre o sulfato ferroso) después de los 5 meses de conservación, aunque con ligeras diferencias entre las cepas tipo y las nativas. Tanto el método de conservación por liofilización como por criopreservación en glicerol son útiles para el mantenimiento de las dos cepas nativas de *Acidithiobacillus sp.* Estos métodos ofrecen ventajas respecto a la conservación tradicional por repiques, pues conservan la viabilidad y actividad de las cepas, y a su vez permiten reducir el espacio y los recursos empleados al manejar volúmenes mucho más pequeños, además de admitir un intervalo de tiempo de conservación superior, reduciendo el riesgo de contaminación y la tasa de mutación. Por estas razones, la liofilización y la criopreservación son consideradas buenas alternativas para conservar estas cepas acidófilas nativas y optimizar los recursos en su investigación y potencial aplicación en el sector de la biominería.

## CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN DE UNA LEVADURA AISLADA EN TERRITORIO COLOMBIANO PARA LA PRODUCCIÓN DE XILITOL

**Diana Tusso, Mario Velásquez**

Grupo de Bioprocesos Químicos y Bioquímicos, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Colombia - Sede Bogotá  
**dctussop@unal.edu.co**

Se ha despertado un interés en métodos de exploración más amigables con el medio ambiente y económicos para la producción de algunos compuestos de interés industrial, a través del uso de materias primas como la biomasa lignocelulósica y microorganismos responsables de la producción de estos compuestos por medio de su maquinaria metabólica. Por otro lado, aislados de ambientes naturales han demostrado tener un interés biotecnológico en la producción de compuestos de interés industrial. En este estudio se caracterizó y evaluó el perfil metabólico de una cepa de levadura silvestre, aislada en el municipio de Puerto López; la cual posee propiedades interesantes tanto en el consumo de hexosas y pentosas como en la producción de xilitol, compuesto con aplicaciones industriales como edulcorante. Inicialmente, se realizó su identificación taxonómica por medio del análisis de secuencias de las regiones ITS, altamente conservadas entre levaduras. También, se analizó su morfología macroscópica y microscópicamente, usando microscopía óptica y electrónica de barrido a diferentes magnificaciones. Posteriormente, se realizaron varios ensayos de fermentación en matraces en medio YP(X-D), con concentraciones entre 20 g/L, por triplicado, controlando la temperatura y la agitación 30 °C, 150 rpm; variando las concentraciones de oxígeno. En los resultados obtenidos, en los análisis realizados en las secuencias resultantes se obtuvo que la levadura es perteneciente a *Candida tropicalis*, su microscopía se caracteriza por tener una forma unicelular alargada en comparación con otras levaduras, se presentan gemaciones durante la fase exponencial y cuando se encuentra en condiciones de estrés forma pseudohifas. En relación a las fermentaciones, se demostró que la levadura es capaz de asimilar tanto las hexosas como las pentosas individualmente. Cuando se usó glucosa como fuente de carbono a una concentración de aproximadamente 20 g/L. Se pudo evidenciar que la levadura en estas condiciones es capaz de producir metabolitos como glicerol y etanol. El glicerol es producido en muy bajas concentraciones en un periodo de tiempo entre 24 y 49 horas, posterior a eso no es posible observarlo lo que puede sugerir que al producir concentraciones tan bajas que el equipo no sea capaz de detectarlo o que fue consumido a lo largo del tiempo. Por otra parte, el etanol es producido desde la hora 24 con una concentración inicial de 6,8 g/L aumentando hasta las 71 horas de fermentación. En cuanto a su crecimiento se determinó que el tiempo de generación es de 1.30 horas. Utilizando xilosa 20 g/L como fuente de carbono en condiciones aerobias, se puede evidenciar que produce xilitol y glicerol. La producción del xilitol se da partir de las 24 horas de fermentación con una concentración de 4 g/L hasta llegar a un máximo de 19,2 g/L a las 71 h. En relación al glicerol se evidenció muy poca producción puede que suceda lo mismo que con la glucosa, sus concentraciones son tan bajas que posiblemente no puede ser detectado por el equipo o que es consumido por la levadura. Con este trabajo se ha logrado identificar características para diferenciar la levadura *Candida tropicalis* con respecto a otras especies, a pesar que la forma que más se presenta es la blastoconidea con o sin gemación y también la levadura *Candida tropicalis* es capaz de producir altas concentraciones de xilitol siendo un referente a explorar su metabolismo detalladamente.

## INFLUENCIA DE LA SALINIDAD EN TOLERANCIA A METALES PESADOS, DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA Y BIOCONTROL EN SUELO DE MANGLAR

**Andrea Muñoz-García<sup>1,2</sup>, Ziv Arbeli<sup>2</sup>, Javier Vanegas<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Antonio Nariño, Bogotá Colombia

<sup>2</sup>Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá.

**aemege1@gmail.com**

Los manglares son ecosistemas tropicales altamente productivos, ecológica y económicamente importantes, considerados puntos calientes de biodiversidad y fuente de nuevos productos de importancia biotecnológica. Presentan altas concentraciones de salinidad que fluctúan a lo largo del día y a las estaciones de sequía y lluvia. La salinidad es uno de los factores ambientales que tiene mayor impacto sobre la comunidad microbiana. Sin embargo, se desconoce la influencia de la salinidad sobre la diversidad de genes de microorganismos de importancia agrícola en manglares. Este estudio evaluó la influencia de la salinidad sobre la prevalencia de genes asociados a resistencia a metales pesados, a biocontrol y a la degradación de materia orgánica en suelos del manglar del río Ranchería-La Guajira. Se tomaron muestras de suelo en tres puntos con salinidad contrastante (23.2%, 14.7% y 2.8%), tres muestras de cada salinidad, se realizó extracción de ADN total y secuenciación *shotgun* usando la tecnología Illumina HiSeq. Las secuencias fueron alineadas mediante el software DIAMOND y la anotación de los alineamientos se realizó con el software MEGAN 5 utilizando KEGG Orthology con el fin de identificar enzimas con potencial biotecnológico. Para calcular la diversidad alfa y beta se empleó MetagenomeSeq. Se obtuvo un total de 294 millones de secuencias crudas a partir de las nueve muestras de ADN recolectadas. Se detectaron 81 genes involucrados en resistencia a metales pesados. De los anteriores, el gen más abundante (47% del total de lecturas) fue el gen asociado a la proteína membranal de unión a ATP de níquel, seguido por el gen que codifica para la proteína permeasa de transporte membranal de níquel y en tercer lugar el gen que codifica para la proteína de resistencia a cobalto-zinc-cadmio. Las mayores abundancias de genes se presentaron en el punto de mayor salinidad. Los resultados indican el potencial para resistencia a metales pesados. Estos genes y microorganismos podrían ser explorados para su uso en suelos poco productivos y contaminados con estos metales a través de la transformación de plantas que expresen esta tolerancia.

**ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE BACTERIAS DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE MICROORGANISMOS DE AGROSAVIA FRENTE A *Escherichia coli* O157 Y *Salmonella typhimurium***

**Carol Viviana Amaya-Gómez<sup>1</sup>, Blanca Lucía Botina Azain<sup>2</sup>, Sabrina del Carmen Jiménez<sup>2</sup>, Liz Alejandra Uribe<sup>2</sup>, Geraldine Tibasosa<sup>2</sup>, Hugo Jiménez<sup>2</sup>, David Nisbet<sup>3</sup>, Michael Hume<sup>3</sup>, Fernando Rodríguez<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Centro de Investigación La Libertad, Villavicencio, Meta.

<sup>2</sup>Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Centro de Investigación Tibaitatá, Mosquera, Cundinamarca.

<sup>3</sup>United states Department of Agriculture (USDA), Agricultural Research Service (ARS), Food and Feed Safety Research Unit (FFSRU), Texas, USA.

**bbotina@agrosavia.co**

El suministro de antibióticos al ganado y a pollos para incrementar la ganancia de peso en menor tiempo, y para curar o evitar enfermedades en los animales, es una práctica común que ha contribuido al aumento de la proliferación y la dispersión de microorganismos enteropatógenos multirresistentes a antibióticos que afectan a humanos. Los esfuerzos realizados por la industria farmacéutica han sido hasta ahora inútiles para generar nuevos medicamentos que contrarresten de manera eficaz la resistencia generada por antibióticos como la vancomicina, el linezolid, y los  $\beta$ -lactámicos de última generación. Con el objetivo de identificar nuevos compuestos antimicrobianos que contrarresten el crecimiento de los microorganismos enteropatógenos *Escherichia coli* O157 y *Salmonella Typhimurium*, 98 accesiones bacterianas del Banco de Germoplasma de Microorganismos de Agrosavia (BGMA) fueron evaluadas. Las accesiones pertenecen a diferentes especies del género *Bacillus* y *Pseudomonas* y fueron aisladas a partir de muestras de suelo rizosférico de diferentes cultivos agrícolas de 8 departamentos de Colombia. Para determinar su actividad antagónica, estas fueron inoculadas en medio deficiente en hierro (IDM) o en medio R2A por 24h. Posteriormente, se adicionaron medios semi-sólido de IDM y R2A inoculado con cada uno de los enteropatógenos. El área cuadrada del halo de inhibición fue medida con el programa Image J 1.52n. De las accesiones evaluadas, 18 cepas presentaron actividad antimicrobiana. El medio en el que se evidenció la inhibición del crecimiento frente a cada uno de los enteropatógenos varió dependiendo de la accesión del BGMA bajo estudio. El área de mayor actividad antimicrobiana ( $\text{Cm}^2 \pm \text{ES}$ ) frente a *Escherichia coli* O157 y *Salmonella Typhimurium* en IDM fue observada en una accesión de *Bacillus* sp. ( $9.43 \pm 0.80$ ) y otra de *Bacillus amyloliquefaciens* ( $7.74 \pm 0.52$ ), respectivamente. En el medio R2A, la misma cepa de *Pseudomonas* sp. presentó el área de mayor antagonismo frente a los dos enteropatógenos. Frente a *E. coli* O157 el área de inhibición fue de  $6.98 \pm 1.09$  y frente a *S. Typhimurium* fue de  $4.35 \pm 1.02$ . Nuestros resultados demuestran que la actividad antagónica exhibida por las accesiones estudiadas es influenciada por la composición del medio.

## ESTUDIO SOBRE EL EFECTO DE LA PRESIÓN SOBRE CÉLULAS DE LEVADURAS

**Ruben Acevedo, David Duran**

Universidad de los Andes

[rl.acevedo10@uniandes.edu.co](mailto:rl.acevedo10@uniandes.edu.co)

En este trabajo se busca entender el efecto que causa la presión mecánica sobre células vivas a nivel individual (single-cell). Pues se tienen algunos indicios de que este factor puede ser significativo sobre la expresión genética de las células afectando la gran mayoría de sus funciones y características. Sin embargo, no existen estudio sobre este tema. Esto es muy importante ya que la mayoría de los estudios a este nivel atrapan las células ejerciendo presiones sobre estas. Por esta razón, es importante conocer el efecto de esta presión mecánica y cómo puede afectar los resultados obtenidos. En este caso se estudiará el efecto de la presión mecánica sobre células de levadura *Saccharomyces cerevisiae*, se eligió esta muestra debido a que es fácil comparar los resultados con los existentes en la literatura. Para poder estudiar el efecto de la presión se usó el Microfluidics-Assisted Cell Screening (MACS) el cual es un sistema de microfluidos de dos niveles. En el primer nivel se encuentra el canal de flujo por donde pasa la muestra que se está estudiando, mientras que en el nivel superior se encuentra el canal de control el cual permite controlar la presión aplicada sobre la muestra. Además de controlar la presión aplicada el MACS también permite tener gran control sobre el experimento, precisión en los datos obtenidos y facilidad para replicar los experimentos. Para observar el efecto de la presión se prepararon 4 muestras de levaduras a 30°C, en medio SD con 2% de glucosa, genéticamente idénticas y se midió su expresión genética inicial. La primera muestra se usó como control, por lo que a esta no se le aplicó ninguna presión, mientras que a las otras tres muestras se les aplicó distintas presiones; Low pressure (10 psi), Medium pressure (15 psi) y High pressure (20 psi). Después de 4 horas se obtuvieron los datos con los que se usó Minitab para realizar el análisis estadístico. Con este programa se encontró que a medida que la presión aumentaba, la expresión genética de las células disminuyó. Se pudo encontrar satisfactoriamente que la presión es un factor significativo sobre la expresión genética de las células. También se encontró que el MACS es un sistema bastante útil para realizar estudios sobre células individuales. Finalmente, también se espera repetir estudios anteriores pero esta vez teniendo en cuenta los efectos de la presión, por lo que se espera tener resultados más precisos.

## DESARROLLO DE PROMOTORES TRAMPA COMO UNA ESTRATEGIA DE RESISTENCIA DE AMPLIO ESPECTRO A LA BACTERIOSIS VASCULAR DE LA YUCA

Juan Sánchez<sup>1</sup>, Camilo López<sup>2</sup>, Paula Díaz<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Estudiante de Maestría en Ciencias-Biología Universidad Nacional de Colombia

<sup>2</sup>Profesor Titular, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia

<sup>3</sup>Profesora, Departamento de Biología, Universidad Antonio Nariño

[jssanchezf@unal.edu.co](mailto:jssanchezf@unal.edu.co)

La bacteriosis vascular de la yuca, causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* (*Xam*), es la principal enfermedad bacteriana que afecta al cultivo de yuca. La virulencia de *Xam* ha sido atribuida principalmente a su repertorio de TALEs (*Transcription Activator-Like Effectors*). Trabajos recientes han permitido la caracterización del TALoma en diversas cepas colombianas de *Xam*, esto ha llevado a la identificación de los efectores TAL14, TAL20 y TAL22 como los más frecuentes en las poblaciones del patógeno. Cada TALE genera una unión altamente específica a secuencias de ADN dentro del promotoroma vegetal denominadas EBEs (Effector Binding Elements) que lleva a la activación de genes del hospedero. Con el fin de desarrollar una herramienta para producir resistencia de amplio espectro a *Xam*, en este trabajo se generó una construcción genética de un promotor trampa para los TALEs más frecuentes en los aislamientos colombianos. La construcción de los promotores trampa se llevó a cabo mutando el promotor mínimo de Bs3 (pBs3min) previamente clonado en un vector de clonación. Los EBEs 14, 20 y 22 fueron insertados por mutagénesis dirigida, para lo cual se diseñaron primers cola con cola presentando secuencias que contenían los EBEs (UniEBEs). Para la construcción de un promotor TriEBE se insertaron los EBEs 14 y 22 alrededor del EBE20. A cada uno de los vectores resultantes se les insertó el gen reportero *GUS* y el terminador 35s corriente abajo y arriba del pBs3min, respectivamente. Las construcciones fueron transferidas al vector binario pMDC32 y transformadas en *Agrobacterium tumefaciens* cepa GV3101. Se evaluó la actividad de los constructos en *Nicotiana tabacum* por medio de la inducción del gen *GUS* en hojas co-agroinfiltradas con los TALEs y los promotores trampa, a las hojas infiltradas se les realizó un ensayo histoquímico con X-Gluc y se hicieron análisis de imágenes de las fotos de las hojas para su medición. Patrones de digestión enzimática, PCRs y secuenciación permitieron confirmar la identidad de las construcciones y la correcta inserción de la cada uno de los elementos que constituyeron los promotores trampa. Igualmente se lograron obtener clones de *A. tumefaciens* con las construcciones cuya identidad fue confirmada. La evaluación funcional de los promotores sintéticos en *N. tabacum* mostró una coloración azul en hojas infiltradas con los promotores pero en ausencia de algún TAL indicando una actividad basal del pBS3min. No obstante, en hojas coinfiltradas con los promotores UniEBE y su respectivo TAL se obtuvieron intensidades en la coloración superiores a las obtenidas con la actividad basal. De igual manera, el promotor TriEBE fue activado por cada uno de los TALEs llegando a presentar una intensidad en la coloración que sobrepasó la observada con la actividad basal de pBS3min lo que permitió demostrar la activación de los promotores debido a la presencia de TALEs 14, 20 y 22 de *Xam*. Estos resultados indican que los promotores trampa generados en este estudio tienen la capacidad de ser activados por cualquier cepa de *Xam* que presente TAL14, TAL20 o TAL22 en su TALoma, planteándose como un cassette de reconocimiento para la mayoría de cepas del patógeno en el país. A futuro las construcciones obtenidas se perfilan como posibles cassetes inducibles de resistencia activados por distintas cepas del patógeno, funcionando como una estrategia alternativa para lograr una resistencia de amplio espectro a la bacteriosis vascular de la yuca.

## RELACIÓN ENTRE DIETA, SALUD CARDIOMETABÓLICA Y MICROBIOTA INTESTINAL EN UNA COHORTE DE ADULTOS COLOMBIANOS

**Angela Sofía García Vega<sup>1,2,3</sup>, Alejandro Reyes<sup>1,2</sup>, Juan Sebastian Escobar<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Grupo Tándem Max Planck en Biología Computacional. Universidad de los Andes. Bogotá. Colombia.

<sup>2</sup>BCEM Grupo de investigación en Biología Computacional y Ecología Microbiana. Universidad de los Andes. Bogotá. Colombia.

<sup>3</sup>Vidarium. Centro de investigación en nutrición, salud y bienestar. Grupo Empresarial Nutresa. Medellín. Colombia.  
[as.garciav@uniandes.edu.co](mailto:as.garciav@uniandes.edu.co)

Desde el nacimiento del Proyecto Microbioma Humano, diversos estudios han postulado la microbiota intestinal como un biomarcador de enfermedades metabólicas. Sin embargo, la microbiota intestinal es ecológicamente dinámica y compleja al depender de factores del hospedero como sexo, edad, lugar de residencia, dieta, entre otros. De los factores mencionados, la dieta es uno que se puede modificar en un individuo para promover estados de salud. Sin embargo, los estudios realizados hasta la fecha han recopilado evidencia limitada respecto a las relaciones entre microbiota intestinal y nutrientes consumidos, lo que ha llevado a proponer perspectivas alternativas en el consumo de alimentos, como el análisis de patrones alimentarios. Por lo anterior, el presente proyecto pretende, desde una perspectiva de grupos de alimentos, analizar la relación de la dieta con la microbiota intestinal en cinco poblaciones culturalmente diferentes de Colombia, con variados estados de salud cardiometabólica. A la fecha, se tiene acceso a los datos colectados por Vidarium en 2014 respecto a la microbiota intestinal y la dieta de 459 adultos de cinco ciudades del país. A estas personas se les conoce el sexo, la edad, el lugar de residencia, se tiene información clínica, dietaria, se ha caracterizado su estado de salud, así como la microbiota intestinal. Usando herramientas de biología computacional y bioinformática implementados en los programas Qiime 1.9.1 y R 3.4.3, se realizaron análisis estadísticos multivariados para determinar si diferencias en el consumo dietario de las diferentes ciudades se relacionan con diferencias en la composición de la microbiota intestinal. Se espera que dichas diferencias alimentarias se asocien con la microbiota reconocida como mediadora entre estados de salud y enfermedad en los individuos de la cohorte, específicamente con biomarcadores de enfermedad cardiometabólica. Análisis de coordenadas principales sobre la matriz de distancias de beta diversidad calculadas por el índice de Bray-Curtis para la microbiota intestinal de la cohorte, indicaron que la ciudad es la característica que mejor explica la variabilidad de la composición microbiana, seguido de la edad y el sexo. Corroborado por análisis de Adonis. También, el análisis de componentes principales (PCA) de los nutrientes consumidos muestra que, en general, no hay diferencias en el consumo de nutrientes en la totalidad de la población o por ciudades. Sin embargo, al realizar PCA por los grupos de alimentos definidos para la población colombiana, hallamos que los patrones alimentarios entre ciudades son diferentes entre sí ( $p < 0,05$ ). Adicionalmente, con el análisis multivariado implementado en el programa MaAsLin, encontramos que ninguno de los nutrientes o grupos de alimentos tiene una relación lineal con la abundancia de los microorganismos que componen mayoritariamente la microbiota intestinal en la cohorte de estudio, pero sí hallamos que hay bacterias características de las diferentes ciudades. Analizar la relación entre dieta y microbiota intestinal requiere de nuevas perspectivas, nosotros incluimos el análisis de grupos de alimentos dado que poblaciones culturalmente diferentes son prometedoras para profundizar en dichos patrones. Por lo anterior, es de interés continuar los análisis de los grupos bacterianos diferenciales de acuerdo al consumo por grupos de alimentos en las diferentes ciudades, con el ánimo de identificar aquellos microorganismos que, de forma promisoría, están relacionados con estados de salud o enfermedad en la población colombiana.



## EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS DEL POLVO DE TRUB EN LA VITALIDAD Y VIABILIDAD DE *Saccharomyces cerevisiae* CEN.PK PARA LA PRODUCCIÓN DE CERVEZA

Angie Daniela Bolaños Barbosa, Debbie Camila Suarez Benito, Luis H. Reyes Barrios

Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes

dangely05@gmail.com

El tratamiento de los residuos generados por la producción de cerveza en los últimos años ha cobrado importancia dada la preocupación de procesos ambientalmente sostenibles. Por lo anterior, la industria cervecera pretende dar valor agregado a los residuos generados y/o utilizarlos dentro de la cadena productiva. El trub es un residuo de la producción de cerveza, obtenido durante la cocción dada la precipitación de proteínas que son sensibles al calor, el cual es necesario eliminar de la cerveza por medio de un tipo especial de centrifugación en grandes depósitos conocidos como *Whirpool*. En consecuencia, con el fin de mejorar la producción de biomasa de levadura en los trenes de inoculación a los fermentadores, en el presente trabajo se determinaron los efectos de la adición de trub, en la vitalidad y viabilidad de *Saccharomyces cerevisiae* CEN.PK. Se recolectó el residuo de la cervecería Moonshine, el cuál fue secado y molido para posteriormente ser caracterizado. Se determinó el porcentaje de humedad, la solubilidad del polvo, la cantidad de cenizas, azúcares totales y azúcares reductores. Se intentó determinar el contenido de proteína total. Por medio de cromatografía líquida de alta eficiencia se determinaron las concentraciones de ácidos orgánicos, mediante absorción atómica se evaluó la presencia de metales en la muestra. Adicionalmente, se realizó un análisis de TGA/DSC para observar el comportamiento de la muestra con incrementos de temperatura. Posteriormente el trub fue utilizado como aditivo en los cultivos de crecimiento de la levadura en tres concentraciones diferentes (1, 2,5 y 5 %w/v de trub) teniendo como medio base caldo YPD. Como resultado, se obtuvo una humedad inicial del trub de 82,59%, su solubilidad de 61% a 20°C, y la cuantificación de cenizas corresponde al 7% w/w. Por otro lado, los azúcares totales corresponden a una concentración de 0,3 mg/ml y azúcares reductores a 0,26 mg/ml. En cuanto a las proteínas no fue posible determinar su concentración debido a interferencias dentro de la experimentación proporcionada por la presencia de azúcares y lípidos. Adicionalmente, contiene concentraciones bajas de ácidos orgánicos, como ácido cítrico (7,22 mg/g trub), ácido acético (6,54 mg/g trub), ácido láctico (10,10 mg/g trub) y ácido propiónico (23,36 mg/g trub), que contribuyen al control del pH óptimo para el crecimiento de *S. cerevisiae*, pero que pueden actuar de inhibidores incluso a concentraciones bajas. Los metales en mayor concentración fueron potasio, magnesio y calcio con concentraciones de 3345, 1540 y 1142 ppm respectivamente. Finalmente, con curvas de crecimiento y conteo de colonias se logró observar que la adición de trub favorece la vitalidad y viabilidad de la levadura debido a su fuente adicional de carbono, regulación de pH en el medio, y adición de metales que constituyen cofactores para las reacciones químicas necesarias para el crecimiento de la célula, dando como resultado en la experimentación mejores índices de vitalidad y viabilidad, determinados por  $\mu_{max}$  de 0,557 h<sup>-1</sup> para el cultivo batch con 2,5% w/v adición de trub y un mayor porcentaje de células viables, estos resultados se constataron mediante análisis estadísticos con un nivel de significancia del 5 %, permitiendo afirmar que esta concentración aumenta la vitalidad y viabilidad de la levadura *Saccharomyces cerevisiae* CEN.PK con respecto a los otros medios evaluados.

## FORMULACIÓN PRELIMINAR DE RIZOBACTERIAS ENTOMOPATÓGENAS DE *Tecia solanivora* INSECTO PLAGA DE LOS TUBÉRCULOS DE PAPA *Solanum tuberosum*

Emmanuel Jose Guerra Luran<sup>1,2</sup>, Jovanna Acero Godoy<sup>1</sup>, Javier Vanegas Guerrero<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

<sup>2</sup>Universidad Antonio Nariño

[ejguerra@unicolmayor.edu.co](mailto:ejguerra@unicolmayor.edu.co)

*Tecia solanivora* es uno de los mayores insectos plaga de la papa en Suramérica. Es controlada con la aplicación de pesticidas tóxicos para humanos y el ambiente. Una opción de control son las rizobacterias entomopatógenas en bioformulados con transportadores económicos y de fácil adquisición. El objetivo consiste en realizar una formulación a base de rizobacterias entomopatógenas de *T. solanivora* en tres excipientes, para esto se determinó la viabilidad bacteriana en turba, roca fosfórica y ceniza volante utilizando un medio mínimo por un periodo de 90 días a temperatura ambiente medio, siendo evaluado con la técnica de microgota. Se determinó el crecimiento bacteriano en un medio mínimo modificando la concentración de glucosa al (0,5%; 2,0% y 5,0%) y de fuente de nitrógeno (Nitrato de Potasio, Cloruro de Amonio y Sulfato de Amonio). Se determinó la actividad promotora de crecimiento y del potencial entomopatógeno de las rizobacterias bajo condiciones de materia. Las rizobacterias aumentaron la biomasa a los treinta días; destacándose la turba en obtener los mayores conteos (C47  $5 \times 10^{11}$  ufc/ml; TN106  $4,75 \times 10^{11}$  ufc/ml; TN152  $9 \times 10^{11}$  ufc/ml) seguido de la ceniza volante (C47:  $2 \times 10^9$  ufc/ml; TN106:  $2,55 \times 10^{10}$  ufc/ml; TN152:  $2 \times 10^{11}$  ufc/ml) y por último la roca fosfórica (C47  $2,55 \times 10^9$  ufc/ml; TN106  $1,7 \times 10^9$  ufc/ml; TN152  $2,8 \times 10^8$  ufc/ml). Posterior se observó un descenso relativo de la biomasa hasta cumplirse los noventa días. En relación al crecimiento bacteriano en el medio mínimo el óptimo se obtuvo con el 5% de dextrosa, para las tres bacterias. El potencial entomopatógeno contra *Tecia solanivora* fue mayor en TN152, seguido de C47 y TN106. En promoción de crecimiento la TN106 el bacteria que obtiene buenos resultados, obteniendo valores de peso seco total de 1,6 g. Una formulación a base de turba acompañada de TN152 es la mejor opción para tratar a *T. solanivora*.

## MICROBIOLOGÍA DEL BIODETERIORO DE MATERIALES ARQUITECTÓNICOS DEL MUSEO COLONIAL EN LA CIUDAD DE PAMPLONA NORTE DE SANTANDER

Jennifer Villamizar, Yessica Medina, Lady Yesenia Suárez

Programa de Microbiología, Universidad de Pamplona. Km 1 Vía Bucaramanga Ciudad Universitaria. Pamplona –

Norte de Santander

[ladyyesenia@gmail.com](mailto:ladyyesenia@gmail.com)

La concentración de microorganismos en lugares cerrados depende de diversos factores como la temperatura y la humedad relativa. De forma específica el biodeterioro causado por el desarrollo de microorganismos se le denomina microbiobiodeterioro que afecta a materiales que pueden formar parte de los diferentes soportes tales como: madera, papel, textiles, cuero, material fotográfico, pinturas, y adhesivos, entre otros. Muchos de los tesoros culturales tienen un sustrato a base de material orgánico para el desarrollo de microorganismos de ahí que se origine el biodeterioro y desintegración. Sin embargo, el protagonismo de los microorganismos en el envejecimiento generalizado de libros, manuscrito, documentos impresos, daños de las características propias de los materiales es dado por las diferentes actividades enzimáticas, la producción de ácidos orgánicos, excreción de pigmentos causando biodeterioro químico y estético. El objetivo de este estudio fue identificar hongos implicados en el biodeterioro de materiales y estructuras arquitectónicas del Museo Colonial de la Ciudad de Pamplona, Norte de Santander por lo que se le atribuye a uno de los sitios que identifica a Pamplona como “*Ciudad fundadora de ciudades*” y que conserva sus tradiciones siendo necesario en la búsqueda de estrategias ecoamigables para el control del biodeterioro y la preservación patrimonio cultural. Aislamiento microbiano: se empleó la técnica de sedimentación en medios selectivos y se incubó a 25°C/7 días. Se analizaron piezas de interés para el museo que presentaban deterioro como el cuadro en lienzo de “La Virgen del infierno” y el libro de visitas registradas desde 1977, a través de la técnica de hisopado y se incubó a 25°C/7 días. Posteriormente, se realizó la identificación microscópica, macroscópica y actividad enzimática de los hongos aislados. Estrategia de control: Se evaluaron diferentes compuestos biodegradables como son: aceite esencial de citronella, limpiador biodegradable “biobarsol” y desinfectante orgánico “pinesol” por medio de la técnica de difusión en agar a 25°C/7 días. Aislamiento microbiano: Se identificó presuntivamente varios géneros de hongos implicados en los procesos de biodeterioro como, *Fusarium sp*, *Mucor sp*, *Penicillium sp*, *Cladosporium sp* y *Trichophyton sp*. La presencia de estos hongos influye en la conservación de las piezas y en la calidad del ambiente del Museo Colonial debido a su antigüedad y tipo de edificación. La prevalencia fúngica evidencia que los materiales dispuestos sirven de nutrientes necesarios para su desarrollo y proliferación. La degradación involucra la descomposición de tintas orgánicas, aditivos, almidón, fibras de celulosa, grasas y revestimientos que forman parte de la composición de los diferentes materiales. Estrategia de control: Se evidenció un efecto fungistático en un 70% de los hongos ambientales al exponerse con el aceite de citronella, 40% con biobarsol y 30% con pinesol teniendo en cuenta el efecto que ejerce el producto sobre el desarrollo de los hongos. La actividad de los aceites esenciales y extractos vegetales se debe a diferentes compuestos presentes en ellos incluyendo como el triterpenoides, flavonoides, fenoles, alcaloides, cumarinas, taninos y esteroides. El cuidado del patrimonio cultural utilizando productos naturales, pueden constituir un punto de partida para el desarrollo de estrategias de control de microorganismos prevalentes en el biodeterioro de materiales arquitectónicos sin causar efectos adversos y así contribuir a una favorable conservación y disminución del biodeterioro.

## **CARACTERIZACIÓN DE LA COMPOSICIÓN BACTERIANA INTESTINAL EN PACIENTES CON PARKINSON Y CONTROLES NEGATIVOS DE COLOMBIA.**

**Andre Mauricio Pinzon Velasco<sup>1</sup>, Lady Johanna Forero Rodriguez<sup>1</sup>, Natalia Arias Rodriguez<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia

<sup>2</sup>Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

**ariasrodrigueznatalia@gmail.com**

La enfermedad de Parkinson, es el segundo trastorno neurodegenerativo más común que afecta principalmente a la población de la tercera edad, la cual se genera por la pérdida selectiva de neuronas dopaminérgicas presentes en la sustancia nigra pars compacta del cerebro y es caracterizado por síntomas motores ocasionados por la falta de coordinación y también síntomas no motores como alteraciones gastrointestinales. Se ha reportado la relación de la microbiota intestinal y la enfermedad de Parkinson, lo cual explica los síntomas no motores causados por la disbiosis, posiblemente mediada por la producción de varios metabolitos de las bacterias como los SCAF (ácidos grasos de cadena corta). Por lo tanto los diferentes cambios proporcionados en su composición van a conducir al progreso de la patología, mediante el eje microbiota-intestino- cerebro regulado por el nervio vago; sin embargo es necesario conocer cuáles son las bacterias involucradas. Teniendo en cuenta además, que existen diversos tipos de dieta, el cual es un importante factor para el establecimiento de la composición intestinal, este proyecto busca comparar la microbiota intestinal de 25 pacientes con EP y 25 controles sanos de Colombia, evaluando el gen 16'S rRNA por metagenómica, el cual aporta información netamente bacteriana. Por lo tanto, se ha evidenciado que una dieta alta en carbohidratos y grasas ejercen un papel negativo sobre la microbiota promoviendo el crecimiento de bacterias patógenas generando una disbiosis. Con relación a lo anterior, el grupo encontró que la abundancia de especies bacterianas cambió de acuerdo con lo informado en otros estudios. En este sentido, con el fin de evaluar las relaciones ecológicas, el consumo y producción de metabolitos, la investigación se fundamentó en las familias bacterianas encontradas, para realizar un modelo (draft) de la microbiota intestinal basado en las reconstrucciones metabólicas a escala genómica registradas por la base de datos de Virtual Metabolic Human (VMH). Estas reconstrucciones fueron modeladas utilizando el software BacArena, en estas simulaciones se registró la producción diferencial de metabolitos en cada una de las composiciones bacterianas. Además, se planteó la hipótesis de que especies bacterianas específicas están a cargo de la producción mayoritaria de metabolitos específicos y finalmente se evidenciaron relaciones ecológicas basadas en el consumo de metabolitos de las especies en cada ambiente. En conclusión, este modelo abriría una nueva ventana para el desarrollo de estrategias futuras en la prevención de la enfermedad del PE.

## PESCADORES DE MICROORGANISMOS: RENOVANDO LAS TÉCNICAS DE CULTIVO CONVENCIONALES

**María Paula Parada-Pinilla<sup>1</sup>, Mateo Muñoz<sup>1</sup>, Carolina Gonzalez<sup>1</sup>, Gina López<sup>1</sup>, Javier Gómez<sup>1</sup>, Luisa Bernal<sup>1</sup>, Carolina Rubiano-Labrador<sup>2</sup>, Carolina Diaz-Cárdenas<sup>1</sup>, Sandra Baena<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Pontificia Universidad Javeriana, Facultad de Ciencias, Departamento de Biología, Unidad de Saneamiento y Biotecnología Ambiental – USBA

<sup>2</sup>Universidad Tecnológica de Bolívar, Facultad de Ciencias, Grupo de estudios químicos y biológicos.  
[mariapaulaparada@gmail.com](mailto:mariapaulaparada@gmail.com)

Los microorganismos *no cultivados o aun no cultivados* representan un alto porcentaje de las especies metabólicamente activas presentes en ambientes naturales. Estos organismos podrían presentar nuevas propiedades bioquímicas y papeles funcionales importantes para el equilibrio ecológico de estos ambientes. Uno de los obstáculos que dificulta el aislamiento es la difícil tarea de mimetizar en el laboratorio las características particulares de su ambiente junto con las interacciones abiótico-bióticas presentes. Con el uso de técnicas moleculares, la existencia de la diversidad funcional de estos microorganismos *no cultivados* ha sido constantemente demostrada, siendo una ayuda para entender el entorno donde viven estos organismos. Para contribuir con el análisis de la diversidad microbiana de microorganismos *no cultivables o aún no cultivados* de sistemas anaerobios de tratamiento de aguas residuales, ambientes salinos, termales y ácidos de Colombia, nuestro grupo ha desarrollado técnicas no convencionales de aislamiento, manipulables en el laboratorio para aislar, identificar, valorar y conservar esta biodiversidad, además de contribuir al inventario de las colecciones microbianas en el país. Se han empleado cuatro estrategias de cultivo no convencionales: 1) cámaras de difusión (Ashton et al., 1984); 2) esferas de agar revestidas con polisulfona (Ben-Dov et al., 2009), 3) uso de aguas y sedimentos de manantiales como medio básico de cultivo, 4) cultivos en placas de 96 pozos con diferentes fuentes de carbono y salinidad con medios diseñados a partir de las características fisicoquímicas *in situ* de cada manantial. Para obtener cultivos puros se utilizaron las técnicas de dilución hasta extinción en placa y en medio líquido (Button et al., 1993) y su identificación taxonómica se hizo a través del análisis de la secuencia del gen 16S rRNA. Posteriormente, se realizaron caracterizaciones fenotípicas y secuenciaciones genómicas según Diaz et al., 2017. El uso de técnicas de cultivo no convencionales, ha permitido el aislamiento de seis nuevos géneros bacterianos *Aminobacterium*, *Aminomonas*, *Aminiphilus*, *Desulfosoma*, *Tistlia* y *Consotaella* y doce nuevas especies: *Aminobacterium colombiense*, *Aminobacterium mobile*, *Aminomonas paucivorans*, *Aminiphilus circumscriptus*, *Desulfovibrio aminophilus*, *Desulfomicrobium thermophilum*, *Tistlia consotensis*, *Dethiosulfovibrio salsuginis*, *Desulfosoma caldarium*, *Caloramator quimbayensis*, *Thermoanaerobacterium butyriciformans* y *Alicyclobacillus montanus*. La colección de microorganismos cuenta con 51 géneros de bacterias y arqueas. Del dominio Bacteria se encuentran *Altererythrobacter*, *Anoxybacillus*, *Bacillus*, *Chromohalobacter*, *Geobacillus*, *Hafnia*, *Halobacillus*, *Pseudomonas*, *Rhodothermus*, *Rubrobacter*, *Salinisphaera*, *Shewanella*, *Thalassospira*, *Thermoanaerobacter*, *Prolixibacter*, *Lysobacter*, *Clostridium*, *Desulfovibrio*, *Acidocella*, *Thiomonas*, *Acidiphilium*, *Acidicaldus*, *Isoptericola*, *Ornithinimicrobium*, *Janibacter*, *Alkalibacterium*, *Martellella*, *Sporosarcina*, *Thalassobasillus*, *Salegentibacter*, *Idiomarina*, *Marinobacter*, *Salimicrobium*, *Marinococcus*, *Ruegeria*, *Marmoricola*, *Stappia*, *Thioclava*, *Nitratireducer*, *Vibrio*, *Prolixibacter*, *Pleomorphomonas*, *Roseovarius*, *Oceanibaculum*, *Caenispirillum* y *Labrenzia*. Del dominio Archaea se encuentran los géneros *Halarchaeum*, *Halobacterium*, *Haloferax*, *Halorhabdus* y *Thermoplasma*. Estos organismos han sido reportados en diferentes lugares del mundo como plantas anaerobias de tratamiento de aguas residuales, depósitos de sal, aguas termales y salinas, mares, lagos y manglares. El aislamiento de estos organismos pone en evidencia la diversidad taxonómica de los

diferentes ambientes muestreados. Sin embargo, el reto de ajustar y rediseñar las actuales estrategias de cultivo para obtener otros representantes de estos ambientes sigue vigente, y estos organismos se mantienen a la espera de ser pescados. Estos resultados contribuyen al inventario de la biodiversidad microbiana de ambientes poco explorados de nuestro país.

# COEFICIENTE VOLUMÉTRICO DE TRANSFERENCIA DE OXÍGENO COMO PARÁMETRO PARA EL CAMBIO DE ESCALA DEL PROCESO DE PRODUCCIÓN DE UNA BACTERIA PROBIÓTICA (*Lactobacillus fermentum* K73)

**Arjana Serrano-Delgado y María Ximena Quintanilla-Carvajal**

Universidad de La Sabana, Campus Universitario del Puente del Común, km 7 Autopista Norte de Bogotá, Chía,  
Cundinamarca, Colombia.

**arjanaserde@unisabana.edu.co**

Las ventas mundiales de alimentos ultra-procesados ha aumentado, y al mismo tiempo la prevalencia de algunas enfermedades crónicas como, la obesidad, diabetes, hipertensión y cáncer. El consumo de alimentos ultra-procesados influencia el desarrollo de enfermedades crónicas. Los alimentos funcionales emergen de las necesidades del consumo de productos que tengan efectos benéficos en la salud del organismo y prevengan el desarrollo de enfermedades, uno de estos productos son los probióticos. Entre los años 2016-2023, la producción anual de probióticos se espera que aumente en un 7.3%. Por tal razón es de importancia la producción industrial de probióticos garantizando la concentración final del probiótico en el punto de acción deseado. Uno de los parámetros más usados para realizar el cambio de escala es el suministro de oxígeno, el cual está descrito como el coeficiente volumétrico de transferencia de oxígeno ( $K_{La}$ ). Este coeficiente está relacionado con la transferencia de oxígeno desde la burbuja de gas hasta la célula. El oxígeno es un factor crucial para las bacterias probióticas, aunque sean consideradas anaerobias tolerantes al oxígeno. Existe evidencia que al realizar cultivos en condiciones aerobias las especies de *Lactobacillus* mejoran la tolerancia a estrés oxidativo y a altas temperaturas, adicionalmente incrementan los rendimientos de biomasa. El objetivo de este trabajo fue realizar el cambio de escala para la producción de biomasa de la bacteria probiótica, *Lactobacillus fermentum* K73 con potencial hipocolesterolémico, de reactor de 1.3 L a reactor de 14 L, manteniendo el  $K_{La}$ . El  $K_{La}$  fue determinado experimentalmente mediante el método de desgasificación dinámica a diferentes agitaciones de 100 a 270 rpm. Adicionalmente se utilizaron diferentes modelos matemáticos para predecir el  $K_{La}$  en reactores de tanque agitado. Los modelos contemplaban las características fisicoquímicas del fluido, las condiciones de operación del proceso y la geometría del reactor. Fue seleccionado un modelo en el cual los datos experimentales ajustaran a los datos predichos. Una vez seleccionado el modelo se determinó la agitación necesaria para mantener constante el  $K_{La}$  en el reactor de 14 L. Se determinó la viabilidad del microorganismo mediante recuento en placa en agar MRS, durante 10 h. El modelo matemático que ajustó a los datos experimentales fue el de Yagi y Yoshida (1975) con un coeficiente de correlación del 0.9905. Adicionalmente se obtuvo que los datos experimentales y los predichos por el modelo presentaban una correlación significativa (p-valor: 0.0095) con un nivel de confianza del 95%. La agitación necesaria para mantener constante el  $K_{La}$  ( $0.000139\text{ S}^{-1}$ ) en el reactor del 14 L fue de 69 rpm. La viabilidad del probiótico fue escalada satisfactoriamente de reactor de 1.3 L a 14 L, ya que, se obtuvieron concentraciones similares de biomasa al finalizar el cultivo. Las concentraciones finales fueron respectivamente 8.66 y 8.58 log UFC/mL. Por lo anteriormente mencionado el coeficiente volumétrico de transferencia de oxígeno resultó ser el criterio adecuado para realizar el cambio de escala de producción de biomasa de *Lactobacillus fermentum* K73. Estos resultados son relevantes para la industria alimentaria por que *Lactobacillus fermentum* K73 puede mantener su viabilidad en las dos escalas en las que es producido. Los resultados obtenidos son relevantes debido a que son la base para el cambio de escala del bioproceso a nivel industrial, con el fin de satisfacer las necesidades nutricionales de cualquier población.

## **CARACTERIZACIÓN DE CEPAS DE LEVADURA COLOMBIANA *Saccharomyces cerevisiae* PARA SU POTENCIAL USO EN LA PRODUCCIÓN DE CERVEZA "COLOMBIAN ALE"**

**Cristhian David Walteros Pinzon y Luis Humberto Reyes Barrios**

Universidad de los Andes, Facultad de Ingeniería, Departamento de Ingeniería química, Bogotá - Colombia.  
**cd.walteros10@uniandes.edu.co**

La especie de levadura *S. cerevisiae* es de gran importancia en la industria cervecera que ha estado en auge durante los últimos años, se han hecho innovaciones que logran diferenciar productos con características aportadas por las materias primas de la región donde se fabrican. El presente estudio realizó el aislamiento, identificación y caracterización de cepas de levadura *S. cerevisiae* nativas de Colombia para su posterior implementación en una cerveza Colombian Ale que aporten características novedosas y llamativas al producto final. El aislamiento se realizó en molinos de caña de azúcar en el municipio de Monquirá-Boyacá recolectando muestras en lugares propicios para el crecimiento de levaduras (vasijas con jugos de caña, fermentos, mieles y melazas). La selección de cepas se realizó inicialmente por morfología macroscópica y microscópica similar a de la literatura, luego fueron identificadas molecularmente (genotipado) mediante la técnica Colony PCR (Polymerase chain reaction) para reconocer el gen HO, ubicado en el cromosoma IV (AM921677.1) presente en el ADN de *S. cerevisiae*, implementando el cebador ScHO que lo amplifica. Se realizó la caracterización en 3 aspectos: crecimiento en extracto malta mediante la medición de densidad óptica en el espectrofotómetro a 600 nm, producción de ácidos orgánicos, alcoholes y azúcares durante la fermentación midiendo la concentración de los principales compuestos en el cromatógrafo de líquidos, y por último organolépticamente preparando prototipos de cerveza Colombia Ale con ingredientes (malta y lúpulo) que no aportaran características organolépticas diferenciables para evaluar el efecto de las cepas nativas. Se obtuvieron 24 colonias con morfologías microscópicas asociadas a levaduras y 12 cepas identificadas molecularmente como *S. cerevisiae*. Se caracterizaron 8 cepas nativas y una cepa control con variaciones en perfiles de crecimiento y en la concentración de ácidos orgánicos (acético, cítrico, málico, láctico, succínico y tartárico), alcoholes (etanol y metanol) y azúcares (fructosa, glucosa y sacarosa) durante la fermentación, y distintas características organolépticas entre cervezas, siendo la cepa CW12 la más llamativa por su dulzor con notas a caña y syrup de frutas en aroma y sabor. Las cervezas alcanzaron un grado de alcohol de 4.5% v/v en una fermentación de 10 días. Se logró aislar, identificar y caracterizar una cepa de levadura *S. cerevisiae* nativa de Colombia con características organolépticas llamativas para una cerveza Colombian Ale, obteniendo componentes balanceados y un crecimiento acelerado que indica una fermentación rápida. Se propone realizar la caracterización de las cepas restantes y análisis más rigurosos para su posterior implementación.



## DETERMINACIÓN DE LAS ESPECIFICACIONES PARA OPTIMIZAR Y AJUSTAR LOS PARÁMETROS DE ESTERILIZACIÓN EN UN TURBIDOSTATO POR MEDIO DE RADIACIÓN UV

**Mauricio Rivera y Juan Pedraza**

Universidad Distrital Francisco José de Caldas

Universidad de los Andes

[amriverat@correo.udistrital.edu.co](mailto:amriverat@correo.udistrital.edu.co)

El estudio más reconocido de la evolución experimental es el experimento de evolución a largo plazo con la bacteria *Escherichia coli*, realizado por Richard Lenski y sus colaboradores, el cual consiste en la adaptación de doce líneas por miles de generaciones usando dilución manual. Este estudio se ha convertido en uno de los íconos de la investigación en biología evolutiva, pero presenta limitaciones en la metodología experimental usada. En particular, el realizar diluciones una vez al día resulta en largos periodos de saturación. Como alternativa, se propuso un diseño de turbidostato computarizado. Aunque funciona bien en periodos cortos, este diseño es susceptible a la formación de biopelículas, lo que limita su uso para experimentos evolutivos a largo plazo. Por esto, se planteó un nuevo diseño basado en cámaras de cultivo (cajas de Petri) giratorias expuestas parcialmente a luz UV esterilizante. Esto requiere un balance entre la exposición mínima para lograr esterilización en la parte expuesta y la exposición máxima aceptable por rebote en la parte no expuesta, donde se encuentra el cultivo a estudiar. En el presente trabajo se estudiaron la tasa de mortalidad en la parte expuesta y la tasa de mutación en la parte cubierta para optimizar los parámetros de iluminación (potencia, distancia, tiempo de exposición). El método más directo para determinar las tasas de mutación es el de secuenciación del ADN, pero esto requiere de muchos recursos económicos. Por esto, se plantea una técnica basada en el experimento clásico de Lederberg [3], en el que se hacen dos tipos de medio depara cultivo en cajas de Petri, uno de LB+Agar y el otro de LB+Agar+Antibiótico; en el primero de estos se siembra un cultivo de bacterias que posee resistencia al antibiótico y que previamente ha sido irradiado por luz ultravioleta, el cual se deja crecer hasta que forme varias colonias, posteriormente ese patrón de colonias es “copiado”, por medio de una herramienta tipo “sello” presionando ligeramente la caja original con un paño y “estampandolo” luego en las cajas que poseen el antibiótico y en este se dejan crecer nuevamente hasta que formen colonias. Si la acción de la radiación UV no generó mutación, el patrón de colonias en la segunda caja deber ser exactamente igual al de la primera, pero en caso tal de que el patrón haya cambiado, es decir, hayan desaparecido ciertas colonias puede significar que mutó, puesto perdió la resistencia al antibiótico lo cual le impide crecer. El proceso para hallar la tasa de mortalidad se basa solo en siembras en cajas con el mismo medio, antes y después de haber sido expuesto el cultivo a la radiación UV, por comparación es posible encontrar cuántas colonias desaparecen. Lo resultados muestran que la cantidad de colonias necesarias en el proceso de “copia” para poder encontrar una mutación es de  $10^4$ , lo cual implica la impracticidad del método para hallar directamente la tasa de mutación. Sin embargo, a partir de la tasa de mortalidad obtenida, es posible determinar teóricamente la tasa de mutación, con la cual es viable la determinación de las características de la lámpara UV en el turbidostato para su funcionamiento eficaz en el proceso de esterilización.

## EVALUACIÓN DEL ANTAGONISMO ENTRE DISTINTAS CEPAS DE RIZOBACTERIAS AISLADAS DE SUELO EN PROCESO DE RESTAURACIÓN ECOLÓGICA EN LA LOCALIDAD DE USME

**Carolina Jaime Rodríguez<sup>1</sup>, Stefany Calderón Alonso<sup>2</sup>, Verónica López Romero<sup>2</sup>, Yinneth Paola Peña Fonseca<sup>2</sup>, Camilo de los Ángeles Cárdenas<sup>3</sup>, Liceth Cabrejo<sup>4</sup>, Diego Fajardo Gomez<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Antonio Nariño, grupo de investigación Biología Celular y Funcional e Ingeniería de Biomoléculas. Departamento de Biología.

<sup>2</sup>Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca.

<sup>3</sup>Universidad Antonio Nariño, grupo de investigación en Ciencias Biológicas y Químicas. Departamento de Biología

<sup>4-5</sup>Gestores Tecnoparque nodo Bogotá. Biotecnología y Nanotecnología.

**cajaime@uan.edu.co**

El proyecto busca caracterizar rizobacterias PGPR por sus siglas en inglés (*plant growth-promoting rhizobacteria*) autóctonas del Bosque Alto Andino en Usme con potencial fijador de nitrógeno, producción de amilasas, ácido indol acético (AIA) y amonio. Dichos microorganismos a parte de sus características PGPR, deben ser capaces de establecerse en las condiciones ambientales del suelo afectado. De lo anterior surge la pregunta de investigación ¿Cuáles son las cepas de rizobacterias sin efecto antagónico y con potencial biotecnológico que puedan ser usadas en suelos alterados del bosque alto andino en proceso de restauración ecológica a escala de invernadero? Esta investigación pertenece a un macroproyecto de "Bioprospección de microorganismos con aplicación en restauración ecológica" financiado por la Universidad Antonio Nariño y el Tecnoparque SENA nodo Bogotá. El objetivo general fue evaluar el antagonismo entre distintas cepas de rizobacterias aisladas del suelo del Bosque Alto Andino en Usme. En la primera fase, se realizó un aislamiento de 40 cepas y su identificación morfológica y crecimiento en medios de cultivo selectivos identificando cada cepa por su morfología macroscópica y microscópica; se seleccionaron las cepas potenciales teniendo en cuenta la producción de metabolitos específicos de las rizobacterias en los medios. Las pruebas de antagonismo se llevaron a cabo en los medios selectivos con las condiciones de temperatura indicada para cada uno, usando controles positivos como *Pseudomonas aeruginosa* y *Azotobacter*. Para mantener la pureza y viabilidad de las cepas se conservaron en glicerol al 50% a -70°C. Luego, se caracterizaron por su morfología y se determinó la producción de Ácido Indol Acético (AIA) y amonio, mediante el método de Salkowski y el método colorimétrico de Berthelot, respectivamente. se seleccionaron las cepas con mayor concentración de metabolitos, y se realizaron las pruebas de antagonismo con la técnica de Kirby Bauer modificada y se midió el halo de inhibición para determinar la competencia entre ellas. De los 27 enfrentamientos, 12 no presentaron halo, 8 presentaron un halo menor a 2 mm, y 7 presentaron un halo mayor a 2 mm. Verificando previamente la viabilidad y pureza por medio del caldo BHI y tinción de Gram. En la siguiente fase del proyecto se seleccionaron y purificaron 3 cepas del banco con diferentes características con el fin de estandarizar un inóculo de 300 ml a través de una curva de crecimiento, se utilizó una turbidez de 0.5 en escala de McFarland, midiendo la densidad óptica por espectrofotometría a 540 nm a las 0, 2, 4, 6, 8, 12, 18, 24, 28, 36 y 48 horas. Al final del trabajo se espera obtener una formulación de un poli-inóculo eficaz que promueva el crecimiento de plantas usadas en procesos de restauración ecológica de bosques altos andinos a escala de invernadero.

## SUSCEPTIBILIDAD A MUPIROCINA EN AISLADOS DE *Staphylococcus aureus* COLONIZANTES DE PACIENTES EN HEMODIÁLISIS- MEDELLÍN COLOMBIA

Y. Leandro Torres, Juan G. Velez, Johanna M. Vanegas, J. Natalia Jimenez

Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana

Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA) Escuela de Microbiología

Universidad de Antioquia

yesid.torres@udea.edu.co

La terapia profiláctica con antibióticos como mupirocina ha mostrado gran efectividad en la reducción del estado de portador por *S. aureus* y por consiguiente en el desarrollo de infecciones. Los pacientes en hemodiálisis, representan una de las poblaciones más vulnerables a la colonización por *S. aureus* sin embargo, las pruebas de sensibilidad antimicrobiana a este antibiótico no se realizan de rutina en los aislados colonizantes. En este contexto se desconoce la situación de la resistencia a la mupirocina y por ende la posibilidad de su uso en estos pacientes. En este trabajo se evaluó la susceptibilidad a mupirocina, y otros antibióticos en aislados de *Staphylococcus aureus* colonizantes de pacientes en hemodiálisis. Se realizó un estudio descriptivo en el que se incluyeron pacientes en hemodiálisis con catéter venoso central, entre octubre 2017 y octubre de 2018, en una unidad renal de Medellín. La información clínica y epidemiológica se recolectó a partir de un formulario diseñado para tal fin. La colonización por *S. aureus* fue evaluada con un hisopado en fosas nasales y en piel alrededor de la inserción del catéter. Para la identificación bacteriana se realizaron pruebas fenotípicas de catalasa y coagulasa. El perfil de sensibilidad antibiótica se realizó utilizando el sistema Vitek-2 y la Concentración Inhibitoria Mínima (CIM) a mupirocina fue confirmada por E-test. Adicionalmente la caracterización molecular por PCR de los aislados incluyó la confirmación de especie, empleando el gen *nuc*, la detección del gen *Mec-A* que confiere resistencia a meticilina, y la tipificación del SCCmec y del factor de virulencia PVL. Se incluyeron 210 pacientes, de los cuales 50,5% (n=106) fueron mujeres, con una mediana para la edad de 62 años (=51,87-71,13) y con uso frecuente de antibióticos 59%, (n=124), historia de hospitalización 69%, (n= 145) y estancia previa en unidad de cuidado intensivo 26,2%, (n=55). El porcentaje de colonización por *S. aureus* fue de 33,8% (n=71), Por SASM 29%, (n=61) y por SARM 4,8 % (n=10). Los pacientes presentaban colonización en fosas nasales en un 19%, (n=40), seguida por la colonización simultánea en piel y fosas nasales 10,9%, (n=23) y solo en piel 3,8%, (n=8). La sensibilidad a mupirocina fue observada en el 100% de los aislados por el método de Vitek-2. Sin embargo, el E-test evidenció la presencia de un aislado con resistencia de bajo nivel a este antibiótico con una CIM=16 µg/ml. La resistencia a meticilina fue encontrada en el 12,8% de los aislados (n=12), El perfil de resistencia más frecuente en aislados SASM fue resistencia solo a penicilina en 86,5% (n=71) y en SARM fue Oxacilina+Eritromicina+Tetraciclina 50%, (n=6). En el aislado con resistencia de bajo nivel a mupirocina también se encontró resistencia a meticilina. La tipificación molecular mostró que los aislados SARM portaban el SCCmec tipo IV y la frecuencia de PVL fue 10,5% (n=22). Adicionalmente se encontró sensibilidad a penicilina en un 11,7% (n=11) de los aislados. Los resultados muestran una alta sensibilidad a mupirocina, lo que sugiere su uso potencial como terapia profiláctica en los pacientes en hemodiálisis. Sin embargo, es necesario el fortalecimiento de los programas de uso racional de antibióticos, con el fin de evitar la diseminación de mecanismos de resistencia a éste y a otros antibióticos en las unidades renales.

## **AISLAMIENTO Y EVALUACIÓN CUALITATIVA DE LA ACTIVIDAD DE BACTERIAS FIJADORAS DE NITRÓGENO, SOLUBILIZADORAS DE FOSFATOS Y CELULOLÍTICAS DE SUELOS DEL RESGUARDO ANDOKE, ARARACUARA, MUNICIPIO DE SOLANO (CAQUETA - COLOMBIA).**

**Michael Granados, Jimena Sanchez, Elkin Ruiz**

Laboratorio microbiología del suelo. Departamento de Biología. Universidad Nacional de Colombia.  
**msgranadosa@unal.edu.co**

El sistema suelo es el elemento fundamental para el equilibrio ecológico y en el proceso de descomposición de la materia orgánica es donde entran los microorganismos como actores principales garantizando que el nitrógeno, fósforo y potasio, al igual que los elementos trazas contenidos en ésta, puedan volver a integrarse al ciclo estando disponibles de manera gradual para las plantas (Avellaneda – Torres, 2010); en este sentido, se pueden utilizar grupos funcionales de organismos como bioindicadores para evaluar disturbios en el suelo o la fertilidad a nivel biológico (Andrade, 2004). Los grupos funcionales evaluados en el presente estudio son aquellos que participan directa o indirectamente en los ciclos de los nutrientes y en la recirculación de la materia orgánica, teniendo en cuenta que estos interactúan entre sí, con las plantas y los demás factores físicos y químicos del suelo, por lo cual en este caso resulta interesante su evaluación dado que se desarrolla en suelos con un uso agrícola muy reducido. Los cultivos amazónicos llamados chagras se caracterizan por una pluralidad de plantas en producción y una rotación del lugar de las chagras una vez el suelo empieza a decaer su nivel de producción. Por esta razón, las chagras amazónicas suelen estar en producción por máximo 10 años y luego son abandonadas para que la selva las consuma (Chaves & Vieco, 1987.) El objetivo del presente trabajo fue el aislamiento y evaluación de bacterias nativas fijadoras de nitrógeno, solubilizadoras de fosfatos y celulolíticas a partir de muestras de suelo de bosque profundo y chagra del resguardo indígena Andoke, Araracuara, municipio de Solano; se realizó una siembra masiva en medio PCA (Plate Count Agar) para realizar un recuento general de microorganismos, obteniendo recuentos de  $7,0 \cdot 10^6$  UFC/mL en la muestra de bosque profundo y un recuento de  $5,1 \cdot 10^6$  UFC/mL en la muestra de chagra; al mismo tiempo se realizó una caracterización microscópica y macroscópica de las colonias. Se observó que la población predominante en general son bacilos Gram positivos con un porcentaje del 41%. Se realizó un aislamiento en medio selectivo para cada grupo funcional; NFB (Nitrogen free broth) para fijadores de nitrógeno obteniendo un total de 41 microorganismos; de los cuales 23 son provenientes de la muestra de suelo de chagra y 18 de la muestra de bosque profundo; para el grupo funcional de microorganismos solubilizadores de fosfatos se utilizó el medio de cultivo SRS, obteniendo un total de 53 microorganismos de los cuales 15 provienen del sistema chagra y 38 de la muestra de bosque profundo; en cuanto a bacterias celulolíticas en este grupo funcional no se obtuvieron aislamientos. Con estos datos y las observaciones realizadas en el laboratorio se pudo concluir que la cantidad de microorganismos en estos suelos, gracias a sus características es baja pero a su vez son muy eficientes y viables para un posible uso en bioprospección; también se puede concluir que en el sistema de chagra se tiene una mayor disposición para la fijación del nitrógeno gracias a la finalidad agrícola de este sistema y al manejo propio del mismo; en cuanto a los microorganismos solubilizadores de fosfatos se evidenció una tendencia de existencia mayor en la zona de bosque profundo en donde el suelo no ha sido intervenido y se mantiene su estructura nativa caso contrario de la chagra en donde se hace una intervención del ambiente.

## EVALUACIÓN DE *Penicillium sp* COMO DEGRADADOR DE CELULOSA EN EL PROCESO DE COMPOSTAJE DE RESIDUOS ORGÁNICOS DE ORIGEN VEGETAL EN LA LOCALIDAD 20 DE BOGOTÁ

**Brayan Rodriguez, Fabio Torres**

Universidad Nacional de Colombia- PEAMA Sumapaz  
bsrodriguez@unal.edu.co

En Bogotá se producen cerca de 6500 toneladas diarias de residuos de los cuales el 53.3% son de origen orgánico, estos se disponen de forma inadecuada generando una mayor contaminación ambiental. Estos residuos se pueden transformar y una de las alternativas más utilizadas es la técnica de compostaje. Este proceso es biooxidativo que da lugar a un producto orgánico altamente estable denominado compost y puede definir, como la mineralización y humificación parcial de las sustancias orgánicas mediante reacciones microbianas. Esta investigación se realizó en el proyecto de la Universidad Nacional de Colombia, PEAMA Sumapaz, que se ubica en el corregimiento de Nazareth de la localidad 20 de Bogotá. Teniendo en cuenta que la aplicación de microorganismos eficientes acelera el proceso de degradación, se propuso mediante esta investigación evaluar si la inoculación de *Penicillium sp* influye en el proceso de degradación en el compostaje. En este estudio se utilizó un diseño de experimentos completamente al azar, con dos tratamientos y repeticiones por triplicado, para la producción de abono a partir de residuos vegetales de cocina, de cultivo de arveja y poda. Los tratamientos fueron inoculados con una solución de *Penicillium sp* de origen nativo (bosque alto andino). Las variables de respuesta fueron: temperatura del proceso de compostaje, estabilización química del material, pruebas de degradación de celulosa y desarrollo del hongo dentro de las pilas. El desarrollo del hongo en el proceso de compostaje presentó un comportamiento positivo, participando en el proceso de degradación de celulosa, pero disminuyendo la densidad poblacional que se encuentra de manera natural en el compostaje. A pesar de esto, el hongo no generó cambios significativos que afectarán el proceso de compostaje. El compostaje no presentó cambios significativos en campo. Se evidenciaron temperaturas más altas en las pilas sin inóculo, el pH se presentó de forma similar en los dos tratamientos y se evidenció un crecimiento de *Penicillium sp* en la pila resistiendo temperaturas de 58°C aproximadamente. En el laboratorio se encontró un halo de 0.8 cm de degradación de celulosa bajo reactivo rojo congo. Las variables climáticas se mantuvieron dentro del estándar óptimo para la producción de compost, las altas temperaturas permitieron la higienización del sustrato, disminuyendo agentes patógenos. Mientras que el pH, indicó una buena estabilidad química del material. La práctica de compostaje es una oportunidad que se presenta a la comunidad del Sumapaz como alternativa económica y productiva. Como empresa es rentable económicamente a partir de 2,6 toneladas por proceso. Sin embargo, las comunidades campesinas, principalmente Sumapaz, pueden elaborar este proceso de una forma sostenible y sencilla la cual influirá de forma positiva en suelo de la localidad y por consiguiente en los productos agrícolas. Además, genera sostenibilidad agrícola disminuyendo los costos, al evitar la utilización de fertilizantes de síntesis química.

# CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS PRODUCTORAS DE COMPUESTOS VOLÁTILES ASOCIADAS A FLORES DE FRESA (*Fragaria x ananassa*) Y EVALUACIÓN DE EFECTOS ANTAGONISTAS CONTRA *Botrytis sp.*

Laura Alejandra Gracia, Jimena Sanchez Nieves, Elkin Marcelo Ruiz

Laboratorio de microbiología del suelo departamento de biología Universidad Nacional de Colombia.

[lagraciap@unal.edu.co](mailto:lagraciap@unal.edu.co)

Se ha reportado que los compuestos orgánicos volátiles son sustancias químicas en forma de gas, producidas y emitidas por los organismos (principalmente plantas y microorganismos), y que son responsables de un sin número de fenómenos como la atracción de polinizadores, la señalización entre plantas, la defensa contra parasitismo y herbivoría, entre otros (Vivanco *et al.*, 2005). En la mayoría de los casos el hedor y la aparición de olores en etapas de floración se correlaciona con un periodo de actividad metabólica fuerte en la planta (Hess, 1961), sumado a las interacciones mutualistas o simbióticas con otros organismos como las bacterias y hongos (Smith, 1966). Matilde y Knoll (1958) sugieren que factores como la luz y el calor juegan un papel fundamental en los procesos de actividad microbiana asociada a la antesis de las plantas, como consecuencia directa de la actividad respiratoria y la volatilización de sustancias odoríferas atractivas para otros organismos. Es de vital importancia comprender las condiciones ecológicas de las poblaciones de microorganismos asociados a ambientes aéreos de una planta, las interacciones mutualistas o simbióticas, y su potencial biotecnológico a la hora de emplearlos como agentes de control biológico o promotores de desarrollo y crecimiento vegetal (Gaviria y Osorio, 2012). Por otra parte, comprender los mecanismos de polinización es esencial para mantener o aumentar la producción vegetal de cultivos que alimentan el mundo (por ejemplo), brindando una herramienta clave en la implementación de estrategias para los programas de seguridad alimentaria y nutricional de un territorio (Verde, 2014). Tomando como antecedente una investigación previa efectuada por el grupo de ecología microbiana del departamento de biología y de la facultad de ciencias agrarias de la Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá (Navarro, 2015), sobre detección de microorganismos productores de compuestos volátiles asociados a flores de fresa (*Fragaria x ananassa*) como potenciales atrayentes de abejas polinizadoras (*Apis mellifera*), el presente estudio busca la caracterización de aislamientos de 5 cepas bacterianas (tipificadas como B1, B2, B3, B4 Y B5) procedentes de flores de fresa e involucradas en la producción de compuestos volátiles. Mediante técnicas microbiológicas tradicionales este estudio estableció la caracterización microscópica y macroscópica de colonias, encontrando que todas las cepas evaluadas corresponden a bacilos Aerobios Gram positivos formadores de endospora. (BAFEs.). Así mismo se efectuaron pruebas de crecimiento con siembra en medio líquido con variación de pH (4, 7, 14), sales (NaCl al 1%, 6.5% y 13%), temperatura (4°, 14°, 37°, 60° y 96°C) y azúcares tomando como referencia los principales carbohidratos encontrados en flores y frutos de fresa (Glucosa, fructosa y sacarosa al 10%, 20% y 30% respectivamente). De manera relevante a lo que reporta la literatura para BAEFs se encontró que la cepa B4 tiene un óptimo crecimiento a pH ácido (4) y las cepas B1, B3 y B5 lo presentan a pH básico (9). La cepa B5 presenta capacidad de crecimiento tanto a temperatura de 14°C como a temperatura de calentamiento y ebullición (60° y 96°C), esto probablemente por el choque térmico que estimula el metabolismo para la formación de la endospora, que luego se estabiliza al llevarse a los 37°C (Monteiro *et al.*, 2005). Ninguna cepa presentó crecimiento en altas concentraciones de sales, incluso la cepa B4 y B6 no presentaron crecimiento en concentración salina próxima a la fisiológica (1%). Para las concentraciones de los diferentes azúcares empleados se destaca que ninguna cepa presentó viabilidad en fructosa al 30% así como la cepa B1 Y B6 no fueron viables en glucosa al 30%. Dado a que la mayoría de resultados para azúcares son mutuamente excluyentes por cepa para ciertas concentraciones, estas variaciones permiten inferir las condiciones controladas de crecimiento para un eventual

aislamiento *in vitro* con unas características similares a las de un fruto de fresa, ya que se preparará un Agar “fresa” para posteriores pruebas de antagonismo.

## EFFECTO DEL PROCESO DE ESTERILIZACIÓN EN AUTOCLAVE SOBRE EL PH DEL MEDIO DE CULTIVO

**Juan Andrés Cano Lozano, Luisa Marcela Villamil Díaz, Javier Fernando Melo Bolivar, Ruth Yolanda Ruiz Pardo**

Facultad de ingeniería, Maestría en diseño y gestión de procesos, Doctorado en biociencias, Grupo de procesos agroindustriales, Universidad de La Sabana, Campus del Puente del Común, Km. 7, Autopista Norte de Bogotá, Chía, Colombia.

[juancanloz@unisabana.edu.co](mailto:juancanloz@unisabana.edu.co)

El autoclavado es un proceso que permite esterilizar los medios de cultivo y este proceso afecta la composición del medio. Algunos autores han reportado que reacciones durante el autoclavado, como la caramelización del medio, puede afectar el crecimiento de los microorganismos. Por otra parte, se ha reportado en algunos casos el ajuste del pH del medio antes de someterlo al proceso de esterilización mediante autoclavado pero también se han encontrado protocolos que sugieren ajustar el pH después de la esterilización cómo lo establece el protocolo de Scharlau del medio MRS. Debido al importante efecto del pH del medio en la evaluación de la cinética de crecimiento de microorganismos o la producción de bacteriocinas, se evaluaron los efectos del proceso de autoclavado sobre el pH del medio, cuando este es ajustado antes del proceso de esterilización con el fin de determinar si este proceso posee influencias significativas sobre el valor final del pH del medio de cultivo. Se planteó un diseño de experimentos factorial completo de tres factores, en donde se evaluó el efecto del medio de cultivo a cuatro niveles (Caldo Columbia(Conda), Tryptic Soy Broth(TSB)(Scharlau), Brain Heart Infusion(BHI)(Scharlau), Man Rogosa y Sharpe(MRS)(Scharlau)); el efecto del tratamiento térmico a dos niveles (con autoclavado y sin autoclavado); y el efecto del pH a cinco niveles (5.00,6.00,7.01,8.01,9.01( $\pm 0.02$ )) ajustado antes de autoclavar el medio. La variable respuesta fue la diferencia (delta de pH) entre el pH final y el pH inicial del medio. Se realizaron cinco lotes de cada medio, se ajustó el pH inicial añadiendo soluciones de 1N, 0.5N y 0.1N de NaOH y HCl antes de autoclavar. Las soluciones fueron sometidas a dos tratamientos, el primero fue autoclavar los medios a 121°C por 20 minutos; el segundo tratamiento consistió en almacenar el medio en nevera sin autoclavar durante 24 horas. Luego se midió el pH final de todos los tratamientos para determinar el delta del pH. Cada tratamiento se realizó por triplicado. En los cuatro medios de cultivo evaluados, el delta en el pH al autoclavarlos aumentó cuando el pH de los medios se ajustó a pH alcalino. MRS fue el medio que más variación presentó, mostrando un delta de pH inferior a -1 unidades cuando el pH inicial era de 8.01( $\pm 0.02$ ) y 9.01( $\pm 0.02$ ). El medio Columbia fue el más estable al someterlo al proceso de autoclavado ya que no presentó diferencias significativas entre los tratamientos cuando se evaluó en pH de 5.0( $\pm 0.02$ ),6.0( $\pm 0.02$ ),7.0( $\pm 0.02$ ) y 8.0( $\pm 0.02$ )( $p > 0.05$ ). Los medios BHI y TSB no mostraron diferencias significativas en el pH después de autoclavarlos, cuando el pH inicial fue de 5.0( $\pm 0.02$ ) y 6.0( $\pm 0.02$ )( $p > 0.05$ ). Los demás tratamientos después de autoclavar mostraron diferencias significativas con un delta de pH hasta de -0.5 unidades. Estos cambios en el pH pueden ser consecuencia de la hidrólisis de algunas proteínas que contengan grupos COHN lo cual puede ser la causa de la diferencia en el delta de pH entre los medios de cultivo. El efecto del autoclavado sobre el pH de los medios de cultivo depende del valor al que se haya ajustado el pH antes de autoclavarlo y del medio de cultivo. Por tal motivo, si se van a realizar estudios del efecto del pH del medio de cultivo, se sugiere primero determinar el efecto del autoclavado sobre el pH del medio a utilizar.



## **AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS HALOTOLERANTES POTENCIALMENTE PATÓGENAS PRESENTES EN EL PESCADO SECO**

**Elkin Marcelo Ruíz<sup>1,2</sup>, Karen Medina<sup>3</sup>, Maria Angélica Leal Leal<sup>1,4</sup>, Harold Pantoja<sup>5</sup>, María Camila Orozco<sup>6,7</sup>, Jimena Sánchez Nieves<sup>1,8</sup>**

<sup>1</sup>Grupo de Ciencias Planetarias y Astrobiología GCPA. Universidad Nacional de Colombia.

<sup>2</sup>Laboratorio microbiología del suelo. Departamento de Biología. Universidad Nacional de Colombia.

<sup>3</sup>Universidad colegio Mayor de Cundinamarca.

<sup>4</sup>Universidad de La Sabana Profesora Asociada. Departamento de Biología

<sup>5</sup>Programa de Biología, Universidad de La Salle.

<sup>6</sup>Facultad de Ciencias Básicas. Universidad de La Salle

<sup>7</sup>Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad San Martín

<sup>8</sup>Departamento de Biología. Universidad Nacional de Colombia.

**elkinmarcelo@gmail.com**

Preservar alimentos puede definirse como un conjunto de tratamientos óptimos para prolongar su vida útil manteniendo en lo posible, sus características organolépticas y especialmente su valor nutritivo. Esto incluye una amplia escala de conservación la cual va desde períodos cortos, dados por métodos domésticos de cocción y almacenamiento en frío, hasta períodos muy prolongados donde están involucrados procesos industriales estrictamente controlados como la congelación y la deshidratación (Leistner,1995). En altas concentraciones, la sal común (NaCl), es considerada como inhibidor del crecimiento microbiano, por lo cual ha sido ampliamente utilizada como aditivo para la conservación de alimentos, curtido de pieles, etc, sin embargo, existen microorganismos capaces de vivir en presencia de altas concentraciones de sal, es decir, ambientes hipersalinos, estos son denominados halófilos (Oren, 2002). El pescado seco es un producto en el cual se han empleado distintas técnicas como salazón y secado por medio de conservantes salinos, los cuales siguen siendo utilizados por la industria alimentaria, sin embargo, se ha establecido una inquietud relacionada con la forma en que éstos se emplean eficientemente, pues se ha demostrado la presencia de bacterias halotolerantes en diversos alimentos, las cuales generan problemas al consumidor. Es por esto que se hace necesario evaluar la efectividad del cloruro de sodio como conservante salino en la inhibición de posibles bacterias halotolerantes potencialmente patógenas que se encuentren en el pescado seco y las concentraciones adecuadas para la efectividad de dicha inhibición. Se obtuvieron comercialmente 11 muestras de pescado seco en plazas de mercado de Bogotá y Chía (Colombia), y en algunos almacenes de cadena. Estas muestras se llevaron a agitación en caldo nutritivo a temperatura ambiente por 48 horas, Posteriormente, se realizaron series de dilución hasta  $10^5$  en caldo nutritivo y se procedió a realizar siembras masivas en medios selectivos Salmonella-Shiguella (SS), manitol salado y agar sangre, llevándolos a incubación a  $37^{\circ}\text{C}$  por 24 horas. Resultados preliminares según características de los aislamientos obtenidos permitieron observar que el medio Salmonella-Shiguella (SS) solo presentó crecimiento de colonias en dos de los puntos, y al realizar tinción de Gram se evidenciaron bacilos Gram negativos, los cuales concuerdan con la descripción de *Shiguella* sp.; por su parte, en agar sangre, se observó alfa hemólisis en 7 puntos, beta hemólisis en 11 puntos y gamma hemólisis en 7 puntos, con observación de bacilos Gram negativos, bacilos Gram positivos y cocos Gram positivos; entre los microorganismos que produjeron beta hemólisis se encontraron bacillos Gram positivos organizados en cadena, lo cual lleva a suponer que puede tratarse de *Listeria* sp. Con relación a los resultados del manitol salado, todos los aislamientos correspondieron a cocos Gram positivos, con evidencia de colonias puntiformes no fermentadoras de manitol, que

permite suponer la presencia de *Staphylococcus epidermidis* y/o *Micrococcus* sp., en tanto que colonias cremosas fermentadoras de manitol posiblemente corresponden a *Staphylococcus aureus*; microorganismos para los cuales se efectuarán pruebas confirmatorias que incluyen pruebas bioquímicas diferenciales, entre otras. Una vez caracterizados los microorganismos se evaluará el óptimo de crecimiento en diferentes concentraciones de salinidad (3%, 5%, 10%, 15%, 25% y 50% de concentración de NaCl), y su crecimiento en medio para halófilos M63 (Öztürk *et al.*, 2015); así como evaluación de conservantes salinos y su actividad como inhibidores bacterianos tales como Ácido Benzoico (E210), Ácido Sórbico (E200) y sus sales, Benzoato de sodio ( $C_7H_5NaO_2$ ) y Sorbato de potasio ( $C_6H_7KO_2$ ), mediante curvas de supervivencia (Adarme Vega & Camp; Rincones Lizarazo, 2008). Se espera evidenciar cómo influye el cloruro de sodio, así como el mejoramiento con la adición de otros distintos conservantes salinos, en la inhibición de las bacterias halotolerantes potencialmente patógenas. Lo anterior con el fin de obtener los rangos óptimos de aplicación de NaCl para la conservación del pescado seco y brindar un trabajo base que permita proponer formulaciones futuras que limiten o inhiban el crecimiento bacteriano potencialmente patógeno en el mismo.

## CACERÍA DE VIRUS EN LA SELVA HÚMEDA TROPICAL DE LA SIERRA NEVADA DE SANTA MARTA, COLOMBIA

**Katherine Laiton-Donato<sup>1</sup>, Eric Perdomo<sup>2,3</sup>, Andrew Muñoz<sup>1,2</sup>, Valentina Cobo-Paz<sup>4</sup>, Juan Domínguez<sup>3</sup>, Adalberto Diuca<sup>3</sup>, Juan Pablo Franco<sup>2</sup>, Diego A. Álvarez<sup>1</sup>, María Cristina Navas<sup>5</sup>, Lyda Castro<sup>6</sup>, Clara Isabel Bermúdez-Santana<sup>4</sup>, Dioselina Peláez-Carvajal<sup>1</sup>, Gabriel Parra-Henao<sup>2</sup>, José A. Usme-Ciro<sup>2,\*</sup>**

<sup>1</sup>Grupo de Virología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá DC, Colombia.

<sup>2</sup>Centro de Investigación en Salud para el Trópico - CIST, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Troncal del Caribe Sector Mamatoco, Santa Marta, Colombia.

<sup>3</sup>Secretaría de Salud del Distrito de Santa Marta, Santa Marta, Colombia.

<sup>4</sup>Rnomica Teorica y Computacional, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá DC, Colombia.

<sup>5</sup>Grupo de Gastrohepatología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

<sup>6</sup>Grupo de Investigación Evolución, Sistemática y Ecología Molecular, Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia.

**juciro@gmail.com**

Colombia es considerado un país megadiverso por el sinnúmero de especies biológicas que alberga en sus ecosistemas propios de la región tropical. En las selvas colombianas convergen múltiples especies de vertebrados, así como de artrópodos hematófagos. Este escenario propicio para la transmisión de agentes virales ha sido explotado exitosamente por arbovirus con circulación históricamente demostrada mediante métodos virológicos y moleculares convencionales. A esto se suma el frecuente reporte de síndromes de etiología desconocida, cuyo diagnóstico no logra ser confirmado. Estudios recientes basados en secuenciación de próxima generación (NGS) han permitido acceder a la virosfera, demostrando la existencia de miles de especies virales aún por descubrir. Este estudio pretende acceder a la virodiversidad colombiana mediante el análisis del viroma de mosquitos hematófagos presentes en la Sierra Nevada de Santa Marta (SNSM). El sitio de muestreo correspondió a una zona selvática de la SNSM, Corregimiento Guachaca, entre coordenadas geográficas N11°46'17" y W-74°31'29". Se realizaron 4 muestreos durante un año, incluyendo épocas secas y lluviosas. Para la recolecta de los mosquitos se usaron trampas CDC, Shannon y captura activa mediante el uso de jamas y aspiradores. Los mosquitos fueron sacrificados y los morfotipos rápidamente separados en campo en platina fría con la ayuda de un estereomicroscopio y almacenados en seco (1-5 especímenes), etanol absoluto (1-5 especímenes) y nitrógeno líquido (pooles de 1-15 especímenes). La identificación morfológica se llevó a cabo utilizando claves dicotómicas y mediante código de barras usando el gen COI. Los pooles para la detección virológica fueron homogenizados en PBS 1X al 10% de Suero Fetal Bovino y 1% de Penicilina-Estreptomicina, los sobrenadantes aclarados y almacenados a -80°C. Una alícuota del sobrenadante fue utilizada para su inoculación en células C6/36 y Vero con el fin de intentar el aislamiento viral, mientras que otra fue usada directamente para la extracción de RNA viral y posterior secuenciación mediante la plataforma Illumina. Se recolectaron un total de 2054 mosquitos, 1477 de los cuales fueron almacenados en nitrógeno líquido, 457 en seco y 120 en etanol. Entre los géneros de mayor importancia identificados en el análisis preliminar se encuentran: *Anopheles* (*An.*), *Culex* (*Cx.*), *Johnbelkinia*, *Mansonia*, *Aedes* (*Ae.*), *Sabethes* (*Sa.*), *Haemagogus* (*Ha.*), *Ochlerotatus*, *Psorophora*, *Wyeomyia* y *Warileya*. Asimismo, se ha logrado la identificación de las especies *An. pseudopunctipennis*, *An. punctimacula*, *Sa. cyaneus*, *Johnbelkinia longipes*, *Wyeomyia ulocoma*, *Psorophora ferox*, *Psorophora ciliata*, *Sa. chloropterus*, *Ochlerotatus serratus*, *Ae. ioliota* y *Ae. aegypti*. Se han homogenizado e inoculado 49 pooles de mosquitos en células

C6/36 y Vero con el fin de intentar el aislamiento viral. Un total de 24 homogenizados fueron utilizados para la síntesis de cDNA y se encuentran en proceso de NGS. Con el fin de lograr el ensamblaje e identificación de genomas virales a partir de los datos de NGS, se ha avanzado en la implementación de las pipelines computacionales RNAQC-Chain y VirMap, calibradas mediante el uso de datos crudos con viromas conocidos. La diversidad y abundancia de mosquitos selváticos en la zona de muestreo es alta y se han hallado especies incriminadas en la transmisión de agentes infecciosos de importancia en Salud Pública. La caracterización del viroma de mosquitos hematófagos en la SNSM es crítica para establecer dinámicas de transmisión de arbovirus y para determinar el potencial riesgo de emergencia de virus silvestres hacia la población humana.

## EVALUACIÓN DE TRATAMIENTOS HIDROTÉRMICO E IRRADIACIÓN CON UV-C PARA EL CONTROL DE ANTRACNOSIS EN MANGO AZÚCAR DURANTE SU POSCOSECHA

**Yimmy Alexander Zapata Narváez, Luisa Fernanda Izquierdo García, Blanca Lucia Botina Azain, Camilo Rubén Beltrán-Acosta,**  
Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia  
**bbotina@agrosavia.co**

La antracnosis causada por *Colletotrichum gloeosporioides* es la enfermedad más limitante del mango (*Mangifera indica* L.) en todas las zonas donde es cultivado, provocando pérdidas de hasta el 50%. En campo el patógeno produce en los frutos inmaduros infecciones quiescentes, las cuales se desarrollan durante la poscosecha de la fruta causando su rápido deterioro y pérdida de calidad. Este panorama genera la necesidad de buscar alternativas de manejo poscosecha que limiten el desarrollo de la enfermedad y aporten a mantener la calidad de la fruta. En este sentido, se buscó evaluar el efecto de dos tratamientos físicos sobre frutos de mango azúcar. El primero, tratamiento hidrotérmico realizando la inmersión de la fruta en agua a temperaturas entre los 48 °C y 52 °C durante 5, 7 y 9 minutos. En el segundo, la fruta inoculada con el patógeno se expuso a la radiación ultravioleta UV-C (254 nm) a distancias de 10, 15 y 20 cm de la fuente emisora durante 12, 14, 16, 18 y 20 minutos. Los mangos sometidos a los tratamientos se incubaron en cámaras húmedas a 18°C durante 15 días. De acuerdo con los resultados, en el tratamiento hidrotérmico se determinó que a 50°C y 52°C durante 7 minutos se presentó una reducción en la severidad del 63% y 47% con un índice de severidad de 1.3 y 1.9 respectivamente sobre infecciones quiescentes presentando diferencias significativas. Respecto a los tratamientos con UV-C no presentaron diferencias significativas, sin embargo, a distancia de 15 cm y entre 16 a 18 minutos de exposición se observó el menor diámetro de lesión con una reducción del área afectada entre 58.3% y 51.8% respectivamente. Estos resultados plantean el potencial de uso para el control de la enfermedad en mangos tratados inmediatamente después de su cosecha, siendo necesario determinar la posibilidad de implementar esta metodología in situ.

## DETERMINACIÓN DE LA PRESENCIA DE UN MEGAPLÁSMIDO EN UNA CEPA SILVESTRE DE *Clostridium sp.*

María Alejandra Flórez<sup>1</sup>, Mauricio Bernal<sup>2</sup>, Dolly Montoya<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Biología, Universidad El Bosque

<sup>2</sup>Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá

mflórezp@unbosque.edu.co

La crisis energética mundial actual, ha generado un interés en la producción de combustibles alternativos a partir de fuentes renovables, como ciertos solventes con un alto contenido energético producidos por procesos de fermentación microbiana; dentro del género *Clostridium* existen un gran número de especies productoras de solventes (butanol, etanol y acetona) como *C. acetobutylicum*, *C. butyricum*, *C. kainantoi* entre otras. El Instituto de Biotecnología de la Universidad Nacional de Colombia ha aislado cepas del género *Clostridium* de suelos colombianos, destacándose la cepa *Clostridium sp.* IBUN 158 B, a la cual en estudios previos se determinó la presencia de un megaplásmido posiblemente relacionado con el plásmido pSOL1 de 192 Kpb, presente en una de las cepas mejor conocidas por su producción de butanol *C. acetobutylicum* ATCC 824 y que contiene los genes responsables de la producción de solventes; en consecuencia, el objetivo de este estudio fue estandarizar una técnica para separar dicho megaplásmido posible poseedor de genes implicados en la solventogénesis de la cepa silvestre *Clostridium sp.* IBUN 158 B. Para tal fin, se extrajo con solventes ADN total de la cepa silvestre en estudio, a partir de cultivos en fase de solventogénesis (DO: 1.0-1.2), evaluando su calidad a partir de los parámetros de integridad por visualización en geles de agarosa, concentración, pureza y funcionalidad; posteriormente el ADN total, fue separado en geles de agarosa al 1% por medio de electroforesis en gel de campo pulsado usando un sistema PFGE CHEF- DR III<sup>®</sup> BIO-RAD, optimizando las condiciones de corrida electroforética hasta obtener la mejor resolución; el tamaño molecular del megaplásmido fue determinado usando un marcador de peso molecular (concatámeros de Lambda) y utilizando la herramienta de análisis del Software Image Lab<sup>™</sup> BIO-RAD. El protocolo de extracción utilizado permitió obtener ADN íntegro, de pureza óptima A260/A280 2.03-2,08 y funcional, cuya concentración varió entre 130 – 400 ng/μl. Por electroforesis convencional fue posible visualizar el megaplásmido de la cepa silvestre y de la cepa control *C. acetobutylicum* ATCC 824 y a partir de una corrida electroforética de PFGE de 20 horas con un intervalo de pulsos de 6- 30 segundos, 120° de ángulo de reorientación y 6 V/cm; se pudo confirmar la presencia de un megaplásmido de 169 Kpb en la cepa estudiada. Por medio de la modificación realizada al método de extracción de ADN total, que consistió en partir de un cultivo en fase de solventogénesis con densidad óptica entre 1.0-1.2, fue posible estandarizar una técnica para visualizar el megaplásmido de la cepa silvestre *Clostridium sp.* IBUN 158 B en una electroforesis convencional y determinar su tamaño molecular por medio de electroforesis en gel de campo pulsado usando ADN en solución sin tener que usar células embebidas en plugs de agarosa, lo que supone una ventaja ya que la preparación del ADN en insertos de agarosa es bastante tediosa y toma mucho tiempo.

## EFFECTO DE DIFERENTES CONCENTRACIONES DE PETRÓLEO CRUDO Y SAL SOBRE LA DIVERSIDAD DE BACTERIAS DE UN SUELO DE CAMPO PETROLÍFERO BRASILEÑO CON ADICIÓN DE COMPOST DE RESIDUOS SÓLIDOS URBANOS

**Celia Marcela Camacho-Montealegre<sup>1</sup>, Daniel Kumazawa Morais<sup>2</sup>, Marcos Rogério Tótola<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Laboratorio de Biotecnología y Biodiversidad para el Medio Ambiente, Universidade Federal de Viçosa, Brasil.

<sup>2</sup>Laboratorio de Microbiología Ambiental, Instituto de Microbiología de la Academia de Ciencias de la República Checa, República Checa.

**marcelacamachom@gmail.com**

La industria petrolera involucra numerosas actividades, entre ellas la extracción, almacenamiento, transporte y procesamiento. Estas actividades son responsables de la generación de diferentes residuos, en el proceso de extracción se generan grandes volúmenes de agua de producción que corresponde al agua que se encuentra en los yacimientos junto con el petróleo y se caracteriza por tener gran cantidad de sales disueltas, sólidos en suspensión, gases e hidrocarburos lo cual dificulta su reutilización y eliminación pudiendo contaminar el suelo y las aguas superficiales y subterráneas. Es conocido que altas concentraciones de hidrocarburos y sales en el suelo tienden a inhibir la biodegradación, pero no se conoce el impacto de estos agentes sobre la estructura y diversidad de las comunidades microbianas. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de diferentes concentraciones de petróleo crudo y sal sobre las comunidades de bacterias presentes en el suelo del campo petrolífero de Carmópolis-Brasil. Se realizó un experimento en microcosmos con 100 g de suelo, a los que se agregaron 30 g/kg de compost de residuos sólidos urbanos y nutrientes inorgánicos (NPK). Para analizar el efecto de la concentración de petróleo crudo, los microcosmos fueron contaminados con 0, 10, 30, 50, 70 y 100 g/kg y para analizar el efecto de la salinidad, los microcosmos fueron contaminados con 30 g/kg de petróleo crudo y recibieron dosis de NaCl de 0, 25, 50, 75, 100 y 150 g/kg. Los microcosmos fueron incubados en condiciones aeróbicas durante 30 días, manteniéndose la humedad a 60% de capacidad de retención de agua y temperatura ambiente (24.5-27.5 °C). Después de la incubación, el ADN total del suelo fue extraído, purificado y enviado para secuenciación masiva de la región V3-V4 del gen ARNr 16S para el dominio *Bacteria* utilizándose la plataforma *Illumina MiSeq*. Los datos obtenidos se analizaron utilizando la plataforma bioinformática del *Brazilian Microbiome Project*. La adición de concentraciones crecientes de petróleo crudo al suelo llevó a disminución en la diversidad alfa de bacterias. El análisis de la diversidad beta mostró la agrupación de tratamientos según el grado de contaminación con petróleo crudo. Entre los filos dominantes, se detectaron cambios en las abundancias relativas de Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes y Actinobacteria. El phylum Actinobacteria evidenció mayor aumento en los tratamientos con concentraciones crecientes de petróleo crudo. Por otro lado, la adición de concentraciones crecientes de sal al suelo contaminado con petróleo crudo mostró disminución en la diversidad alfa de bacterias, seguido por aumento en el tratamiento con la dosis más alta de NaCl (150 g/kg). Fueron detectadas alteraciones en la abundancia relativa de filos Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria y Bacteroidetes. A medida que se incrementó la concentración de sal, hubo aumento del phylum Proteobacteria (excepto en el tratamiento con 150 g/kg de NaCl, donde disminuyó) y del phylum Firmicutes. En este trabajo se estudiaron en escala de laboratorio dos situaciones comunes en los campos petrolíferos: contaminación del suelo con altas concentraciones de petróleo crudo y con gran cantidad de agua de producción salina. Los resultados obtenidos mostraron cambios significativos en la diversidad y composición de las poblaciones de *Bacteria* a medida que aumentan las concentraciones de petróleo crudo y de NaCl en el suelo, evidenciando la selección de poblaciones más resistentes a los efectos tóxicos de los hidrocarburos y con mayor capacidad de adaptación al aumento de la salinidad en la solución del suelo.

## "Mu\_TnX", UNA HERRAMIENTA PARA FAVORECER LA EXPRESIÓN DE GENES PRESENTES EN ADN EPISOMAL

Adán Ramírez Rojas<sup>1,2</sup>, Álvaro Monguí<sup>3</sup>, Pedro F. B. Brandão<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá

<sup>2</sup>Corporación CorpoGen

<sup>3</sup>Universidad de Los Andes

[aaramirezro@unal.edu.co](mailto:aaramirezro@unal.edu.co)

Además de tener un importante papel en la naturaleza, los transposones son secuencias de ADN que también han mostrado ser herramientas ideales y ajustables a diferentes trabajos de investigación y desarrollo en biología molecular y biotecnología. Por ejemplo, pueden ser empleados como una alternativa que permite mejorar la expresión heteróloga de genes presentes en ADN episomal (ej. bibliotecas metagenómicas) que no son reconocidos por los hospederos bacterianos generalmente empleados. Debido a esto, se propuso el desarrollo de la herramienta denominada "Mu\_TnX", un transposón de tipo Mu que puede ser empleado en estudios de análisis funcional de genes presentes en ADN episomal. Mediante herramientas computacionales, se realizó el diseño de la secuencia del transposón y se definió la estrategia para la construcción y ensamblaje de este. Utilizando metodologías de síntesis de ADN, PCR y clonación tradicional, se llevó a cabo la construcción del transposón, cuya integridad fue confirmada mediante secuenciación dirigida con primers diseñados para tal función. Se validó el funcionamiento de esta herramienta mediante la evaluación de su capacidad de transposición *in vitro* sobre un control de actividad empleando cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas putida*. Se presenta el diseño final de la herramienta Mu\_TnX, un transposón de 6123 pb. Su construcción fue completada mediante la combinación de diversas estrategias, pudiéndose obtener finalmente el transposón purificado para su uso. La capacidad de transposición *in vitro* fue comprobada al recuperar clones en las cepas evaluadas que exhiben resistencia a los antibióticos empleados como marcadores de selección. Fue posible construir el transposón Mu\_TnX de acuerdo con el diseño realizado. Se evidenció su capacidad de transposición *in vitro*. Actualmente, se está validando la capacidad de esta herramienta para favorecer la expresión de genes presentes en plásmidos, antes de cumplir el objetivo final de comprobar su actividad sobre bibliotecas metagenómicas.



## ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE *Streptomyces* DEL RÍO ARAUCA FRENTE A BACTERIAS PATÓGENAS DE IMPORTANCIA CLÍNICA EN COLOMBIA

Jessica Paola Roa Meza<sup>1</sup>, Luis Eduardo Díaz Barrera<sup>2</sup>, Coy-Barrera E<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Semillero Neonature Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá

<sup>2</sup>Facultad de Ingeniería, Universidad de La Sabana, Chía

<sup>3</sup>Universidad Militar Nueva Granada Bogotá, Colombia

jproa@unicolmayor.edu.co

Los *Streptomyces* son un género de bacterias que se distribuyen en ecosistemas naturales descomponiendo y reincorporando la materia orgánica del suelo para que sea aprovechada por las plantas y otros microorganismos. Este género de bacterias es característico, debido a la morfología de sus colonias, con rasgos visibles similares a las estructuras fúngicas, presentan pigmentos intracelulares y extracelulares que se pueden observar en los medios donde se siembran. El presente trabajo evaluó el potencial antibacteriano de extractos metanólicos de *Streptomyces* aislados de la ribera del río Arauca frente a bacterias patógenas multiresistentes a los fármacos convencionales y su control es complejo en la clínica. Bacterias patógenas: *Klebsiella pneumoniae* (ATCC<sup>®</sup> 10031), VRE (*enterococcus* vancomicina resistente) (ATCC<sup>®</sup> 700221), MRSA (*Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina) (ATCC<sup>®</sup> BAA-1754), *Escherichia coli* (ATCC<sup>®</sup> 25922), *Pseudomonas aeruginosa* (ATCC<sup>®</sup> 15442), *Bacillus subtilis* (ATCC<sup>®</sup> 6051). *Streptomyces* del río Arauca 412, 424, 98 (Biobanco Universidad de La Sabana). Agar ISP2, Mueller Hinton. Caldos BHI, ISP2, ISP4, Almidón-Nitrato (AN) y Almidón-Caseína (AC). Metanol (Panreac, 99.9%). Se reactivaron las bacterias en agar ISP2 y se incubaron a 30°C. El crecimiento fue exponencial durante los 5 a 7 días. En 8 mL de medios líquidos (ISP-2, ISP-4, AC y AN) se sembraron tres plugs (1 cm<sup>2</sup>) provenientes de ISP-2 agar de cada *Streptomyces* (412, 424 y 98) y se incubaron a 20°C a 200 rpm durante 7 días. Se centrifugaron las fermentaciones a 8000 rpm por 15 min. La biomasa y los sobrenadantes fueron liofilizados (0.250 mBar, -54°C, 24 h). Los medios fermentados fueron resuspendidos en 500 µL de metanol (99.9 %) con ultrasonido (5 min) a 20°C. Se recogió el sobrenadante en frascos ámbar (10 mL) y se concentraron mediante rotaevaporación (T° 37°C, 1mBar, 20min). Se adicionaron 300 µg de cada extracto a un sensidisco para los antibiogramas. Los antibiogramas se realizaron en agar Mueller Hinton (MH) con cepas patógenas, que fueron previamente activadas en sus respectivos medios. Estas cepas fueron sembradas masivamente (1 x 10<sup>6</sup> UFC) y enfrentados con plugs de cultivos ISP-2 agar de los *Streptomyces* 424, 412, 144, 308, 85, 227, 62, 109 y 98, con sensidiscos de los medios fermentados liofilizados de *Streptomyces* que presentaron actividad (900 µg) y con los extractos metanólicos (300 µg). Se seleccionó del cepario de La Universidad de La Sabana, nueve cepas de *Streptomyces* que en fermentación en medio ISP-2 producen diferentes pigmentos. En el ensayo de actividad antibacteriana de enfrentamiento directo, tres *Streptomyces* (412, 424 y 98) presentaron halo contra MRSA, VRE y *Bacillus subtilis*, con estos tres *Streptomyces* en el antibiograma con los medios fermentados liofilizados se generaron halos frente a las mismas bacterias patógenas. En cuanto a los extractos, únicamente el extracto metanólico del *Streptomyces* 412 de los tres medios (ISP-2, ISP-4 y AN) mantuvieron la actividad para MRSA, VRE y *Bacillus subtilis*. Adicionalmente, en este extracto se ha podido observar la presencia de un pigmento amarillo que será objeto de identificación. *Streptomyces* aislados de la ribera del río Arauca presentaron pigmentos en medio de cultivo y extractos metanólicos que poseen actividad contra patógenos multiresistentes como MRSA y VRE. Estos pigmentos podrían ser empleados en la industria cosmética y de alimentos.

## INMUNIDAD ENTRENADA EN LA INFECCIÓN POR *Leishmania viannia*: UN MECANISMO POTENCIAL DE INMUNOPATOGENESIS EN LA ENFERMEDAD CUTÁNEA HUMANA

Lina Giraldo-Parra<sup>1</sup>, Adriana Navas<sup>1,2</sup>, Adelaida Gómez María<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia

<sup>2</sup>Universidad Icesi, Cali, Colombia.

lfgiraldo@cideim.org.co

Los macrófagos son la principal célula hospedera de *Leishmania* y desempeñan un papel central en el inicio de la respuesta inmune para la eliminación del parásito. Estudios previos han mostrado que los macrófagos de pacientes con leishmaniasis cutánea (LC) causada por *L. Viannia*, son más permisivos a la reinfección *in vitro* con el parásito que los macrófagos aislados de donantes sanos. Además, los macrófagos tienen más permisividad a la infección por *Leishmania* en comparación con los monocitos no diferenciados. Comprender los mecanismos inmunológicos que ocurren en el macrófago y que llevan a orquestar el desarrollo de la inmunopatogénesis de la enfermedad, es crucial para determinar su contribución en el desenlace clínico y la identificación de blancos terapéuticos intervenibles. Con base a esto, hemos explorado el papel de la memoria innata como un mecanismo involucrado en la respuesta inflamatoria, característica de la LC. Para evaluar si la infección *in vitro* de *L. panamensis* induce memoria innata, se aislaron monocitos a partir de PBMCs de donantes sanos (n = 5) y se sembraron  $1 \times 10^5$  células/pozo en placas de 96 pozos y se estimularon en presencia o no de promastigotes de *L.V. panamensis* durante 24 horas. Las células se dejaron en descanso durante cinco días y se re estimularon con (LPS 10 ng/mL) durante 24 horas. Los sobrenadantes se cosecharon para la medición de citoquinas mediante ELISA. Posteriormente, se quiere evaluar si la exposición *in vivo* a la infección por *Leishmania* induce memoria innata en pacientes con LC. Se están desarrollando experimentos en curso para responder a esta pregunta. La infección *in vitro* con *L.V. panamensis* indujo en los monocitos de donantes sanos un fenotipo de memoria inmune, caracterizado por una disminución de la secreción de IL10 ( $p < 0.05$ ) y una producción no significativa de TNF $\alpha$ , tras la re-estimulación en el día 6 con LPS en comparación con los monocitos no infectados. Nuestros resultados proporcionan evidencia de que el efecto de “priming” de *Leishmania in vitro* genera un cambio en la reactividad de los monocitos. Los niveles bajos de la secreción de IL10 podrían estar relacionados con una respuesta inflamatoria desregulada que contribuye con una exacerbada inmunopatogénesis de la enfermedad causada por el subgénero de *L. Viannia*.

## IDENTIFICACIÓN DE FACTORES ABIÓTICOS QUE INFLUYEN EN LA FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS DE *Escherichia coli* O157 Y *Salmonella typhimurium*

**Yudy Alejandra Guevara Castro<sup>1</sup>, David Nisbet<sup>2</sup>, Michael Hume<sup>2</sup>, Fernando Rodríguez Villamizar<sup>3</sup>, Carol Viviana Amaya-Gómez<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Centro de Investigación La Libertad

<sup>2</sup>United states Department of Agriculture (USDA), Agricultural research service (ARS), Food and Feed Safety Research Unit (FFSRU), Estados Unidos

<sup>3</sup>Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Agrosavia, Centro de Investigación Tibaitata  
**yguevara@agrosavia.co**

Las comunidades bacterianas de microorganismos enteropatógenos adheridas a superficies naturales y artificiales son una de las mayores fuentes de contaminación de los alimentos. Debido al incremento de la resistencia de las células dentro de la biopelícula a agentes sanitarios y antibióticos, la generación de estrategias de eliminación de estas comunidades representa un reto actual para la industria alimentaria. Con el objetivo de identificar estrategias para controlar la proliferación de estos microorganismos en galpones y áreas de manejo de huevos y gallinas, evaluamos el efecto de factores abióticos como la temperatura, el tiempo, la concentración de NaCl y el pH sobre la formación de biopelículas de *E. coli* O157 y *Salmonella Typhimurium*. La evaluación de este fenotipo fue examinada sobre cáscaras de huevo sumergidas e incubadas en medio Luria Bertani bajo en sal. Para determinar el efecto del pH el medio fue acidificado con ácido láctico, cítrico o acético o alcalinizado con hidróxido de sodio. Nuestros resultados indican que bajo las condiciones evaluadas la formación de biopelículas en estos enteropatógenos es influenciada en mayor medida por la temperatura y la disminución del pH generada por ácido acético, sin ser la concentración de NaCl y el tiempo un factor determinante ( $P > 0.05$ ). La colonización de la cáscara de huevo entre los 22 °C y 37 °C a pH 7 disminuyó en  $4 \times 10^7$  células/gr de cáscara de huevo (33%) para *E. coli* O157 y en  $6 \times 10^8$  células/gr (10 %) para *S. Typhimurium*. En el medio suplementado con ácido acético (pH 3) se observó que la formación de biopelículas es menor de  $1 \times 10^5$  células/gr de cáscara de huevo en ambos microorganismos. Nuestro estudio señala que las biopelículas formadas por *E. coli* O157 y *S. Typhimurium* podrían ser controladas por la acidificación con ácido acético e incubación a baja temperatura. Estudios futuros sobre la evaluación del efecto de estos factores en condiciones de campo podrían verificar si estos pueden ser utilizados para el control de biopelículas formadas por enteropatógenos por los avicultores.

## EXPLORANDO LA VARIABILIDAD DE MICROORGANISMOS QUELANTES DE HIERRO Y SU VERSÁTIL APLICACIÓN EN EL CONTROL DE FITOPATÓGENOS

**Yeinny Carolina Pisco Ortiz, Liz Alejandra Uribe, Mauricio Soto Suárez, Carol Viviana Amaya Gómez**

Agrosavia, centro de investigación la Libertad y Tibaitatá

**ypiscoo@agrosavia.co**

La sobreexplotación agrícola acompañada de prácticas de manejo de cultivo inapropiadas para la obtención de altos rendimientos ha impactado negativamente la estabilidad y funcionalidad de los ecosistemas. Por ello en la actualidad, las medidas de control sobre fitopatógenos y plagas están siendo orientadas a la explotación de los atributos microbianos que puedan ser bioprospectados en el desarrollo de productos que favorezcan la inocuidad de las cosechas de manera más amigable con el medio ambiente. El reconocimiento por parte de las plantas de compuestos quelantes de hierro como los sideróforos producidos por los microorganismos puede resultar en una activación de su respuesta inmune. En este trabajo hemos iniciado la caracterización de cepas bacterianas capaces de producir sideróforos, como estrategia biológica para el control del agente causal de la marchitez vascular del tomate, *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersicic* (Fo/59). Adicionalmente se estandarizó una metodología para evaluar en condiciones de deficiencia de hierro la actividad biocontroladora de las cepas seleccionadas sobre Fo/59. A partir de muestras de rizósfera y filósfera provenientes de ecosistemas poco intervenidos de Caquetá y Putumayo, se realizó el aislamiento de bacterias en medio deficiente en hierro (IDM), simulando condiciones de temperatura y humedad de la Amazonia Colombiana. Mediante la técnica de Chrome azurol sulfonato (CAS) se calculó la producción de sideróforos en cada microorganismo. Un total de 162 cepas bacterianas de diversos morfotipos fueron aisladas. El 51.2% de los aislamientos presentaron producción de sideróforos con ratios que lograron alcanzar el 100% de adquisición de hierro del complejo CAS. Un 70% de las bacterias productoras de sideróforos fueron caracterizadas como bacterias Gram positivas, un 7% como Gram negativas y un 6% como ácido-alcohol resistentes. El 17% restante presentó una tinción de Gram indeterminada. El aumento de la concentración de glucosa en IDM en condiciones de co-cultivo, permitió evidenciar la actividad biocontroladora sobre Fo/59 de nuestro control positivo la cepa Th034 (*Trichoderma asperellum*). Este estudio, nos permitió identificar un grupo de bacterias cuyas propiedades quelantes, permiten dar continuidad a investigaciones enfocadas en la actividad de inducción de resistencia en la planta y biocontrol frente al agente causal de la marchitez vascular del tomate.

## **PREVALENCIA DE BACTERIÓFAGOS COMENSALES EN EL INTESTINO HUMANO Y ANÁLISIS DE SU FUNCIÓN**

**Laura Avellaneda Franco<sup>1,2</sup>, Luis Alberto Chica Cardenas<sup>1,2</sup>, Alejandro Reyes Muñoz<sup>1,2,3</sup>.**

<sup>1</sup>Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

<sup>2</sup>Max Planck Tandem Group in Computational Biology, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia; <sup>3</sup>Center for Genome Sciences Washington University School of Medicine, St. Louis, MO 63132

**[l.avellaneda50@uniandes.edu.co](mailto:l.avellaneda50@uniandes.edu.co)**

Los bacteriófagos -virus que infectan bacterias- son las entidades biológicas más abundantes en el intestino humano y juegan un papel importante en la salud humana. En el 2016, Manrique y colaboradores mostraron que las personas saludables comparten un conjunto de bacteriófagos (core viroma) y que un cambio en la abundancia del mismo está asociado con enfermedades gastrointestinales. Además, confirmaron que uno de los bacteriófagos con mayor prevalencia en el intestino humano es crAssphage, el cual hace parte de la recientemente descubierta familia viral crAss-like. En este estudio buscamos el core viroma de 63 individuos pertenecientes a 22 familias (compuestas de un par de gemelas y su madre) a partir de viromas obtenidos de muestras fecales. Para esto, se realizó un ensamblaje de las lecturas usando Newbler seguido de Cap3, los contigs con una longitud mayor a 500pb fueron clusterizados basado en su identidad mediante CD-hit, la secuencia más larga de cada cluster fue usada como una viral OTU (vOTU). Posteriormente, las lecturas de cada librería fueron alineadas a todas las vOTUs usando FR-Hit, luego se realizó una tabla de abundancia de cada una de las vOTUs por muestra normalizada por el número de lecturas y la longitud de cada la misma. Con esta tabla encontramos 9 contigs que están en al menos el 80% de los individuos muestreados. El core viroma de estos individuos se agrupo en 4 clusters según su abundancia. El cluster I está compuesto por fagos de la familia crAss-like y su abundancia muestra una correlación negativa con los fagos del cluster II, razón por la cual se decidió realizar un estudio de la prevalencia de este cluster en las 1000 corridas de viromas presentes en NCBI.

## **DETERMINACIÓN DE LA CONCENTRACIÓN DE PHA PARA CEPAS DE *Bacillus subtilis* Y *Bacillus thuringiensis* IMPLEMENTANDO LA TÉCNICA DE TINCIÓN DE NEGRO DE SUDÁN B**

**Jeymy Contreras**

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

**jeymy.contreras@gmail.com**

Actualmente existen diferentes estudios relacionados con la producción de polihidroxialcanoatos (PHAs) en algunas bacterias Gram positivas y Gram negativas, dichos PHAs o también denominados bioplásticos termoestables son importantes debido a que una amplia variedad de microorganismos puede sintetizarlos y acumularlos como reservas de carbono y energía en forma de gránulos intracitoplasmáticos. Hoy en día estos son de gran utilidad a nivel industrial ya que una vez extraídos de la célula se convierten en biopolímeros biodegradables que pueden reemplazar plásticos de origen petroquímico. Generalmente en varias investigaciones la identificación de gránulos de PHAs en células bacterianas se realiza a través de la tinción con el colorante negro de Sudán B, como parámetro de seguimiento, por tal motivo se utilizó este colorante al 0.3 % para determinar la concentración de PHA intracelular presente en cepas de *Bacillus subtilis* y *Bacillus thuringiensis* y como control negativo se utilizó una cepa de *Escherichia coli*. La técnica se inició dejando incubar un inóculo de cada bacteria en 100 mL de caldo nutritivo con glucosa durante 20 horas, se tomó 1 mL de la muestra y esta se centrifugó, se descartó el sobrenadante y al pellet se le adicionó negro de Sudán B al 0.3%, este se incubó durante 20 minutos con agitación constante a 37°C, se centrifugó y se prosiguió a realizar 3 lavados consecutivos con agua destilada para descartar el colorante que no se adhirió a los gránulos, finalmente se adicionó 1 mL de agua destilada a la muestra y se determinó la concentración de PHA analizando las muestras en el espectrofotómetro a 580 nm. Teniendo en cuenta la metodología realizada se obtuvo que *Bacillus subtilis* tuvo una mayor acumulación de PHA a las 56 horas de crecimiento, mientras que *Bacillus thuringiensis* a las 79 horas, siendo este superior al de *Bacillus subtilis*, mientras que en *Escherichia coli* no se observó un punto máximo de absorbancia para este microorganismo. Con los resultados obtenidos se puede inferir que para determinar la concentración de PHA intracelular es necesario realizar una curva de crecimiento para cada microorganismo, ya que en la fase exponencial de cada uno fue donde se presentó la mayor acumulación de estos gránulos.

## GENÓMICA COMPARATIVA DE TRES ESPECIES DEL GÉNERO *Streptococcus*

Yineth Neuta Poveda, Juan David Romero, Carlos Santiago Sanabria, Clara Isabel Bermudez

UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

daromerobe@unal.edu.co

El género *Streptococcus* tiene gran importancia clínica debido a su acción patológica. En humanos, *Streptococcus pyogenes* causa faringoamigdalitis y otras enfermedades supurativas y no supurativas, en bovinos y equinos, las especies *S. dysgalactiae* (Sd) y *S. equi* se asocian con enfermedades del tracto respiratorio y mastitis. Actualmente los estudios amplios del genoma permiten identificar características genómicas que no son detectables en estudios clásicos moleculares. Estos estudios genómicos demandan del uso de herramientas bioinformáticas para la identificación de la variabilidad genómica existente entre diferentes especies de un mismo género. El objetivo de este estudio fue comparar la estructura genómica de estas especies bacterianas. Los genomas y proteomas de tres especies del género *Streptococcus* (*S. pyogenes*, *S. dysgalactiae* y *S. equi*) y *Bacillus subtilis* del fueron descargados del NCBI. El genoma de la especie *B. Subtilis* fue escogido como grupo externo dentro del proceso de análisis. Para las cuatro especies se calcularon las ortologías compartidas de sus proteomas por medio del programa ProteinOrtho. Posteriormente, se realizó un filtrado de datos para encontrar proteínas con un grado de ortología que varió entre 0.5 y 1. De acuerdo con los resultados de ortología se escogieron las dos especies más relacionadas entre sí y posteriormente se realizó un alineamiento pareado de estas especies usando Last web (<http://lastweb.cbrc.jp/>). Finalmente, se llevó a cabo un alineamiento múltiple genómico entre las cuatro especies, usando el programa Mauve. Se hallaron 1691 ortologías entre las especies estudiadas, de las cuales 1517 corresponden al grado de ortología 1. Adicionalmente se encontraron 813 proteínas con algún grado (score < 1) de ortología compartida entre las cuatro especies, 524 proteínas correspondientes a la ortología calculada en todas las posibles combinaciones de tres especies y 354 genes de ortologías compartidas entre dos especies. La mayor cantidad de ortologías compartidas se encontraron entre las especies *S. pyogenes* y *S. dysgalactiae*, lo cual se relaciona con las coincidencias observadas en el alineamiento pareado entre las estructuras de los genomas, en el cual también se identificaron patrones de organización genómica diferentes como rearrreglos e inversiones. En el alineamiento múltiple genómico se evidenció que el genoma de *B. subtilis*, posee un tamaño que duplica el tamaño de cada uno de los demás genomas de las tres bacterias del género *Streptococcus*. Se pudo observar que existe un mayor número de inversiones entre *S. pyogenes* y *S. equi*, en comparación con *S. pyogenes* y *S. dysgalactiae*, lo cual soporta la relación evolutiva más estrecha entre el último par de especies. Las especies de *Streptococcus* comparten un gran número de proteínas ortólogas que soporta la evidencia de su cercanía evolutiva esperada, pero sin embargo se presentan rearrreglos genómicos que podrían estar relacionados con la especificidad hacia un hospedero determinado. Nuestra metodología representa una estrategia útil para identificar reordenamientos genómicos que podrían estar relacionados con diferencias en la ganancia evolutiva asociada a la patogenicidad bacteriana.

## **SCENE-QC: HERRAMIENTA DE VISUALIZACIÓN DE CALIDAD DE SECUENCIACIÓN BASADA EN ESCENARIOS DE USO**

**Diego Delgadillo, Alejandro Caro-Quintero**  
AGROSAVIA, centro de investigación Tibaitatá  
[ddelgadillo@agrosavia.co](mailto:ddelgadillo@agrosavia.co)

Uno de los pasos fundamentales en la secuenciación de ADN es el control de calidad y el corte de secuencias (“trimming”) para eliminar segmentos con una alta probabilidad de error. Este paso asegura que los análisis posteriores no generen conclusiones derivadas de errores de secuenciación. Las herramientas como FastQC ofrecen una visualización general de la distribución de la calidad por base y por lectura (promedio de la calidad) y a pesar de su gran utilidad, no permiten relacionar el número de lecturas con cierto perfil de calidad, ni evalúan que sucedería con el set de datos luego del “trimming”, es decir, cuántas lecturas se retendrían, de qué longitud y con qué perfil de calidades. Por lo tanto con las herramientas actuales, no es posible predecir cuántas lecturas se ajustan a los distintos escenarios de uso de la secuenciación (e.g., secuenciación de marcadores moleculares, genómica, metagenómica, RNAseq). En este trabajo presentamos una herramienta alternativa denominada scene-QC que permite, evaluar la calidad, en un contexto de uso (escenarios), predecir los resultados del control de calidad y sugerir los parámetros a usar para el proceso de trimming. La herramienta fue desarrollada en Python 3.7, y se basa en la segmentación de las lecturas en ventanas de longitud determinada (en pb), la determinación de un puntaje de calidad para cada ventana (percentil de la calidad requerida) y la agrupación de las lecturas por perfiles de calidad. Con esta matriz de información de calidad es posible predecir el resultado del “trimming” dependiendo del escenario. La visualización de la información se da por medio de un mapa de calor de la calidad global de la secuencia, donde se muestran los agrupamientos por perfil de calidad, seguido de un diagrama de barras correspondiente a la abundancia de lecturas para cada, y finalmente una distribución del acumulado de lecturas de menor a mayor calidad. Este mismo esquema de visualización se predice para cada escenario de uso y se ofrece un estimado de correspondencia de la información (ajuste al objetivo), finalmente la herramienta sugiere los parámetros a utilizar en el trimming. Para este congreso se presentará la primera versión de scene-QC y la estandarización de esta herramienta bajo los diferentes escenarios de uso en el área de la microbiología.



## EVALUACIÓN DEL POTENCIAL GELIFICANTE DE PRODUCTOS AGROINDUSTRIALES PARA LA SUSTITUCIÓN PARCIAL O TOTAL DEL AGAR UTILIZADO EN MEDIOS DE CULTIVO MICROBIOLÓGICO

**John Sánchez Cardozo, María Ximena Quintanilla Carvajal, Ruth Ruiz Pardo, Alejandro Acosta González**  
Universidad de La Sabana  
[johsanc@unisabana.edu](mailto:johsanc@unisabana.edu)

Los agentes gelificantes son componentes que solidifican los medios de cultivo para facilitar el aislamiento de colonias en cultivos puros. Actualmente, el agar es el único agente gelificante utilizado comercialmente. El problema actual de la producción de agar es que la sobreexplotación de las poblaciones de las algas *Gelidium* spp está afectando la conservación de las especies, aumentando su precio de mercado hasta un 300%. El objetivo de esta investigación fue evaluar el potencial gelificante y para el cultivo de microorganismos de extractos derivados de productos agroindustriales y gomas comerciales, tanto de manera individual como en mezclas. Para establecer las combinaciones de los agentes gelificantes óptimos se utilizó un diseño de mezclas usando 6 componentes, seleccionando la firmeza como variable de respuesta y criterio de optimización. Los geles óptimos se mezclaron con cuatro medios de cultivo comerciales para comparar los cambios en el Análisis de Perfil de Textura (TPA). Posteriormente, se probó la capacidad de los geles óptimos para el crecimiento cepas de referencia y una muestra de suelo para el aislamiento de microorganismos degradadores de agentes gelificantes que se pre-identificaron por la técnica MALDI-TOF. Como resultado se obtuvieron cuatro mezclas como potenciales sustitutos del agar: una mezcla con la misma firmeza del agar, más dos mezclas con una firmeza 40% superior y una última con una firmeza 50% inferior. El análisis de textura permitió concluir que ninguno de los agentes gelificantes incluido el agar se comporta como un agente inerte, químicamente hablando, pues al mezclarse con diferentes medios de cultivo se modifican los parámetros de firmeza y adhesividad por interacciones con los nutrientes en los medios de cultivo y por lo tanto modifican las condiciones de crecimiento de los microorganismos. Posteriormente, se realizó una primera validación microbiológica aplicada mediante la evaluación del crecimiento de 5 cepas de referencia. Los resultados demostraron que ninguna de las mezclas presenta un efecto significativo en el conteo de unidades formadoras de colonia ni efectos en la morfología de *F. oxysporum* o *S cerevisiae*. Por el contrario, cambian la morfología macroscópica de las cepas *S. aureus*, *E. coli* y *B subtilis*. Finalmente, se realizó la siembra de una muestra de suelo en medio M9 en ausencia de fuente de carbono. Se aislaron un total de 217 cepas que fueron purificadas y pre-identificadas. Los resultados indicaron que el agar, la goma gellan y las mezclas óptimas con medio sin fuente de carbono permiten el crecimiento de microorganismos, por lo tanto, son potenciales agentes gelificantes para el aislamiento de especies degradadoras de moléculas complejas en muestras de suelo. Estos microorganismos son de alto interés por que no existe un amplio aislamiento y registro de especies productoras de agarasas o gelan liasas por lo tanto esta técnica de siembra con diferentes agentes gelificantes podría dar lugar microorganismos no aislados previamente. De las cepas aisladas, 12 no fueron identificadas a nivel de género. Se encontró, además, que uno de los geles óptimos aumenta la cantidad de células viables y al aísla una mayor diversidad en comparación con el agar, y los 3 geles óptimos restantes. Como conclusión se diseñaron 4 mezclas de agentes gelificantes como potenciales sustitutos del agar bacteriológico que permiten cultivar microorganismos de referencia y potenciales degradadores de moléculas complejas con una reducción de costo de entre 4-25%.

## LA CEPA BIOCONTROLADORA IBUN 2755 POSEE UNA ALTA CAPACIDAD COLONIZADORA Y RESPUESTA QUIMIO ATRAYENTE HACIA EXUDADOS RADICULARES DE PLANTULAS DE ARROZ

Paula Perea M.<sup>1</sup>, Luz Pedraza H.<sup>2</sup>, Daniel Bravo<sup>3</sup>, Beauregard Pascale B.<sup>4</sup>, Daniel Uribe Vélez<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia - Facultad de Ciencias - Instituto de Biotecnología.

<sup>2</sup>Universidad Nacional de Colombia - Facultad de Agronomía.

<sup>3</sup>Laboratorio de microbiología de suelos y calorimetría. Agrosavia.

<sup>4</sup>Département de biologie Université de Sherbrooke QC - Canada

<sup>5</sup>Universidad Nacional de Colombia - Facultad de Ciencias - Instituto de Biotecnología.

ppeream@unal.edu.co

La cepa *IBUN 2755* es un bacilo gram positivo formador de endoesporas, que pertenece a la especie *Bacillus velezensis*, se destaca por su capacidad en el control de agentes fitopatógenos. Este control puede ser dado mediante inducción de resistencia sistémica, producción de compuestos orgánicos volátiles y a competencia por espacio y nutrientes a través de una rápida colonización. *IBUN 2755* ha demostrado tener actividad biocontroladora contra *Burkholderia glumae* y *Rhizoctonia solani*. Debido a su acción como biocontrolador este trabajo busca elucidar la capacidad de esta cepa en la colonización de plantas de arroz, con el objeto de entender su papel en el mecanismo de acción de la cepa. Se determinó el solapamiento de nicho en términos de consumo de sustratos a base de carbohidratos mediante la técnica de Biolog, De esta forma se seleccionaron los sustratos compartidos por *IBUN 2755* y *B. glumae* haciendo énfasis en aquellos que están presentes en los exudados del arroz. Esto nos permitió evaluar la capacidad quimio atrayente de Alanina, Ácido glutámico y Galactosa a las concentraciones teóricas presentes a los días 7, 14 y 21 en los exudados de arroz. Para evaluar la capacidad quimio atrayente de estos exudados, semillas de tres días de germinación fueron colocadas en un sistema hidropónico controlado estéril para la colección de los exudados a los 7, 14 y 21 días. Se evaluó la formación de biopelículas en raíces de plantas de arroz además de su capacidad de entrar a la planta como endófito. Para ello, semillas de arroz F2000 fueron inoculadas con una concentración de  $1 \times 10^7$  UFC/ml del mutante (M1) de *IBUN 2755* resistente a espectinomicina (100ug/ml), la colonización se evaluó durante los días 7, 14 y 21 post inoculación en medio LB suplementado con el antibiótico. Para determinar su colonización como endófito, las plantas fueron desinfectadas superficialmente con hipoclorito (6%) y etanol al 70% por 6 minutos cada vez, las plantas fueron maceradas y se realizaron diluciones seriadas para hallar su concentración, para verificar que los microorganismos contabilizados fueran endófitos se procesaron plantas sin esterilización superficial. La cepa pertenece a un proyecto de acceso a recursos genéticos con permiso de exportación ANLA N°01340. La cepa *IBUN 2755*, es capaz de formar una película visible en raíces de arroz a los 7 días post inoculación llegando a una concentración de  $1 \times 10^8$  UFC/ml. Se determinó que las secreciones producidas por la planta a los 7 días atraen fuertemente al microorganismo. Por otra parte, se logró determinar que la cepa *IBUN 2755* es especialmente atraído por los aminoácidos analizados ( $1 \times 10^3$  UFC/ml en promedio) respecto a galactosa ( $1 \times 10^2$  UFC/ml). Durante los tiempos analizados se determinó que la acción quimio atrayente de Alanina y Ácido glutámico disminuye entre el día 7 ( $1 \times 10^3$  UFC/ml) al día 14 y 21 donde la concentración se mantiene en  $1 \times 10^2$  UFC/ml. Por otra parte, la cepa es capaz de colonizar de manera endófito alcanzando una concentración de  $5 \times 10^5$  UFC/gr en la raíz y de  $1,2 \times 10^4$  UFC/gr en tallo en plantas de 7 días y finalmente una concentración de  $1 \times 10^4$  UFC/gr en raíz y  $1 \times 10^3$  UFC/gr en tallo en plantas de 21 días. Su capacidad quimio atrayente hacia los exudados del arroz, su habilidad para formar biofilm y colonizar de manera endófito, pueden influenciar en gran medida su acción como microorganismo benéfico.

## SELECCIÓN DE LEVADURAS CON POTENCIAL PARA LA TRANSFORMACIÓN DE XILOSA HASTA XILITOL

**Angela M. Garcia-Acero<sup>1,3</sup>, Pedro F. Brandão<sup>2</sup>, Carlos A. Rosa<sup>3</sup>, Mario E. Velásquez<sup>1</sup>**

Grupo de investigación de procesos químicos y bioquímicos. Universidad Nacional de Colombia.  
Grupo de Estudios para la Remediación y Mitigación de Impactos Negativos al Ambiente (GERMINA). Universidad Nacional de Colombia.

Laboratorio de taxonomía, diversidad y biotecnología de hongos. Universidad Federal de Minas Gerais.

**amgarciaa@unal.edu.co**

La biomasa residual presenta potencial como materia prima para productos de base biológica debido al bajo costo y su alta producción, lo que la posiciona como una fuente importante para la producción de combustibles, químicos y materiales. En los materiales lignocelulósicos la transformación de la fracción hemicelulósica (xilosa) es un parámetro que afecta la eficiencia del bioproceso. Por lo tanto, la selección de microorganismos como biocatalizadores para la transformación de la xilosa es una etapa relevante para la implementación de estos sistemas productivos. Fueron seleccionadas levaduras de la colección del laboratorio de ingeniería bioquímica, identificadas como especies de los géneros *Pichia* (*Issatchenkia*) y *Candida*, así como algunos linajes no identificados. *Meyerozyma guilliermondii* FTI 20037 fue utilizada como control. Estas levaduras fueron crecidas en placa con medio YMX (D-xilosa 1%, como fuente de carbono) a 30°C durante 48 - 72 h. El inóculo fue preparado en medio líquido YPX (D-xilosa 2%). El crecimiento se realizó en tubo de ensayo con tapón de algodón a 28 °C, 150 rpm por 48 h. El inóculo se ajustó a  $OD_{600nm} \approx 0.2 \pm 0.02$ . La fermentación fue realizada en erlenmeyer (100 mL de capacidad), el volumen de trabajo fue de 60 mL y el medio de fermentación fue YPX (el cual contiene D-xilosa 3%) con 10% de inóculo. La incubación fue realizada a 150 rpm, 28 °C durante 137 h, tomando alícuotas en 17, 24, 48, 88 y 137 horas. El seguimiento de la biomasa fue realizado por lectura de absorbancia a 600 nm. El sobrenadante de cultivo líquido fue analizado mediante método analítico por HPLC. Un total de 24 linajes de levaduras fueron cultivadas en medio sólido con 1 % de xilosa como fuente de carbono de los cuales 25 % no presentaron crecimiento y 12.5 %. En medio líquido con 2% de xilosa para preparación del inóculo, solo 8 presentaron un crecimiento abundante de biomasa que fue ajustada a  $0.2 \pm 0.02$  de  $OD_{600nm}$  para su evaluación en proceso de fermentación. El linaje 209-4 (identificado como *P. garciniae*) presentó mayor crecimiento y un consumo del 98.5% en un tiempo de 137 h. El linaje 108-5 (identificado como *C. intermedia*) presentó mayor formación de biomasa respecto al linaje control de *M. guilliermondii* FTI 20037, además de presentar una mayor velocidad en el consumo de la xilosa que fue totalmente agotada después de 137 h de fermentación. Los aislados 211-3 y 203-3 solo presentaron consumo de xilosa en valores de 31.6% y 58.2% respectivamente. De acuerdo a los resultados obtenidos para los parámetros de fermentación después de 88 h, el producto principal del metabolismo fermentativo observado para estos aislados es el xilitol. Los valores de productividad para etanol fueron bajos y los rendimientos no superaron  $0.075 \text{ g de etanol} \cdot \text{g}^{-1}$  de xilosa. De otro lado, 75 % de los aislados presentaron potencial para la transformación de xilosa con una productividad para xilitol mayor que el linaje control de *M. guilliermondii* FTI 20037 que mostró una productividad de  $0.122 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1} \text{ h}^{-1}$  en las condiciones experimentales estudiadas.

## EVALUACIÓN DEL COMPORTAMIENTO DE *Lactobacillus casei* subsp. *ramnosus* E INULINA EN BEBIDAS DE FRUTOS ROJOS

Camila Bernal Castro<sup>1</sup>, Carolina Guitiérrez Cortés<sup>1</sup>, Judith Figueroa Ramírez<sup>2</sup>, Consuelo Díaz Moreno<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá  
Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos (ICTA)  
Ac. 26 #40-85, Bogotá

<sup>2</sup>Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá  
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia  
Carrera 30 # 45-03  
[caabernalca@unal.edu.co](mailto:caabernalca@unal.edu.co)

En el mercado colombiano no existen bebidas a base de frutas y hortalizas con adición de microorganismos probióticos. La adición de probióticos en estos sustratos de origen vegetal es un campo de aplicación de la biotecnología dentro de la industria farmacéutica y agroalimentaria y ha sido introducido recientemente en países desarrollados, con varios desafíos relacionados con la selección de las cepas específicas a ser utilizadas, la producción de inóculo, la viabilidad de las bacterias durante el almacenamiento en condiciones de refrigeración (4°C) y las características intrínsecas del medio de cultivo como el pH, acidez, el contenido azúcares, ácidos orgánicos, fibra y fitoquímicos. Se evaluó el efecto de incorporar el probiótico *Lactobacillus casei* subsp. *ramnosus* (inoculado a 8 log UFC mL<sup>-1</sup>) en los parámetros fisicoquímicos, contenidos de azúcares y ácidos orgánicos, calidad microbiológica y color en una bebida de frutos rojos (FR) de origen tropical con inulina al 1 %. durante 21 días de almacenamiento en condiciones de refrigeración (4°). La bebida de FR fue elaborada con un pH 3,6;10°Brix y 30% p/v de fruta (fresa 20%, mora 10%), como estabilizante de pH se adicionó 5% p/v de papaya También se monitorizó la supervivencia de *L. casei* bajo condiciones gastrointestinales humanas simuladas: tolerancia a las sales biliares (0,5; 1,0; 1,5 y 2,0%) y a pH ácido (2,0; 2,5 y 3,0) antes y después del almacenamiento de la bebida de frutos rojos. Durante el almacenamiento se encontró que la inulina 1% ( $p < 0.05$ ) afecto significativamente la viabilidad de la bacteria en la bebida. Los parámetros fisicoquímicos de la acidez y el pH no cambiaron significativamente en el almacenamiento. Se encontró cambios en la concentración de los azúcares evaluados y no se evidencio producción de ácido láctico mediante análisis de cromatografía líquida de alta eficiencia (HPLC). Adicionalmente los probióticos y el prebiótico ejercieron cambios en la diferencia total de color ( $\Delta E$ ) en comparación con el producto fresco. *L. casei* se adaptó a la bebida de FR mejorando su capacidad de tolerar la acidez y manteniendo la tolerancia a las sales biliares. La densidad celular recomendada para un alimento probiótico (aproximadamente 10<sup>6</sup> UFC mL<sup>-1</sup>) fue hasta el día doce de almacenamiento para la bebida de frutos rojos con inulina al 1% (7,15±0,19) e igualmente para la bebida sin inulina (6,14±0,04 Log UFC mL<sup>-1</sup>). La bebida de frutos rojos favorece las condiciones de sustrato para el microorganismo probiótico durante el almacenamiento, sin tener efectos significativos ( $p > 0,05$ ) sobre las características fisicoquímicas de la bebida (pH y acidez), a excepción de los sólidos solubles y el color. La adición de la inulina al 1% ejerció un efecto sinérgico como reserva energética de la cepa durante el almacenamiento a 4°C por un periodo de 12 días (7,15±0,19 Log UFC mL<sup>-1</sup>).

**CARACTERIZACIÓN Y ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE NANOCOMPUESTOS DE SUBMUCOSA  
INTESTINAL PORCINA Y NANOPARTÍCULAS DE PLATA OBTENIDAS POR SÍNTESIS VERDE:  
BIOSÍNTESIS POR *Fusarium oxysporum* Y SÍNTESIS MEDIADA POR MIEL**

**José Daniel Corredor Rodríguez, Viviana Hernández Legarda, Juan Carlos Cruz Jiménez, Carolina  
Muñoz Camargo**

Ingeniería Biomédica, Universidad de los Andes  
**jd.corredor10@uniandes.edu.co**

La síntesis de nanopartículas de plata ha incrementado en los últimos años debido a las propiedades antimicrobianas que estas poseen. En el presente estudio, la síntesis de nanopartículas se lleva a cabo mediante dos métodos verdes, el primero utilizando miel como agente reductor y el segundo utilizando el hongo *Fusarium Oxysporum* (F.O). El objetivo principal fue caracterizar las nanopartículas (tamaño y composición) y conjugar las nanopartículas de plata con hidrogeles de submucosa intestinal porcina (SIS) mediante la funcionalización de las nanopartículas. Posteriormente se evaluó el crecimiento bacteriano (cepas de *E. coli* y *S. aureus*) en los hidrogeles para determinar la capacidad bactericida del material. Lo anterior, para concluir que es posible realizar la síntesis de nanopartículas de plata de una manera amigable con el ambiente, manteniendo propiedades físicas y químicas comparables con los métodos estándar y que estas, en efecto, proporcionan propiedades antimicrobianas a los hidrogeles de submucosa intestinal, posicionado así este nanocompuesto como una alternativa de biomaterial en múltiples aplicaciones de la ingeniería de tejidos.

## EVALUACIÓN DE NUEVOS CANDIDATOS TERAPÉUTICOS PARA EL TRATAMIENTO DE INFECCIONES ASOCIADAS A *Malassezia pachydermatis*

**Angie Sastoque<sup>1,2,3</sup>, Kevin Ehemann<sup>2</sup>, Sergio Triana<sup>2,3</sup>, Miguel Fernandez-Niño<sup>4</sup>, Andrés González<sup>4</sup>,  
Silvia Restrepo<sup>4</sup>, Adriana Celis<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia

<sup>2</sup>Grupo de Investigación Celular y Molecular de Microorganismos Patógenos (CeMoP), Universidad de los Andes  
Grupo de Diseño de Productos y Procesos, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes

<sup>4</sup>Laboratorio de Micología y Fitopatología (LAMFU), Universidad de los Andes  
**angiepao920@gmail.com**

*Malassezia pachydermatis* es una levadura lipofílica y lípido dependiente, que forma parte de la microbiota en la piel de animales domésticos y salvajes. Sin embargo, podría estar asociado con otitis en caninos e infecciones del torrente sanguíneo en humanos. Las enfermedades causadas por *M. pachydermatis* exhiben, con frecuencia, un curso clínico crónico y recurrente, y la terapia antimicótica actual basada en azoles se asocia con un aumento de la resistencia, así como con efectos secundarios significativos. Se realizaron análisis de secuenciación del genoma, reconstrucción de la red metabólica y esencialidad de genes, lo que permitió identificar quince candidatos como dianas terapéuticas entre éstas homoserina deshidrogenasa (HSD), homocitrato sintasa (HCS) y sacaropina deshidrogenasa (SDH). Estas enzimas participan en las vías de biosíntesis de L-lisina o L-treonina, que se han descrito como antibacterianos y con efecto antifúngico. Para determinar el impacto de estos aminoácidos sobre el crecimiento de *Malassezia pachydermatis*, evaluamos la inhibición de HCS y SDH por L-lisina y HSD por L-treonina con base en el control de retroalimentación, además realizamos pruebas de sensibilidad *in vitro*. Las proteínas recombinantes se expresaron en *Escherichia coli* y se purificaron para determinar la actividad enzimática a través de la detección espectrofotométrica de los cofactores correspondientes. Posteriormente, se realizaron pruebas de sensibilidad *in vitro* utilizando el método CLSI M27-A3 modificado y ensayos de difusión en agar. Las concentraciones probadas fueron ( $\mu\text{g/ml}$ ) de 1500 a 4000 usando caldo de dextrosa (SDB) Sabouraud con tween 40 y tween 60 así como ( $\text{mg/mL}$ ) 50 a 150 en agar Dixón modificado. Por lo tanto, los resultados de nuestro estudio mostraron que la L-lisina 1 mM y 75 mM fueron capaces de inhibir la actividad enzimática de HCS y SDH, respectivamente, mientras que la L-treonina 1 mM inhibió la actividad de la HSD. La lisina y la treonina demostraron ser inhibidores competitivos que afectan la formación del complejo sustrato-enzima (SE). Para L-lisina, la reducción de la turbidez se observó a 3100  $\mu\text{g/mL}$  por el método de microdilución. Además, la difusión en agar mostró un diámetro de inhibición de 13 mm utilizando 50  $\text{mg/ml}$ . Por el contrario, la L-treonina no mostró actividad inhibitoria en *M. pachydermatis* a 50  $\text{mg/ml}$  como la concentración máxima permitida para evaluar. Este estudio proporciona evidencia de que estas tres enzimas están reguladas de manera eficiente por la retroalimentación del producto final de su vía metabólica correspondiente. L-lisina es un potente inhibidor de *M. pachydermatis*, posiblemente por la saturación de las vías catabólicas causando la acumulación de L-lisina y metabolitos intermediarios que generan toxicidad e inanición de aminoácidos en la célula. L-lisina se puede considerar como un posible candidato antifúngico/fungiestático. Para L-treonina es necesario evaluar concentraciones más altas.

## EFFECTO DE MOLÉCULAS SEÑAL TIPO N-ACIL HOMOSERINA LACTONAS (AHLs) DE RIZOBACTERIAS PROVENIENTES DE CULTIVOS DE PAPA EN EL CONTROL DE *Tecia solanivora*

Luisa Fernanda Pantoja<sup>1</sup>, Javier Vanegas<sup>1</sup>,  
Universidad Antonio Nariño  
lfpantojad@unal.edu.co

*Tecia solanivora* es uno de los insectos plaga más importantes en el cultivo de papa en Centroamérica y Suramérica, causa daños en el tubérculo hasta del 20%. El control del insecto mediante rizobacterias entomopatógenas ha sido ampliamente reportado. Sin embargo, es limitado el conocimiento sobre los mecanismos de patogenicidad y su interacción con moléculas señal tipo N-acil homoserina lactonas (AHLs). El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de las moléculas AHLs sobre la actividad entomopatógena de rizobacterias contra *T. solanivora*. Para esto se aislaron rizobacterias de cultivos de papa en Boyacá. Se detectó la producción de AHLs usando los biosensores *Chromobacterium violaceum* CV026 y *Agrobacterium tumefaciens* PNTL4. Se determinó la actividad entomopatógena por bioensayos de mortalidad. Las rizobacterias entomopatógenas se caracterizaron para la producción de proteasas, quitinasas, lipasas, hemolisinas, ramnolípidos, sideróforos, ácido cianhídrico, movilidad, fenazina, 2,4 diacetilfloroglucinol y rizoxina. Se evaluó el efecto de AHLs sintéticas sobre la actividad entomopatógena de *Raoultella ornithinolyca*. Nosotros aislamos 94 aislamientos, de los cuales 20 fueron positivos para la producción de AHLs y diez presentaron un porcentaje de mortalidad superior al 70% contra *T. solanivora*. Siete de esos aislamientos pertenecen al género *Serratia*, dos al género *Enterobacter* y una identificada como *Raoultella ornithinolyca*. Los factores de virulencia más frecuentes fueron las exoenzimas. Las AHLs exógenas (C4-AHL y C6-AHL) incrementaron la actividad entomopatógena de *R. terrigena* en un 41%. Se determinó que las rizobacterias productoras de AHLs tienen la capacidad de controlar a larvas de primer estadio de *T. solanivora*, presentando varios mecanismos de acción, los cuales pueden estar regulados por AHLs. Este trabajo constituye el primer informe de rizobacterias productoras de AHL con actividad entomopatógena contra *T. solanivora*.

## EXTRACCIÓN DE B-GLUCANO A PARTIR DEL RESIDUO DE LEVADURA PRODUCIDO EN LA ELABORACIÓN DE CERVEZA Y DISEÑO DE UN PRODUCTO NUTRACÉUTICO

**Stiven Guarín, Andrés Sastoque**

Departamento de Ingeniería Química de la Universidad de Los Andes.

[sf.guarin11@uniandes.edu.co](mailto:sf.guarin11@uniandes.edu.co)

¿Puede utilizarse el residuo de levadura de la producción de cerveza para la producción de  $\beta$ -glucano de uso nutracéutico? Hasta el momento se han realizado estudios de extracción ácido-base de  $\beta$ -glucano para distintas cepas de levadura *Saccharomyces cerevisiae* bajo cultivo controlado, donde se encontró un rendimiento (g de  $\beta$ -glucano neto extraído / g de  $\beta$ -glucano neto existente en la materia prima) del 69%. Dicho esto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar, analizar y proponer factores de operación para la metodología de extracción ácido-base de  $\beta$ -glucano a partir del residuo de levadura que deja la producción de cerveza con el fin de diseñar un producto nutracéutico. La extracción ácido-base de  $\beta$ -glucano constó de 4 pasos: preparación de materia prima, proceso de autólisis, hidrólisis y secado. En el proceso experimental se realizaron 3 lotes en los cuales se cambiaron algunos factores de la metodología de extracción. Del lote 1 se varió el ácido (HCl o  $\text{CH}_3\text{COOH}$ ) utilizado en la hidrólisis y se determinó el rendimiento mediante una prueba de cuantificación colorimétrica. Del lote 2 se analizó el rendimiento de diferentes tipos de secado (aire, horno, liofilización y pulverización), se hicieron pruebas para determinar la pureza del  $\beta$ -glucano extraído (FTIR y TGA) y se desarrolló un estudio del tamaño de partícula mediante un SEM. Adicionalmente, se realizó un estudio de digestión *in vitro* estática estandarizada para determinar la resistencia del  $\beta$ -glucano extraído ante los fluidos gástricos y su alteración durante la digestión. Del lote 3 se cambió el tiempo de incubación implementado en la autólisis (24, 48 y 72 horas) y se determinó el rendimiento. Del lote 1 se obtuvo que el rendimiento de las muestras hidrolizadas con HCl (26,7%) es mayor que con  $\text{CH}_3\text{COOH}$  (16,7%). Del lote 2 se encontró que el mayor rendimiento se da con el secado que se realiza al aire (50,0%) a comparación de los que se realizó con horno (40,0%), liofilización (23,3%) y pulverización (28,3%), además, se determinó mediante el análisis FTIR y TGA que el extracto encontrado pertenecía a  $\beta$ -glucano puro y sin agentes contaminantes. Por otra parte, en el análisis SEM se encontró que las muestras secadas con horno presentan el menor tamaño promedio de partícula (96  $\mu\text{m}$ ) a comparación de las secadas con aire (725  $\mu\text{m}$ ), liofilización (510  $\mu\text{m}$ ) y pulverización (105  $\mu\text{m}$ ). En el estudio de digestión *in vitro* estática estandarizada se evidenció que las muestras de  $\beta$ -glucano resisten los fluidos gástricos sin alteración alguna. Finalmente, del lote 3 se encontró que el mejor rendimiento se da con un tiempo de 72 horas (91,7%) a comparación de los de 24 horas (61,7%) y 48 horas (63,3%). En conclusión, se determinó que el ácido más favorable a utilizar en el proceso de hidrólisis es el ácido clorhídrico, el mejor tipo de secado es el que se realiza al aire y el tiempo de incubación en la autólisis debe ser de 72 horas. Sin embargo, se determinó que las partículas más pequeñas son las secadas con el horno, siendo estas las que favorecen el potenciamiento del sistema inmunológico. Por otra parte, se evidenció que las muestras de  $\beta$ -glucano extraídas no presentan agentes contaminantes. Por último, se pudo comprobar que el extracto de  $\beta$ -glucano obtenido (1,3/1,6) puede tener aplicabilidad en el mercado nutracéutico dadas sus propiedades inmunomoduladoras y su resistencia a los fluidos gástricos.



## POTENCIAL DEL ANÁLISIS ESPECTROSCÓPICO PARA LA DISCRIMINACIÓN Y CLASIFICACIÓN DE BACTERIAS

**Yerly Paola Medina-Reatiga, Amanda Lucia Chaparro-García, Ramon Ovidio García-Rico**

Facultad de Ciencias Básicas. Universidad de Pamplona, Pamplona- Norte de Santander

**yerly\_283@hotmail.com**

Usualmente, la identificación bacteriana requiere de metodologías clásicas de análisis fenotípico y de reacciones bioquímicas en diversas condiciones y medios de cultivo, que pueden requerir, en algunos casos, una confirmación posterior. Lo anterior demanda tiempo, ya que los resultados pueden tomar días o incluso semanas, además de generar un importante consumo de insumos y reactivos que impactan en los costos del laboratorio. En la última década se ha demostrado que la espectroscopia infrarroja por transformada de Fourier (FT-IR) es una poderosa técnica para el estudio de macromoléculas biológicas y se ha utilizado para la discriminación y clasificación de células microbianas, ya que en su pared celular se incluyen diversas y complejas estructuras bioquímicas que pueden diferenciarlas, por lo que sus espectros IR se convierten en huellas dactilares únicas. FTIR se caracteriza, además, por ser rápida, no destructiva y ambientalmente amigable. En este trabajo se analizaron los espectros de cuatro bacterias patógenas: *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella oxytoca*, *Salmonella enteritidis* y *Staphylococcus aureus*. Se tomaron colonias de cada cepa, se lavaron y centrifugaron. Posteriormente fueron liofilizadas para su análisis espectroscópico. Las mediciones de ATR-FTIR se realizaron en un equipo Prestige21 Shimadzu. rango de 4000-600  $\text{cm}^{-1}$ , 20 scans, resolución 4  $\text{cm}^{-1}$ . Se determinó el perfil químico para cada bacteria y posteriormente se realizó el análisis de componentes principales de los espectros infrarrojos para su discriminación. En el rango de 3500  $\text{cm}^{-1}$ - 1000  $\text{cm}^{-1}$  cada uno de los espectros analizados se encontraron características espectrales resultantes de los modos de estiramiento de grupos funcionales presentes en los componentes de la membrana celular. Dos bandas observadas en los espectros (1080  $\text{cm}^{-1}$  y 1220  $\text{cm}^{-1}$ ) permitieron diferenciar bacterias Gram-negativas de Gram-positivas, debido al estiramiento simétrico de los grupos fosfodiéster, originados a partir de compuestos de la pared celular correspondientes a las vibraciones de estiramiento de  $\text{PO}_2^{-2}$ ; los ácidos teicónicos y lipoteicoicos están presentes solo en la pared celular de las bacterias Gram-positivas proporcionando un compuesto adicional que contiene fosfato en comparación con las paredes celulares Gram-negativas por lo tanto se logra una mayor absorción. La diferenciación entre cada una de las bacterias Gram-negativas ensayadas dio lugar a variaciones de absorción en longitudes de onda como 1310  $\text{cm}^{-1}$  y 1400  $\text{cm}^{-1}$ . Además de estas dos bandas, la región entre 900-600  $\text{cm}^{-1}$  presenta una variedad de características débiles, pero extremadamente distintivas de cada una de las bacterias, las cuales difícilmente se pueden lograr asignaciones válidas. El análisis de componentes principales realizado sobre los valores obtenidos de los espectros bajo el rango 2000  $\text{cm}^{-1}$  - 600  $\text{cm}^{-1}$ , permitió clasificar adecuadamente las especies ensayadas. Adicionalmente, se generó un patrón de discriminación que posibilitó el agrupamiento de las especies según las familias taxonómicas a las que pertenecen las bacterias ensayadas. Estos resultados, aunque preliminares, nos muestran el potencial de la técnica para su aplicación en la diferenciación e identificación de bacterias.

## **FORMULACIÓN DE UN TRATAMIENTO TÓPICO BASADO EN UN NANOBIOCONJUGADO MAGNETITA-BUFORINA-II PARA EL TRATAMIENTO DE INFECCIONES CAUSADAS POR *Staphylococcus aureus* RESISTENTE A LA METICILINA (MRSA)**

**Laura Natalia Muñoz Corredor<sup>1</sup>, Jessica Giovanna Perez Pineda<sup>2</sup>, Carolina Muñoz Camargo<sup>2</sup>, Juan Carlos Cruz Jiménez<sup>2</sup>, Andrés Fernando González Barrios<sup>1</sup>,**

<sup>1</sup>Grupo de Diseño de Productos y Procesos (GDPP) Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

<sup>2</sup>Grupo de Investigación en Nanobiomateriales, Ingeniería Celular y Bioimpresión (GINIB) Departamento de Ingeniería Biomédica, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

**[laura.n.19-96@hotmail.com](mailto:laura.n.19-96@hotmail.com)**

El microorganismo *Staphylococcus aureus* es una bacteria Gram-positiva que hace parte de la microbiota común de la piel. Sin embargo, la cepa resistente a antibióticos  $\beta$ -lactámicos, como la metilina (MRSA), puede causar graves infecciones nosocomiales para las cuales aún no existe un tratamiento efectivo. Esta problemática de salud pública cobra la vida del 62% de los pacientes que contraen la infección. Con el fin de desarrollar nuevos tratamientos que permitan tratar este tipo de infecciones, se ha propuesto el uso de péptidos antimicrobianos (PAM), los cuales no solo tienen actividad antibacteriana, sino que también favorecen la regeneración de los tejidos afectados al promover fagocitosis y angiogénesis. Este proyecto busca desarrollar un tratamiento tópico cuyo principio activo es el péptido antimicrobiano Buforina II inmovilizado en nanopartículas de magnetita. Esto con el propósito de que pueda ser empleado como tratamiento potencial contra las infecciones producidas por *S. aureus*. El diseño del tratamiento tópico involucró la formulación y la evaluación de emulsiones concentradas directas (O/W) e inversas (W/O) basadas en agua, aceite mineral y varios surfactantes y espesantes. La selección de componentes se hizo atendiendo a principios aprobados para uso en cremas corporales. Para llevar a cabo la preparación de las emulsiones, la fase acuosa y la fase oleosa se prepararon por separado, se autoclavaron a 121°C y se adicionó el nanobioconjugado en la fase acuosa antes de iniciar la preparación de la emulsión. Posteriormente, la fase dispersa se incorporó en la fase continua mediante agitación mecánica seguida de la etapa de homogeneización. La preparación completa se llevó a cabo en cabina de flujo laminar para mantener condiciones suficientes de asepsia. Para verificar la actividad del péptido inmovilizado en la emulsión y la hemo y biocompatibilidad del producto final, se realizaron pruebas de actividad antibacteriana, hemólisis y citotoxicidad de acuerdo con los estándares y las normas establecidas para evaluación de dispositivos médicos. Adicionalmente, se midió el tamaño de gota de cada una de las emulsiones y se evaluó el comportamiento reológico y la estabilidad en el tiempo de las mismas. Se encontró que las emulsiones inversas presentan inestabilidad como floculación, lo cual fue atribuido a la relativamente baja estabilidad térmica de los surfactantes no-iónicos empleados en su formulación. Esto a pesar de ser ampliamente utilizados en el diseño de un sinnúmero de acarreadores de fármacos de uso comercial. Nuestros resultados demuestran que las emulsiones inversas preparadas son menos hemolíticas (inferior al 30%), su actividad antibacteriana es más alta (superior al 60%) y tienden a ser más estables en el tiempo en comparación con las directas. En cuanto a la apariencia, las emulsiones directas son más suaves y menos grasosas al tacto, aunque el tiempo de retención en la piel es menor que el de las emulsiones inversas. Finalmente, se ha comprobado que tanto las emulsiones inversas como las directas se pueden emplear como vehículos para dispersar el nanobioconjugado magnetita-Buforina-II sin causar un efecto negativo en su acción antibacteriana. En conclusión, se demostró el potencial de los tópicos desarrollados en el control de infecciones causadas por *S. aureus* y su alta biocompatibilidad. Como trabajo futuro se plantea la evaluación del tópico con MRSA así como pruebas en modelos de piel *in vitro* que simulan en forma más fidedigna las condiciones fisiológicas *in vivo*.

# EFFECTO DEL USO (GANADERIA, CAÑA DE AZÚCAR Y BOSQUE SECO TROPICAL), MANEJO (AGROECOLÓGICO VS. CONVENCIONAL) Y REGIÓN GEOGRÁFICA SOBRE LOS GENES DEL CICLO DE CARBONO Y NITRÓGENO DE LA COMUNIDAD MICROBIANA EDÁFICA EN DOS REGIONES DEL VALLE DEL CAUCA

Cindy Johanna Niño Camacho<sup>1</sup>, Ziv Arbeli<sup>1</sup>, Alejandro Caro Quintero<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Pontificia Universidad Javeriana Bogotá

<sup>2</sup>AGROSAVIA, Corporación colombiana de investigación agropecuaria

[cindy.nino@javeriana.edu.co](mailto:cindy.nino@javeriana.edu.co)

El manejo y uso del suelo modifica sus propiedades fisicoquímicas y biológicas, incluidos cambios en la composición y actividad de las comunidades microbianas. La identificación del efecto del uso y manejo del suelo sobre las funciones microbianas es un tema de interés activo. Se han realizado diversos estudios sobre las funciones de la comunidad microbiana por medio de perfiles enzimáticos y secuenciación metagenómica, entre otros. En los últimos años se introdujo la predicción funcional de genes basada en secuencias del gen 16S ARNr y sus correspondientes genomas publicados. Estos métodos de predicción permiten analizar un mayor número de muestras a mayor profundidad, pero se basan en las secuencias de genoma completo disponibles de taxones relacionados cercanos en las bases de datos actuales. Los objetivos del presente estudio fueron: 1) Comparar los datos de predicción de genes por PICRUSt con datos de secuenciación metagenómica; 2) Evaluar el efecto del uso (ganadería vs. caña de azúcar), manejo (convencional vs. agroecológico) y la región geográfica del suelo sobre la abundancia de genes implicados en el ciclo del Nitrógeno y Carbono. A partir de muestras de ADN extraídas del suelo de dos regiones del departamento de Valle del Cauca, Colombia PICRUSt predijo 12111 genes funcionales e identificó 6188 en análisis metagenómico. La correlación de Spearman entre la abundancia de genes obtenidos por PICRUSt y por secuenciación metagenómica fue relativamente baja por todos los genes, así como por genes involucrados en el ciclo de fósforo ( $R=0.31-0.5$  y  $R=0.28-0.61$ , respectivamente) mientras que en los ciclos de Nitrógeno y Carbono la correlación fue considerablemente más alta ( $R=0.67-0.79$ ,  $R=0.7-0.8$ , respectivamente). Los valores del Índice de Taxón Secuenciado Más Cercano (NSTI), variaron entre 0.25 y 0.05 en los diferentes sitios de muestreo. En el análisis de PcoA de todos los genes se observó una agrupación por uso y región. El mismo análisis de genes involucrados en el ciclo del nitrógeno se encontró una separación representativa por región y en el ciclo del carbono se observó una separación entre bosque y suelos intervenidas. Con relación al ciclo de Carbono, la abundancia de genes asociados a metanógenos fue mayor en sistemas con manejo convencional y menor en sistemas con manejo agroecológico; de los genes del metabolismo de carbohidratos fue mayor en el bosque y en todos los sistemas de El Cerrito, de genes de fijación de carbono fue mayor en Bosque y cañas y menor en silvopastoril y Pasturas, con diferencias significativas ( $p<0.05$ ). En cuanto al ciclo del Nitrógeno, la abundancia de genes involucradas en la fijación de nitrógeno fue mayor en El Cerrito y menor en Bugalagrande; de genes de reducción asimilatoria de nitratos fue mayor en bosque y manejo agroecológico y menor en manejo convencional; y de genes de nitrificación fue mayor en bosque y cañas y menor en suelos con uso de ganadería ( $p<0.05$ ). Se concluyó: 1. Las predicciones de PICRUSt son más exactas para genes involucrados en los ciclos de nitrógeno y carbono y menos exactas para todos los genes y de los genes involucrados en ciclo del fósforo, surgiendo que la exactitud de la predicción de PICRUSt varía en diferentes grupos funcionales. 2. La abundancia de genes funcionales de los sistemas evaluados está determinada por el uso del suelo y la región geográfica más que por el tipo de manejo.

## **EVALUACIÓN DE BUFORINA II INMOVILIZADA EN NANOPARTÍCULAS DE MAGNETITA PEGILADAS COMO VEHÍCULOS DE PENETRACIÓN CELULAR Y ESCAPE ENDOSOMAL**

**Jessica G. Perez<sup>1</sup>, Laura N. Muñoz<sup>2</sup>, Carolina Muñoz-Camargo<sup>1</sup>, Juan C. Cruz<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Ingeniería Biomedica, Universidad de los Andes

<sup>2</sup>Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes

**jg.perez10@uniandes.edu.co**

En la actualidad uno de los mayores retos en el área de farmacología es el desarrollo de sistemas de entrega de medicamentos a partir de moléculas terapéuticas de manera controlada y localizada sin causar daño a los tejidos o células circundantes. Adicionalmente, uno de los objetivos de estos vehículos es la de mejorar la eficiencia de entrada a las células blanco. Los sistemas utilizados actualmente son poco específicos y presentan bajas tasas de liberación debido a que no son capaces de cruzar las membranas celulares. Por esta razón, se busca mejorar los vehículos de liberación utilizando moléculas con capacidad de traslocación e inmovilizados junto con el componente activo o medicamento, como una forma de mejorar los problemas anteriormente mencionados. Una de estas moléculas translocantes Buforina II (BUF-II), el cual en estudios recientes por nuestro Grupo de investigación GINIB se ha encontrado que tiene la capacidad de atravesar la membrana de las células mamíferas. Por esta razón, BUF-II se inmovilizó en nanopartículas de magnetita preparadas por el método de coprecipitación de cloruros de hierro; para preservar la actividad translocante del nanoconjugado, se realizó un recubrimiento superficial con PEG oxidado utilizando KMnO<sub>4</sub>. BUF-II fue conjugada con ayuda de EDC y NHS en la superficie de las nanopartículas y para validar eficiencia de conjugación se realizaron pruebas de termogravimetría utilizando el TGA y espectroscópicas vía FTIR. Además de realizar análisis microscópicos con TEM y SEM y de dispersión de tamaño de partícula DLS. Al mismo tiempo se evaluó la biocompatibilidad, habilidad de traslocación y de formación de endosomas intracelulares de los nanoconjugados en células de mamífero utilizando microscopía confocal y ensayos de viabilidad celular. Los resultados de biocompatibilidad mostraron una viabilidad celular mayor al 75%, y un porcentaje de hemólisis inferior al 10%. Estos resultados demuestran el potencial depara la utilización de este nanoconjugado como un vehículo de liberación intracelular de medicamentos capaz de superar rutas de tráfico endosomal.

## HIDROGELES A BASE DE COLÁGENO PARA LA ENCAPSULACIÓN DE *Saccharomyces cerevisiae*: APLICACIONES EN REACTORES DE LECHO EMPACADO ALTAMENTE EFICIENTES PARA LA PRODUCCIÓN DE METABOLITOS DE INTERÉS

**Jorge L. Patarroyo, Luis H. Reyes, Juan C. Cruz,**

Departamento de Ingeniería Química. Universidad de los Andes

Departamento de Ingeniería Biomedica Universidad de los Andes

[jl.patarroyoa@uniandes.edu.co](mailto:jl.patarroyoa@uniandes.edu.co)

Actualmente existe un creciente interés en desarrollar nuevos productos y procesos, tales como la creación de fuentes de energía eficientes y sustentables para reemplazar el consumo de combustibles fósiles, teniendo en cuenta la disminución de las reservas y su alto impacto ambiental. El bioetanol ha sido atractivo debido a su amplia gama de aplicabilidad y la menor huella de CO<sub>2</sub> en comparación con la combustión de hidrocarburos tradicionales. Un inconveniente con este producto está relacionado con los bajos rendimientos de producción, atribuido a la disminución de los niveles de viabilidad celular a lo largo del proceso. Una alternativa para superar este problema es la encapsulación de células de levadura en matrices poliméricas basadas en agar, alginato, o poliacrilamida con el fin de garantizar mayor tasa de sobrevivencia mientras se remueve el bioetanol producido. Los geles se prepararon con distintas concentraciones de colágeno y el entrecruzante químico: glutaraldehído bajo condiciones controladas de temperatura y agitación, usando un diseño experimental con 2 factores y 3 niveles cada uno (3<sup>2</sup>). Posteriormente se realizó un nuevo diseño (2<sup>2</sup>) con los geles que favorecieron dicho procedimiento. En esto último, se tuvieron en cuenta como factores la concentración de entrecruzante y la proporción de células encapsuladas respecto al material total. Las micrografías de SEM permitieron estimar el tamaño promedio de poro, del cual se pudo confirmar que el aumento de la concentración de glutaraldehído conduce a una disminución en el tamaño medio de los poros del gel. Los geles seleccionados para continuar con la inmovilización celular fueron aquellos con valores promedio de tamaño de poro en el rango entre 3 y 8 μm. Análisis espectroscópicos permitieron identificar los grupos funcionales presentes en los hidrogel, rastreando NH<sub>2</sub>, NH, CH<sub>2</sub>, CH<sub>3</sub>, H<sub>2</sub>O, y CN, en bandas en el rango de 800 a 2.500 nm (infrarrojo cercano) y 4000 a 600 cm<sup>-1</sup> para el infrarrojo. La prueba de Bloom en los geles indicó que un aumento en el agente entrecruzante condujo a materiales más estables y elásticos; pero tal aumento en la rigidez incrementó la tendencia a la fractura en presencia de deformación plástica. El análisis reológico, evidenció que todos los hidrogel evaluados se comportan como sólidos en un amplio rango de frecuencias. Los resultados termogravimétricos sugieren un aumento de la resistencia térmica para geles con niveles de entrecruzamiento mayores. Las pruebas de hinchamiento en medio acuoso mostraron mayor permeabilidad en geles con grados de entrecruzamiento más bajo. Además, se observó una estabilidad estructural superior medio neutro (alrededor de seis días) para geles con colágeno del 7.5%(p/v). La encapsulación de *S. cerevisiae* procedió en hidrogel con un 7.5%(p/v) de colágeno y entrecruzante al 3.0% y al 5.0%(p/p). Para evaluar la viabilidad, las células dentro de la matriz teñidas con yoduro de propidio y se observaron bajo microscopios ópticos y confocal de barrido láser para determinar la relación de supervivencia, que estuvo alrededor del 73%. La aproximación presentada proporciona una ruta adecuada para la preparación de hidrogel de colágeno químicamente entrecruzados con aplicaciones en la encapsulación de levadura. Los encapsulados obtenidos son potencialmente útiles para soportar los biorreactores de lecho empacado productores de bioetanol. Esto es fundamental para asegurar la producción sostenible de biocombustibles a partir de fuentes naturales.

## DISEÑO Y EVALUACIÓN DE UN PROTOTIPO DE FORMULACIÓN A PARTIR DE UN AISLAMIENTO NATIVO DE *Bacillus velezensis* PARA EL CONTROL DE *Botrytis cinerea* EN ROSAS

Kelly Patricia Piraquive<sup>1</sup>, Helber de Jesús Barbosa<sup>2</sup>, Daniel Uribe-Vélez<sup>1</sup>

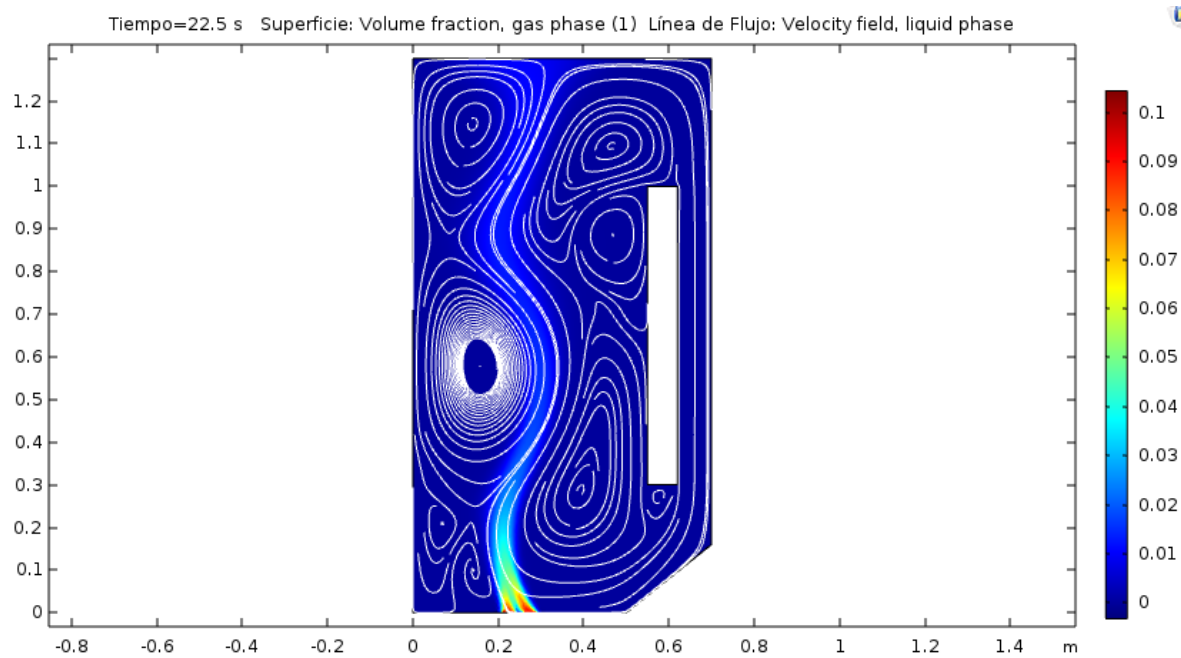
<sup>1</sup>Grupo de Microbiología Agrícola, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia

<sup>2</sup>Departamento de Farmacia, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia  
kppiraquiver@unal.edu.co

*Botrytis cinerea* es uno de los agentes fitopatógenos más importantes en producción de rosas de corte tipo exportación. El manejo de la enfermedad en campo, está basado en aplicación de productos de síntesis química (Fillinger & Walker, 2016). No obstante, durante las últimas décadas la restricción en aplicación de fungicidas ha sido necesaria para reducir el impacto en el ambiente, siendo inaplazable optimizar las estrategias de protección (Fenner *et al.*, 2013). Entre los microorganismos biocontroladores se han explorado alternativas de bioformulados con levaduras y bacterias. Sin embargo, se estableció que el efecto residual de ciertos componentes presentes en las formulaciones propuestas con levaduras producían inconvenientes de tipo estético, indeseables en el aspecto final de la flor. Lo anterior condujo a considerar *Bacillus* sp. como candidatos potenciales para el desarrollo de un producto con actividad de control sobre *Botrytis*. En este contexto, doce cepas de *Bacillus* evaluadas previamente (Gantiva & Uribe, 2014) fueron utilizadas en este estudio, con el fin de seleccionar una cepa para ser incluida dentro de un prototipo de formulación líquida para control de *B. cinerea* en rosas de corte. Se realizaron pruebas de actividad antagonista *in vitro* de 12 cepas de *Bacillus* sp contra 10 aislamientos de *B. cinerea* procedentes de diferentes fincas floricultoras de la Sabana de Bogotá. Con base en estas pruebas se seleccionaron cinco cepas de *Bacillus* como potenciales biocontroladoras y un solo aislamiento de *B. cinerea* para las pruebas *in vivo*. En estas pruebas se estableció incidencia y severidad de la enfermedad sobre pétalos infectados con *Botrytis* con la metodología del preinóculo: primero aplicación del *Bacillus* (esporas más sobrenadante) y luego el hongo. La cepa que durante pruebas sucesivas mostro los valores más bajos de incidencia y severidad fue seleccionada para la elaboración del prototipo. Posteriormente, se realizaron pruebas de viabilidad celular de la cepa seleccionada con diferentes compuestos (polímeros, preservantes, agente suspensor, tensioactivo) para el diseño del prototipo de formulación líquida. Con base en los resultados de viabilidad celular, se definieron 5 prototipos que fueron utilizados para pruebas de viabilidad (mediante conteo en placa) y actividad en pétalo y flor completa (concibiendo un modo de acción preventivo). Teniendo en cuenta los resultados de antagonismo y pruebas *in vivo* con varias repeticiones en el tiempo, se seleccionó la cepa IM2C6 (*Bacillus velezensis*) para el desarrollo del prototipo de formulación. Los polímeros utilizados para los prototipos (PEG y PVP) no afectaron la viabilidad celular de la cepa IM2C6, obteniéndose viabilidades celulares con rangos de  $5 \times 10^8$  a  $9 \times 10^8$  UFC mL<sup>-1</sup> 120 días después de formulación. El porcentaje de eficacia en control de la enfermedad fue significativamente más alto (superior al 70%) (Tukey, 95%), en los prototipos almacenados a 4°C, siendo el prototipo formulado con PVP (prototipo 4), junto al prototipo sin adición de excipientes (prototipo 5), los que presentaron los mejores valores en cuanto a índice de severidad (0,6 y 0,3 respectivamente). Los diferentes excipientes y/o aditivos utilizados (polímeros -como PVP y PEG-, preservantes y tensioactivos), no afectaron la viabilidad celular de la cepa IM2C6 en los prototipos desarrollados. Los resultados aquí obtenidos, permiten proponer a los prototipos de formulación líquidas de *Bacillus* 4 y 5, cuyo principio activo es la cepa IM2C6 identificada como *B. velezensis* como una alternativa de control de *B. cinerea* en rosas de corte.



exploraremos dos configuraciones diferentes de flujo de gas. En el primer caso, consideramos inyectar el gas directamente en el reactor, mientras que en el segundo, el gas se pre-inyectará en una corriente de líquido que va al reactor. Para el montaje, el sistema se dividió en tres componentes principales. La primera es la base donde se inyectará el flujo de gas requerido o el líquido. El segundo es el cuerpo del Milibioreactor, que tiene un bucle externo y una salida en caso de que el reactor se inyecte con líquido. En el caso de que se inyecte gas, la salida requeriría un tapón. La última sección es la tapa, que está equipada con una salida para el gas en la sección superior. Para comprender la transferencia de impulso dentro del Milibioreactor, realizamos simulaciones de CFD en Comsol Multiphysics®. Implementamos un dominio computacional 2D como se muestra en la Figura 2. La malla fue tal que la convergencia se logró con un máximo de 2% de cambio para la velocidad del fluido en ubicaciones seleccionadas al azar dentro del dominio computacional.





## LA INOCULACIÓN DE BACTERIAS SOLUBILIZADORAS DE FOSFATO MEJORA EL DESARROLLO DEL RYEGRASS Y TRÉBOL ROJO BAJO LA PRIVACIÓN DE P

**Marilyn Tatiana Santos-Torres<sup>1</sup>, Germán Estrada Bonilla<sup>2</sup>, Angélica Yulieth Zocadasi, Edwin Castro<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Programa de Microbiología, Universidad Nacional, Bogotá, Colombia

<sup>2</sup>Corporación Colombiana de investigación agropecuaria-Agrosavia, Mosquera, Cundinamarca Colombia.

<sup>3</sup>Corporación Colombiana de investigación agropecuaria-Agrosavia, Obonuco, Nariño, Colombia.

**msantost@unal.edu.co**

Comúnmente, en el trópico alto de Nariño, la asociación ryegrass (*Lolium sp varus One50*) y el trébol rojo (*Trifolium pratense*) se utilizan en los pastizales. Este modelo de producción se utiliza por su alto valor nutricional, adaptación ambiental y el aporte de nitrógeno al suelo. El suelo de esta región tiene una alta capacidad para absorber el fósforo (P), lo que limita la eficiencia de los fertilizantes con P. Las bacterias solubilizadoras de fosfato (BSF) juegan un papel fundamental en la movilización de P en el suelo, mejorando la disponibilidad de P en el suelo para las plantas. El objetivo de este estudio consistió en seleccionar BSF aplicado a las plantas de ryegrass y trébol rojo con una baja disponibilidad de P. Diez BSF se inocularon en plántulas de ryegrass y trébol rojo en condiciones de invernadero. En el experimento se usó RF como la única fuente de P. Después de 70 y 80 días de desarrollo, cuantificamos la biomasa de brotes secos en ryegrass y trébol rojo respectivamente. En las cepas seleccionadas, evaluamos la capacidad de solubilización de P, fosfatasa ácida y alcalina, el pH y la población en el caldo NBRIP con fosfato tricálcico y fosfato de roca (RF) como fuente de P. Además, cuantificamos la capacidad de las cepas para mineralizar fitato y producir sideróforos. Las cepas *Herbaspirillum sp* AP21 aumentó la biomasa seca foliar en 20.31% en ryegrass y *Rhizobium sp* T88 incrementó la biomasa seca foliar en 44.8% en el trébol rojo en comparación con el control sin inoculación. La mayor solubilización de P (concentración de  $PO_4^-$ ) se observó cuando se inoculó *Herbaspirillum sp*. AP21 utilizando fosfato tricálcico ( $3,67 \text{ mg P L}^{-1}$ ). Sin embargo, la cepa AP21 solubilizó P ( $0,05 \text{ mg P soluble. L}^{-1}$ ) cuando el medio contenía RF, mostrando una actividad fosfatasa alcalina más alta que la fosfatasa ácida. La cepa AP21 mostró una eficiencia del 125% de la mineralización de fitato y produjo sideróforos. Entre tanto, *Rhizobium sp* T88, produjo una solubilización de P de  $2,43 \text{ mg P L}^{-1}$  en presencia de fosfato tricálcico y en menor concentración ( $0,024 \text{ mg P L}^{-1}$ ) con RF. La actividad fosfatasa ácida y alcalina fue similar con ambas fuentes de P. T88 no mineralizó fitato y no produjo sideróforos. Estos resultados muestran el potencial de BSF seleccionado para solubilizar la RF y promover el crecimiento de las plantas cuando hay poca disponibilidad de P en el suelo. Por lo tanto, la inoculación de BSF puede ser una alternativa para optimizar la fertilización con P en el sistema de pastizales sostenible del alto trópico de Nariño.

**CARACTERÍSTICAS GENÓMICAS Y GENÓMICA COMPARATIVA DE LA CEPA  
BIOCONTROLADORA DE *Bacillus* IBUN 2755 CON EL GRUPO *Bacillus amyloliquefaciens*/*B.*  
*velezensis*.**

**Luz Adriana Pedraza Herrera, Emiliano Barreto Hernández, Daniel Uribe Vélez**  
Facultad de Agronomía, 2Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá  
**lapedrazah@unal.edu.co**

La cepa promotora de crecimiento vegetal de *Bacillus* IBUN 2755 tiene actividad biocontroladora contra *Burkholderia glumae* en plantas de arroz. El genoma y la comparación genómica con miembros del grupo *B. amyloliquefaciens*/*B. velezensis* podría permitir el conocimiento de varias características de la cepa y su relación con este clado. El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis comparativo del genoma de la cepa IBUN 2755 con cepas del clado de *B. amyloliquefaciens*/*B. velezensis* con el fin de determinar genes distintivos de las cepas asociadas a la promoción de crecimiento vegetal, especialmente aquellos asociados a mecanismos de control biológico. Para esto, el genoma de la cepa IBUN 2755 fue secuenciado, ensamblado y anotado. 43 genomas de las especies *B. amyloliquefaciens* y *B. velezensis* reportados previamente en bases de datos, aislamientos de uso industrial o promotores de crecimiento vegetal, fueron usados para el análisis comparativo del genoma. Se determinó el filo genoma del grupo de cepas usando el software ROARY. A partir de la comparación entre las 43 cepas, se determinó la diferencia entre genes para los grupos obtenidos y se agruparon las proteínas en grupos ortólogos a través del software PANTHER y la base de datos DAVID. Adicionalmente, se construyeron alineamientos de los genes *gyrB*, *rpoB* y *16s* en multilocus para determinar si estos marcadores moleculares pueden arrojar resultados filogenéticos similares al genoma completo. El genoma de la cepa IBUN 2755 es un cromosoma circular de tamaño de 4027039 pb, con 4063 secuencias codificantes y 105 genes tRNAs. De acuerdo con la anotación esta cepa tiene un mayor número de genes asociados a los subsistemas aminoácidos y derivados (441) y carbohidratos (420), así mismo se logró predecir que 7,2% del genoma (298201 pb) está dedicado a la producción de compuestos antimicrobianos. La comparación del genoma entre las 43 cepas permitió ubicar la cepa IBUN 2755 en el grupo de *B. velezensis* los cuales son cepas promotoras de crecimiento vegetal especialmente por su capacidad biocontroladora. El filogenoma a partir del *core* genoma e incluso de genes accesorios, tienden a separar cepas de *B. amyloliquefaciens* y *B. velezensis* en *clados* que agrupan cepas asociadas a las plantas que incluye la cepa tipo de *B. velezensis* FZB42 y las separa de cepas vinculadas con aplicaciones industriales como la cepa *B. amyloliquefaciens* DSM7. Algunas excepciones a esta tendencia fueron identificadas, indicando que hay un grupo de genes particularmente asociados a la producción de compuestos antimicrobianos que podría ser compartido por miembros de ambos *clados* otorgándoles características como controladores biológicos con usos en la industria alimenticia y en la agricultura para el control de microorganismos. Además, de una gran cantidad de genes hipotéticos o desconocidos lo que sugiere que aún falta más por estudiar el genoma de estas cepas. También, se encontró que los genes *gyrB* y *ropB* de manera individual o juntos permiten obtener una separación de los grupos de cepas similar a lo mostrado por el genoma completo. La comparación genómica con 43 cepas del grupo *B. velezensis*/*B. amyloliquefaciens* permitió separar grupos de cepas asociados o benéficos de plantas de cepas industriales, donde la cepa IBUN 2755 mostro ser un *B. velezensis* asociado a plantas. En el mismo sentido, los marcadores *rpoB* y *gyr B* permiten obtener una filogenia similar a lo obtenido con el genoma completo

## MODIFICACIONES DE CASCARILLA DE ARROZ POR LA ACTIVIDAD ENZIMÁTICA DE *Pleurotus ostreatus* EN CULTIVO SUMERGIDO

**Dinary Durán-Sequeda, Liyeira Anaya-Amaya, Nancy Sofía Ortiz-Arévalo y Rocio Sierra-Ramírez**  
Grupo de Diseño de Productos y Procesos (GDPP), Departamento de Ingeniería Química, Universidad de los Andes,  
sede Bogotá Colombia  
[de.duran@uniandes.edu.co](mailto:de.duran@uniandes.edu.co)

El hongo de podredumbre blanca *Pleurotus ostreatus* crece naturalmente sobre árboles muertos y se ha convertido en uno de los basidiomicetes más estudiados por su potencial biotecnológico para el pretratamiento de residuos lignocelulósicos. El análisis proteómico del secretoma de este hongo en tres medios de cultivos, dos medios lignocelulósicos y uno sintético basado en glucosa, mostró que las oxidorreductasa son el grupo de enzimas más abundantes y además que en los medios lignocelulósicos la lacasa 10 fue la proteína más abundante, sugiriendo que esta enzima juega un papel importante en la degradación de este tipo de sustratos. En este estudio, para determinar cuál es la composición del medio de cultivo que incrementa la actividad lacasa y cómo el incremento de este tipo de actividad influye en la degradación de un residuo lignocelulósico agrícola como la cascarilla de arroz, se evaluó el efecto de las proporciones de tres factores composicionales de los medios de cultivo para el crecimiento y producción de lacasas por *P. ostreatus* en cultivo sumergido; en presencia y ausencia de sulfato de cobre, un inductor de lacasas. Los factores evaluados correspondieron a la concentración de glucosa, extracto de levadura y cascarilla de arroz, en presencia o ausencia de sulfato de cobre 1mM. Para lo cual 13 combinaciones de medios de cultivos en los que se cambiaron las concentraciones de estos factores según un diseño de mezcla de vértices extremos, fueron evaluadas por su actividad lacasa volumétrica y la biomasa total relativa al final del cultivo durante 24 días de cultivo. Los medios de cultivo con la máxima y mínima actividad lacasa con o sin inductor, fueron seleccionados para comparar el porcentaje de deslignificación de la cascarilla de arroz usando el protocolo NREL/TP510-42618, y para determinar las modificaciones químicas a través de los espectros de infrarrojos obtenidos por análisis espectroscopia de transmisión de infrarrojo con transformada de Fourier (FTIR). Al final del cultivo, la actividad lacasa máxima volumétrica estuvo entre 157 y 2913 para la mezclas de los medios en los que no se adicionó sulfato de cobre. Como se esperada la actividad lacasa máxima fue obtenida en un medio en presencia de sulfato de cobre a 1mM correspondiente a 13944 U/L, un orden de magnitud mayor a la obtenida en medios sin este inductor. Sin embargo, el análisis de varianza del diseño usado, mostró que la actividad enzimática máxima en presencia del inductor fue además, significativamente afectada por la proporción de glucosa y cascarilla de arroz en la mezcla con un nivel de confianza del 95% (F test,  $p < 0.05$ ). Sorprendentemente, al comparar la máxima actividad lacasa y la biomasa total relativa obtenida en cada medio de cultivo, los resultados mostraron que una mayor pérdida de biomasa ocurrió en los medios de menor actividad lacasa. Cuando se comparó el porcentaje de deslignificación entre los medios de cultivo seleccionados, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas ( $p < 0.05$ ), pero curiosamente los medios en los que hubo menor actividad lacasa mostraron modificaciones en los espectros de infrarrojo obtenidos por análisis de FTIR en la banda 1735 relacionada con el estiramiento del grupo funcional C=O en cetonas no conjugadas del xilano, estas modificaciones fueron similares a las inducidas por un tratamiento químico con ácido sulfúrico al 4%. Los resultados de esta investigación muestran una estrategia para incrementar la actividad lacasa por *P. ostreatus* en cultivo sumergido usando un sustrato lignocelulósico. Además, sugieren que no existe una relación directa entre los valores de actividad lacasa en el medio de cultivo y el porcentaje de deslignificación de la cascarilla de arroz; sin embargo muestran que la regulación de estas enzimas por la composición del medio de cultivo, podría jugar un papel en la modulación de otras enzimas modificadoras de la lignocelulosa, como las xilanasas.

## UNA APROXIMACIÓN GENÓMICA APLICADA A LA BIOPROSPECCIÓN DE LIPASAS SINTETIZADAS POR BACTERIAS DE ORIGEN MARINO Y AMBIENTES EXTREMOS

**Natalia Beatriz Comba González<sup>1</sup>, Sandra Baena Garzón<sup>2</sup>, Dolly Montoya Castaño<sup>3</sup>, Diego Javier Jiménez Avella<sup>4</sup>, José Salvador Montaña Lara<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Unidad de Investigaciones Agropecuarias (UNIDIA). Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana.

<sup>2</sup>Unidad de Saneamiento y Biotecnología Ambiental (USBA). Departamento de Biología, Pontificia Universidad Javeriana.

<sup>3</sup>Grupo de Bioprocesos y Bioprospección. Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia. 4. Grupo MicroBio, Universidad de los Andes.

**natalia.comba@gmail.com**

La exploración de la diversidad microbiana en ecosistemas cuyas condiciones físico-químicas incentivan la búsqueda de nuevos productos biológicos, tales como enzimas y compuestos bioactivos, ha incrementado progresivamente. Investigaciones recientes han demostrado que las bacterias de origen marino, así como aquellas provenientes de ambientes extremos, son una fuente importante de enzimas y compuestos novedosos que pueden ser empleados en procesos industriales. En ecosistemas marinos, factores como la salinidad y la temperatura, además de la disponibilidad de nutrientes, promueven el establecimiento de bacterias sobre la superficie de hospederos vivos, tales como las macroalgas. En el caso de ambientes extremos, como los glaciares, las bacterias que allí se establecen, soportan bajas temperaturas, condiciones de oligotrofia y alta radiación. Para sobrevivir en estas condiciones, las bacterias han desarrollado estrategias tales como, la síntesis de lipasas, activas a bajas y altas temperaturas, pH alcalino o elevada radiación. Estas propiedades, sumadas a la versatilidad, estereo o enantioselectividad y actividad bajo diversas condiciones físico-químicas, convierten a las lipasas, en blanco de estudio para aplicaciones en la industria alimenticia, farmacéutica, cosmética, de detergentes y de textiles entre otras. El aislamiento y cultivo de bacterias con potencial en la producción de enzimas, facilita el acceso a su información genómica, así como el estudio de sus fenotipos en el laboratorio. Sumado a esto, el uso de herramientas computacionales, ha permitido que muchas de las funciones enzimáticas en un microorganismo, puedan describirse desde su genoma. En este estudio, se llevó a cabo un análisis comparativo de los genomas de dos bacterias productoras de lipasas, *Bacillus xiamenensis* aislada de la superficie de *Ulva lactuca*, una macroalga marina y *Stenotrophomonas rhizophila*, aislada a partir de un enriquecimiento microbiano de suelo de glaciar del Parque Nacional Natural los Nevados (PNN). Las secuencias genómicas de estos aislamientos, fueron ensambladas y anotadas estructuralmente, mediante el uso de herramientas bioinformáticas (SPAdes para ensamblaje, Prodigal para anotación estructural), además de plataformas online, empleadas para la anotación funcional (RAST, WebMAG, dbCAN, Lipase Engineering database y Esther database). Un análisis comparativo entre los 8 genomas disponibles de *S. rhizophila*, evidenció similitud entre el genoma del aislamiento de *S. rhizophila* proveniente del suelo de glaciar y el de una cepa obtenida del microbioma de *Caenorhabditis elegans* (ANI: 93.81, TETRA: 0.99875), estos análisis también permitieron identificar relaciones entre genomas de *S. rhizophila* provenientes de distintos ambientes. La representación y asignación funcional de los genomas de *B. xiamenensis* y *S. rhizophila*, enfocada en la identificación de enzimas de interés biotecnológico, evidenció la presencia de secuencias codificantes para proteasas, amilasas, así como de enzimas involucradas en la síntesis, degradación y modificación de carbohidratos. En lo referente a la identificación de lipasas y esterases, los resultados muestran la presencia de lipasas pertenecientes a las familias abH01 (carboxilesterasas), abH09 (hidrolasas microsomales), abH21 (esterasas bacterianas) y abH32 (xilano esterases), además de fosfolipasas y tioesterasas, que fueron comunes en todos los genomas estudiados. En conclusión, el estudio de los genomas de *B. xiamenensis* y *S. rhizophila*,

caracterizadas por producir lipasas estables a altas temperaturas y condiciones de pH alcalino, permitió conocer su potencial en la síntesis de diversos tipos de enzimas. Los resultados obtenidos a escala genómica, evidencian la presencia de diferentes familias lipolíticas, lo que demuestra que ambas bacterias, pueden ser utilizadas como fuente de lipasas con propiedades funcionales de interés a nivel biotecnológico e industrial.

## ESTABLECIMIENTO DE UN MODELO EXPERIMENTAL PARA EL ESTUDIO DE *Haemoproteus columbae* (HAEMOSPORIDIA: HAEMOPROTEIDAE)

**Ingrid A. Lotta<sup>1</sup>, Axl Cepeda<sup>1</sup>, David Pinto<sup>1</sup>, Jorge Apache<sup>1</sup>, Jhon Macías<sup>2</sup>, Nubia E. Matta<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biología, Grupo de Investigación Caracterización Genética e Inmunología, Sede Bogotá-Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

<sup>2</sup>Programa Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Bogotá, Colombia.

**ialotta@unal.edu.co**

Durante cerca de 100 años el estudio de la malaria aviar ha tomado gran importancia en la lucha contra la malaria humana, pues ha provisto modelos que han permitido caracterizar el ciclo de vida de estos parásitos, los patrones de especiación, coevolución y evolución de la virulencia; así como han contribuido en el desarrollo de medicamentos anti-malaricos. No obstante lo anterior, en la actualidad existen pocos modelos establecidos para el estudio de la malaria aviar y Haemosporidios relacionados, dada la dificultad para la cría en cautiverio de los vectores de estas infecciones, así como la ausencia de hospederos vertebrados adecuados. El presente estudio tuvo como objetivo la estandarización de un modelo experimental que involucra a la paloma doméstica (*Columba livia*), sus moscas ectoparásitas *Pseudolinchya canariensis*, y el parásito *Haemoproteus columbae*, linaje HAECOL1. Para tal efecto, se estableció una colonia experimental *P. canariensis*; a partir de la cual se obtuvieron individuos que fueron expuestos al parásito. Para corroborar el éxito de la infección experimental se realizaron disecciones y preparación de montajes microscópicos, en los que se corroboró la presencia de diferentes estadios del parásito en desarrollo al interior de los insectos. La siguiente fase del estudio consistió en realizar el ensayo de transmisión del parásito a un nuevo hospedero vertebrado, para el que se usaron moscas criadas en la colonia establecida en el laboratorio para infectar palomas vírgenes. De este modo, posteriormente se llevó a cabo el diagnóstico microscópico de la infección en la sangre de las palomas expuestas corroborando así el éxito de la transmisión del parásito. El establecimiento del modelo experimental aquí descrito permite a futuro avanzar en la caracterización del ciclo de vida de estos parásitos, realizar estudios sobre fisiología, y el impacto de la infección en la salud del hospedero, lo que resulta útil a la medicina de la conservación. Adicionalmente, este es un modelo de bajo costo que puede ser empleado para estudios de caracterización genética e inmunológica en el sistema parasito-hospedero-vector, lo que le confiere una importancia práctica en la investigación de la malaria humana.

## **EFFECTO DE LAS CONDICIONES DE CULTIVO SOBRE LA PRODUCCIÓN DEL PRINCIPIO ACTIVO DE *Bacillus velezensis* (IBUN 2755) Y SU ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA CONTRA PATÓGENOS DE ARROZ**

**Zuluaga L. Karen<sup>1,2</sup>, Pedraza H. Luz<sup>1</sup>, Uribe-Vélez. Daniel<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia, <sup>2</sup>Departamento de Biología Universidad el Bosque

Se ha demostrado que la cepa IBUN 2755 de *Bacillus velezensis* es un agente de control biológico y tienen actividad contra diferentes patógenos como *Rhizoctonia solani* en papa criolla y *Burkholderia glumae* en plantas de arroz. El control biológico es una de las metodologías ampliamente usadas para el manejo integrado de plagas, se utilizan organismos vivos o sus derivados como una opción diferente al uso de plaguicidas. En Colombia el arroz presenta problemas fitosanitarios por una amplia variedad de microorganismos fitopatógenos, por lo tanto, se han considerado estrategias para el aumento de enemigos naturales dentro de los organismos benéficos edáficos como lo son los pertenecientes al género *Bacillus*. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto del medio de cultivo sobre la producción del principio activo de un aislamiento de *Bacillus velezensis* (IBUN 2755) y su actividad antimicrobiana contra patógenos de arroz. Por lo tanto, se planteó como pregunta de investigación; ¿Cambios en las condiciones de cultivo de la cepa de *B. velezensis* IBUN 2755 pueden afectar la actividad antimicrobiana asociada a los metabolitos secundarios contra agentes fitopatógenos del arroz y su producción en biomasa vegetativa y esporas? Se realizaron curvas de crecimiento en dos medios de cultivo seleccionados con la cepa IBUN2755 (la cual esta bajo el contrato de acceso a recursos genéticos 160 del 7 de diciembre de 2017); el medio MOLP por sus siglas en inglés (Medium optimal for lipopeptide production) y el Medio de Esporulación (MES), para determinar el comportamiento de la cepa, en términos de producción de biomasa y actividad antimicrobiana de sobrenadantes. Además, se evaluaron factores como la concentración del inóculo inicial y volumen efectivo de los dos medios contrastantes teniendo en cuenta también la actividad antimicrobiana de sobrenadantes. Y se realizó una variación del medio de cultivo MES con el fin de aumentar la relación C: N tratando de acercarse a la actividad biocontroladora mostrada por el medio MOLP manteniendo los atributos de esporulación del medio MES. Como resultados se obtuvo que ambos medios inician el proceso de esporulación después de las 72 horas, siendo MES el medio que produce mayor cantidad de esporas al final de la fermentación, en cuanto a la actividad antagonista MOLP presenta actividad contra los tres fitopatógenos evaluados y MES solamente contra uno de ellos. Además, las variaciones de concentración del inóculo y volumen efectivo en ambos medios muestran que estas variables tienen un efecto sobre la producción de esporas de la cepa IBUN 2755 y su actividad contra los fitopatógenos. Finalmente, para el medio modificado se muestran diferencias estadísticas siendo más eficiente en la producción de biomasa y actividad antimicrobiana que MES. Los resultados de este estudio permitieron concluir que al realizar variaciones en ambos medios estos generan un efecto positivo tanto en la producción de biomasa como en la producción de sustancias antimicrobianas contra los tres fitopatógenos evaluados.

# COMPARACIÓN DE PERFILES DE ELEMENTOS GENÉTICOS PLASMÍDICOS DE AISLAMIENTOS CLÍNICOS DE *Acinetobacter baumannii* PROVENIENTES DEL INSTITUTO NACIONAL DE SALUD EN EL PERIODO 2012 - 2015, MEDIANTE SECUENCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO

**María Camila Pérez Lugo**  
Universidad Nacional de Colombia  
[macperezlu@unal.edu.co](mailto:macperezlu@unal.edu.co)

*Acinetobacter baumannii* (*A. baumannii*) es un microorganismo capaz de sobrevivir en diferentes superficies inanimadas a nivel intra-hospitalario como camas, mesas y bombas de infusión, favoreciendo la colonización de pacientes inmunocomprometidos, o personal de salud que tenga contacto con estas. Para *A. baumannii* se han reportado genes de resistencia localizados en plásmidos para familias de antibióticos como sulfonamida (*sul2*), estreptomina (*strA-B*), tetraciclina (*tet39*) y  $\beta$ -lactámicos como carbapenémicos (*blaOXA-237*, *NDM*). En este estudio, se utilizó una metodología para la selección y agrupación de secuencias asociadas a plásmidos producto de secuenciación de genoma completo (WGS, por sus siglas en inglés Whole Genome Sequencing), de 82 aislamientos colombianos de *A. baumannii*.

## Materiales y métodos:

1. Origen de los aislamientos.
2. Evaluación microbiológica de los aislamientos.
3. Selección y almacenamiento de los aislamientos.
4. Identificación de *A. baumannii*.
5. Evaluación de la amplificación de la PCR.
6. Purificación del producto de PCR.
7. Secuenciación del gen *rpoB*.
8. Extracción de ADN plasmídico.
9. Electroforesis ADN plasmídico.
10. Extracción de ADN genómico.
11. Cuantificación de ADN.
12. Secuenciación de ADN genómico.
13. Caracterización de los aislamientos.
14. Ensamblaje y anotación de plásmidos.
15. Validación de flujo.

La extracción de ADN plasmídico se realizó en 18 aislamientos de *A. baumannii*. Al comparar la tendencia de bandeo de algunos aislamientos, se puede ver un patrón de las mismas sugiriendo la posibilidad de establecer una clonalidad o similitud. Sin embargo, no es posible asegurar que cada una de las bandas corresponde a un plásmido independiente, ya que se debe considerar la posibilidad de que correspondan a un mismo plásmido en diferentes estados conformacionales. Al tipificar los 82 aislamientos, el ST predominante fue el ST 79 con 53 casos (64,6 %), seguido por el ST 25 con 15 casos (18,3 %). El ST 945 tuvo 3 (3,7 %) reportes. Para el ST 15, 78 y 374 se presentaron 2 (2,4 %) casos para cada uno. Los ST 10, 158, 239, 338, 886 y 944, contaron con 1 (1,2 %) aislamiento cada uno. Las 82 muestras de ensayo fueron sometidas a la herramienta de selección de contigs plasmídicos desarrollada para tal fin. Como producto de este proceso, se obtienen archivos de anotación de 73 aislamientos, ya que 9 de estos no presentaron evidencia de contener secuencias asociadas a plásmidos. En términos generales, se evidencia una



amplia variedad de secuencias plasmídicas a lo largo del estudio, sin embargo, en algunos casos se puede ver la presencia de agrupaciones entre ellas. En el árbol de comparación se observan pequeñas agrupaciones de secuencias de acuerdo a su clasificación por ST, para los ST 79 y 25. A través de la herramienta desarrollada se puede tener la certeza de la presencia de secuencias plasmídicas, en este sentido, es evidente la presencia de plásmidos en los aislamientos clínicos de *A. baumannii*, a excepción de 9 aislamientos a los cuales no les identificaron secuencias plasmídicas. La presente propuesta de selección de contigs plasmídicos no garantiza la selección de la totalidad de los mismos, sin embargo, al estar diseñada por la combinación de diversas alternativas, si representa una aproximación en la obtención de secuencias plasmídicas. De los 82 aislamientos de *A. baumannii* evaluados, 73 contienen plásmidos, lo que corresponde a la viabilidad de este microorganismo de poseer estos elementos genéticos, reportada ampliamente en literatura.

**PRESENTACIÓN DE PÓSTER  
DE GRUPO BOGOTÁ  
MICROBIAL MEETING 2019**

## **GRUPO FISIOLÓGIA DE HONGOS DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA - (FDHUN)**

**Paula Nicole Ortega Medina<sup>1</sup>, Yih Wen Fung<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Estudiante de Biología, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia - Sede Bogotá. (e-mail: [altrujillolo@unal.edu.co](mailto:altrujillolo@unal.edu.co))

<sup>2</sup>Docente, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia - Sede Bogotá. (e-mail: [wfungy@unal.edu.co](mailto:wfungy@unal.edu.co))

El Grupo de Fisiología de Hongos de la Universidad Nacional de Colombia (FDHUN) se encuentra adscrito al grupo de investigación Fisiología del estrés y Biodiversidad en plantas y microorganismos del departamento de Biología de la Universidad Nacional de Colombia, creado en el año 2016 y bajo la dirección por la Profesora Yih Wen Fung, adscrita a la Facultad de Ciencias. El grupo de investigación responde a la necesidad de profundizar en la caracterización de los hongos nativos y sus potenciales aplicaciones, especializándose en el campo de la fisiología de macromicetos y fomentando un espacio académico para la formación de un conocimiento crítico que conlleve a la generación de un espíritu investigativo y científico en beneficio de la agricultura, medio ambiente y con miras al uso sustentable, la conservación y la perpetuación de la biodiversidad micológica.

El grupo de Fisiología de hongos está integrado por docentes, estudiantes de pregrado y posgrado, investigadores y expertos altamente calificados en el campo de los hongos; y en alianza con varios grupos de investigación nacionales e internacionales se desarrollan proyectos interdisciplinarios de innovación y desarrollo con fines de bioprospección en los campos de la industrial y medio ambiente.

Entre las áreas de investigación del grupo de Fisiología de Hongos se destacan:

- Biodiversidad y ecología de macromicetos
- Fisiología de hongos y producción de setas comestibles y medicinales
- Actividad biológica de principios fúngicos
- Micorremediación
- Biomateriales

## GRUPO DE CIENCIAS PLANETARIAS Y ASTROBIOLOGÍA

**Tovar, D.<sup>1,2</sup>; Leal, M.<sup>1,3</sup>; Saavedra, F.<sup>1,4</sup>; Sánchez, J.<sup>1,5</sup>; Ochoa, L.<sup>1,6</sup>.**

1 Codirector (a) Grupo de Ciencias Planetarias y Astrobiología GCPA. Universidad Nacional de Colombia.

2 Docente facultad de educación. Universidad de La Sabana.

3 Docente facultad de ingeniería. Universidad de La Sabana.

4 Estudiante doctorado en Geología. Universidad Nacional de Colombia.

5 Profesora asociada, dedicación exclusiva. Departamento de Biología. Universidad Nacional de Colombia.

6 Profesor asociado, dedicación exclusiva. Departamento de Geociencias. Universidad Nacional de Colombia

El grupo de Ciencias Planetarias y Astrobiología GCPA es un grupo de investigación reconocido por el sistema de Investigación Hermes, así como por Colciencias y clasificado en categoría C. Dentro de las estrategias del grupo desde su creación en el año 2013 (Como consta en el anexo de Colciencias) se plantearon tres líneas de acción: La investigación, la divulgación y la educación. Líneas de acción que hasta la fecha se han mantenido y se continuarán trabajando.

Dentro de nuestro frente de divulgación hemos realizado y procurado la gestión de diferentes espacios y eventos. Algunos inclusive de carácter internacional y que son motivados por la ONU, la IAU y otras organizaciones de importancia: Algunos de los que hemos venido desarrollando y cooperando han sido: Martes de Café y Ciencia, Asteroid Day, Día internacional de la mujer y la niña en la ciencia, marcha por la ciencia, panel ciencia e innovación desde la UN, Astrociencia, Sabados de ACDA-Planetario, Congreso latinoamericano de astrobiología, sesquicentenario en el bicentenario, los héroes en Colombia usan bata, 1,2,3 ciencia y un día como hoy en ciencia.

En relación a la investigación, el grupo cuenta con las siguientes líneas de investigación: 1) Ecología microbiana, ambientes extremos y geobiología 2) Geología Planetaria y sensoramiento remoto 3) Relación ciencia, arte, administración, comunicación, humanidades, ciencias sociales y sociedad. 4) Educación, enseñanza, comunicación y divulgación de la ciencia. 5) Ciencias de la Tierra. 6) Astronomía, planetas extrasolares y sistema solar. 7) Historia y filosofía de la ciencia. 8) Astrobiología. Dentro de estas se incluyen algunos proyectos como los desarrollados con microorganismos psicrófilos de la Antártida, microorganismos termófilos del volcán cerro Machín, microorganismos radiotolerantes de la zona árida de la Tatacoa y el análisis geomorfológico de Plutón a partir de datos de la NASA.

La educación se enfoca en la formación de profesionales a través de tesis de posgrado, trabajos de grado de pregrado, prácticas de investigación y la generación de la cátedra de egresados para la UN en el año 2016.

## GRUPO DE INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS BIOLÓGICAS Y QUÍMICAS

**Javier Vanegas, Yulieth Mosquera, Maria Fernanda Morales, Emmanuel Guerra, Ruben Rodriguez, Jennifer Parada, Laura Pinzon, Javier Viasus, Katherine Arias, Luisa Pantoja, Andrea Muñoz, Laura Cuervo, Johanna Boyaca.**

Universidad Antonio Nariño

El grupo de investigación Biología y Química (COL0027895) de la Universidad Antonio Nariño esta categorizado como "A" ante COLCIENCIAS y desarrolla trabajos de investigación en el área de ecología microbiana y bioprospección de microorganismos de importancia agrícola. A lo largo de la trayectoria se ha contado con el apoyo de Colciencias para fortalecer líneas de trabajo en bioprospección, bioinformática y biodiversidad microbiana y la formación de estudiantes de pregrado, maestría y doctorado. Actualmente el grupo cuenta con proyectos financiados por COLCIENCIAS y el Organismo Internacional de Energías Atómicas para el desarrollo de los siguientes proyectos: *"Interacciones entre Tecia solanivora, rizobacterias con actividad entomopatogena y plantas de papa para favorecer la competitividad de la cadena papera en el Departamento de Boyacá"* y *"Caracterización de microbiota y rasgos funcionales de flora asociada a islas de recursos en un ambiente semiárido de la alta Guajira y su relación con la materia orgánica y la calidad del suelo"*, *"Mejora de las prácticas de fertilización en los cultivos mediante el uso de genotipos eficientes, macronutrientes y bacterias promotoras del crecimiento de las plantas"* y *"Diversidad funcional de microorganismos asociados al ciclaje de C, N y P en el manglar la Rancheria (La Guajira) mediante un acercamiento de metatranscriptómica"*, bajo el liderazgo del Dr. Javier Vanegas quien lleva más de diez años de experiencia en estas áreas. El grupo participa activamente en diversos eventos científicos y sus esfuerzos van enfocados al uso de recursos ambientales para contribuir a la sostenibilidad del medio ambiente y brindar nuevos conocimientos que sirvan como línea de base para la fomentar la creación de políticas de calidad y protección ambiental.

## **“MICROSONICK” UN ESPACIO RADIAL PARA LA DIVULGACIÓN DE LA CIENCIA, LA TECNOLOGÍA, LA INVESTIGACIÓN Y LA CULTURA**

**Lady Yesenia Suárez PhD<sup>1\*</sup>**

1, Programa de Microbiología. Universidad de Pamplona. Km 1 Vía Bucaramanga Ciudad Universitaria. Pamplona – Norte de Santander

**\*Email: lady.suarez@unipamplona.edu.co**

### **INTRODUCCIÓN**

Microsonick es un programa radial que forma parte dentro de la programación de la emisora 94.9 FM Radio Universidad de Pamplona desde el año 2005. Es un programa práctico que permite la interacción entre la comunidad universitaria, la comunidad estudiantil y comunidad de la ciudad de Pamplona, donde se comparte temas de gran interés para los diferentes entes sobre los campos de aplicación de la microbiología.

El interés nace desde las aulas donde los estudiantes y docentes del programa de microbiología buscan estrategias para compartir contenidos científicos empleando un lenguaje sencillo e idóneo a una comunidad no científica como es la sociedad Pamplonesa, además el programa aporta ideas, sugerencias y quizá soluciones a diferentes tópicos de la vida que hacen parte del día a día del ser humano y su entorno.

Los objetivos que se plantea Microsonick son:

- Compartir semanalmente a través del programa radial, temas de interés y actualidad, creados a partir de la recopilación de información, entrevistas, artículos y relatos personales.
- Promover y estimular en la población general, el interés por la ciencia, la tecnología, la investigación y el quehacer científico.
- Incentivar en el estudiante el valor que tiene como persona capaz de proyectarse a la comunidad, beneficiándola a través de sus conocimientos.

### **MÉTODOLOGÍA**

Microsonik tiene tres funciones principales que cumplir: informar, educar y entretener, para tal fin, los estudiantes inscritos y comprometidos se reúnen en comités de trabajo, orientados a desarrollar actividades tales como: redacción, investigación, reportaje y locución.

A través del tiempo el programa ha logrado informar que es la Microbiología con temáticas actualizadas que se transmiten en sesiones semanales en directo de 30 minutos en la cabina de la emisora institucional

94.9 FM Radio Universidad de Pamplona. A la fecha se han transmitido más de 100 programas contando con la participación de docentes de distintas áreas de la Universidad de Pamplona, estudiantes, egresados del programa, profesionales de diferentes campos y comunidad en general. De igual forma se fomenta la comunicación científica empleando plataformas virtuales para la divulgación de los programas emitidos, como por ejemplo el canal de youtube pudiéndose escuchar en cualquier momento y espacio fortaleciendo la imagen cultural y científica del programa de Microbiología.

Para seguir los programas de Microsonick emitidos pueden visitar nuestro canal en YouTube:  
[https://www.youtube.com/channel/UCzceC7C4wllUrna80jsa-qg/videos?disable\\_polymer=1](https://www.youtube.com/channel/UCzceC7C4wllUrna80jsa-qg/videos?disable_polymer=1)

## CONCLUSIÓN

La difusión de la ciencia a través de las radios universitarias en Colombia y con el apoyo de plataformas virtuales se convierte una alternativa para difundir el saber - hacer científico y llegar a través de un lenguaje simple e idóneo a una comunidad no científica. El programa radial Microsonick permite la integración de la comunidad científica y la sociedad apoyando los ejes misionales de docencia, investigación y extensión social de la Universidad de Pamplona.