

**Trabajos libres**  
**-Presentaciones orales-**



## TLO01. Estructura de la comunidad microbiana en sedimentos de manglares en El Estado de Sao Paulo, Brasil

Fernando Dini Andreote<sup>1</sup>, Diego Javier Jiménez<sup>2,3,4</sup>, Diego Chaves<sup>4</sup>, Armando Cavalcante Franco Dias<sup>1</sup>, Danice Mazzer Luvizotto<sup>1</sup>, Francisco Dini-Andreote<sup>1</sup>, Cristiane Cipola Fasanella<sup>1</sup>, Sandra Baena<sup>2,4</sup>, Rodrigo Gouvêa Taketani<sup>5</sup>, Itamar Soares de Melo<sup>5</sup>

**Introducción.** La metagenómica es una nueva aproximación que ayuda a obtener información acerca de la función, estructura, interacción y dinámica de las comunidades microbianas en ecosistemas marinos y/o terrestres.

**Objetivo general.** Evaluar la estructura de la comunidad microbiana en sedimentos de manglares mediante pirosecuenciación y análisis bioinformáticos.

**Metodología.** La extracción de ADN microbiano se realizó en cuatro muestras de sedimentos en tres manglares con diferentes niveles de contaminación con petróleo. La secuenciación de cada metagenoma se realizó con la tecnología 454 GS FLX Titanium y la asignación taxonómica y funcional mediante alineamientos locales (BLASTn/x) utilizando diferentes bases de datos y programas bioinformáticos (MG-RAST, WebCARMA, MEGAN y STAMP).

**Resultados.** Se obtuvo un total de 215Mb de ADN secuenciado y se observó una mayor proporción de secuencias relacionadas con *Deltaproteobacteria* y *Gammaproteobacteria*. Un análisis estadístico mostró una gran proporción de taxones específicos por muestra: *Rhodobacteraceae* (BrMgv01), *Desulfobacterales* (BrMgv02), *Actinomycetales* (BrMgv03) y *Syntrophobacterales* (BrMgv04). Las secuencias metagenómicas fueron mapeadas en el ciclo del metano, nitrógeno y azufre; mostrando que el núcleo de este metabolismo energético es llevado a cabo por miembros de las familias *Burkholderiaceae*, *Planctomycetaceae*, *Rhodobacteraceae* y *Desulfobacteraceae*. Finalmente se realizó un análisis de componentes principales comparado diversos metagenomas (marinos y terrestres), observando que la estructura de la comunidad microbiana en los sedimentos de manglares es diferente.

**Conclusiones.** Este es el primer estudio metagenómico robusto para el análisis de la estructura de la comunidad microbiana en sedimentos de manglares, además, presenta la asignación de taxones a funciones específicas en ciclos biogeoquímicos.

1. Departamento de Ciencia de Suelos, Escuela Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidad de São Paulo. Avenida Pádua Dias 11, Teléfono: 55 19 3417-2123. PO Box 13418-900, Piracicaba, SP, Brasil. 2. Unidad de Saneamiento y Biotecnología Ambiental, Departamento de Biología, Pontificia Universidad Javeriana, Carrera 7 No. 43-82, Edificio 53, Teléfono: 571-3208320 Ext. 4170. PO Box 5671, Bogotá, D.C., Colombia. 3. Corporación Colombiana de Investigaciones Agrícolas, Centro de Biotecnología y Bioindustria. Km 14 vía Mosquera, Teléfono: 571-4227300 Ext. 1313. Bogotá D.C., Colombia. 4. Centro Colombiano de Genómica y Bioinformática de Ambientes Extremos (GeBiX). Carrera 5 No. 66A-34, Teléfono: 571-8050106 Ext. 113. PO Box 110231, Bogotá, D.C., Colombia. 5. Laboratorio de Microbiología Ambiental, EMBRAPA Medio Ambiente, Brasil, Rodovia SP 340 Km 127,5, Teléfonos: 55 19 3311-2700, PO Box 13820-000, Jaguariúna, SP, Brazil. Contacto: Diego Javier Jiménez MSc.; email: djimenez1909@gmail.com

## TLO02. Identificación de una nueva esterasa obtenida a través de metagenómica funcional del suelo de Bosque Alto Andino Colombiano

Diego Javier Jiménez<sup>1,4</sup>, José Salvador Montaña<sup>2,4</sup>, Diana Álvarez<sup>3,4</sup>, Sandra Baena<sup>1,4</sup>

**Introducción.** La metagenómica se ha convertido en una herramienta útil en la detección de nuevas enzimas. Sin embargo, en Colombia existen pocos estudios acerca de la diversidad microbiana no cultivable y de su utilización con fines biotecnológicos.

**Objetivo general.** Buscar, identificar y caracterizar enzimas lipolíticas mediante el análisis funcional de una biblioteca metagenómica de suelo de bosque alto andino colombiano.

**Metodología.** Se construyó una biblioteca metagenómica utilizando el plásmido *p-Bluescript* II SK+, el análisis funcional se realizó en agar LB suplementado con Tributirina y la actividad enzimática de los clones positivos fue cuantificada mediante la técnica de *p*-nitrofenil-éster. Finalmente, se analizó el inserto y el perfil proteómico de un clon lipolítico.

**Resultados.** Se recuperaron dos clones con actividad lipolítica de una biblioteca metagenómica con una representatividad de 80Mpb. En el inserto de un clon positivo se detectó un gen (*estGX1*) de 210 aminoácidos y la presencia del pentapéptido GPSGG, esencial para la actividad lipolítica, además se logró identificar la posible triada catalítica (Ser48, Asp161, His202). Con el análisis filogenético se observó que el gen *estGX1* hace parte de una nueva familia de esterases. Por otro lado, la enzima posee una actividad específica de 0,142U mg<sup>-1</sup> en *p*-nitrofenil-Butirato con un 30% de actividad relativa a 10°C. Finalmente, se identificó una proteína monomérica de 23kDa, la cual podría estar codificada por el gen *estGX1*.

**Conclusiones.** Este trabajo presenta el descubrimiento de una nueva esterasa microbiana activa a bajas y altas temperaturas, con preferencia por ácidos grasos de cadena corta y sin referente en las bases de datos.

1. Unidad de Saneamiento y Biotecnología Ambiental, Departamento de Biología, Pontificia Universidad Javeriana, Carrera 7 No. 43-82, Edificio 53, Teléfono: 571-3208320 Ext. 4170. PO Box 5671, Bogotá, D.C., Colombia. 2. Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana, Carrera 7 No. 43-82, Edificio 50, Teléfono: 571-3208320 Ext. 4152. PO Box 5671, Bogotá, D.C., Colombia. 3. Unidad de Genética y Biología del Desarrollo, Departamento de Biología, Pontificia Universidad Javeriana, Carrera 7 No. 43-82, Edificio 53, Teléfono: 571-3208320 Ext.4081. PO Box 5671, Bogotá, D.C., Colombia. 4. Centro Colombiano de Genómica y Bioinformática de Ambientes Extremos (GeBiX). Carrera 5 No. 66A-34, Teléfono: 571-8050106 Ext. 113. PO Box 110231, Bogotá, D.C., Colombia. Contacto: djimenez1909@gmail.com

### TLO03. Evaluación de microorganismos con potencial de promoción de crecimiento y biocontrol del patógeno *Spongospora subterranea* en plantas de papa

Juliana Soler Arango<sup>1</sup>, Elizabeth Gilchrist Ramelli<sup>1</sup>, Juan Carlos Pérez Naranjo<sup>1</sup>

**Introducción.** La sarna polvosa de la papa es causada por el patógeno *Spongospora subterranea* que disminuye la calidad y producción de los tubérculos. Esta enfermedad afecta las principales zonas productoras del mundo debido a la falta de tratamientos efectivos y al comercio de tubérculos-semilla infectados. Algunas investigaciones indican que los agentes biocontroladores podrían reducir la actividad de *S. subterranea* a través de efectos sobre la viabilidad de sus quistosoros o mediante estimulación del crecimiento de la planta.

**Objetivo general.** Evaluar microorganismos con potencial biocontrolador de *Spongospora subterranea* y posibles promotores de crecimiento vegetal.

**Metodología.** Se aislaron bacterias del interior de la raíz, la rizósfera, la superficie de tubérculos y el suelo de un cultivo de papa (*Solanum tuberosum* variedad Diacol Capiro) y se seleccionaron por su capacidad para producir indoles totales y quitinasas. Se determinó su capacidad para promover la velocidad de germinación en brotes de tubérculos o para controlar *S. subterranea* en raíces y promover el crecimiento vegetal de plántulas en invernadero.

**Resultados.** La mayoría de los aislamientos evaluados incrementaron la longitud de brotes en tubérculos en el laboratorio. En el invernadero, en suelo no estéril y en presencia del patógeno, se encontró que dos de los diez aislamientos seleccionados por su capacidad para producir indoles totales y quitinasas, presentaron promoción de crecimiento vegetal y posible biocontrol del patógeno.

**Conclusiones.** Estos resultados sugieren un gran potencial para la selección de microorganismos biocontroladores y el desarrollo de bioproductos a partir de recursos microbiológicos locales.

1. Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, Laboratorio Microbiología del suelo, Grupo Sistemas Simbióticos.

### TLO04. Aislamiento de bacterias marinas con capacidad inhibitoria frente a *E. coli* y *Enterococcus*

Melody Christine Cabrera Ospino<sup>1</sup>, Gustavo Echeverri Jaramillo<sup>2</sup>

**Introducción.** Los ecosistemas marinos ocupan la tercera parte de la superficie terrestre, constituye el hábitat de especies bacterianas con características metabólicas únicas adaptadas a condiciones adversas como altas presiones; bajas temperaturas en las profundidades; altas salinidades; altas presiones; ph ocasionalmente alcalinos; capacitándolas para sintetizar sustancias biológicamente activas frente a otras especies, controlando la densidad poblacional a su alrededor y confiriéndoles ventajas en la utilización de nutrientes, espacio y/o luz; siendo objeto de investigación biotecnológica a nivel farmacológico, debido al hallazgo de nuevos productos que podrían solucionar problemas como resistencia bacteriana.

**Objetivo general.** Aislar bacterias provenientes de 2 playas de Cartagena. Evaluar su capacidad inhibitoria frente a tres cepas objetivo (*E. coli* ATCC, *E. coli* y *Enterococcus* aislados de la Bahía de Cartagena).

**Metodología.** Aislamiento en Agar marino modificado con agua de mar añeja y estéril. Técnicas de difusión en agar, utilizando sensidiscos elaborados con papel de filtro e impregnados con cultivo líquido marino. Prueba líquida de inhibición de cepa elegida frente a *Enterococcus*.

**Resultados.** Se aislaron 23 cepas marinas en su mayoría coccobacilos gram negativos. Ocho produjeron pigmentos. Las cepas patógenas fueron susceptibles a mínimo tres aislados marinos. Solo una cepa marina produjo inhibición frente a cepas objetivos (9,5mm contra *E. coli* ATCC, 13 mm contra *E. coli*, 19 mm contra *Enterococcus*. A las 6 horas de sembrado en medio marino líquido el *Enterococcus* con cepa marina elegida, cayó su crecimiento.

**Conclusiones.** Se evidencia las potencialidades en bioprospección de ecosistemas marinos-costeros a nivel biotecnológico, en áreas no solo farmacológica sino industrial.

1. Bacterióloga. Aspirante a M.Sc. en Biotecnología, UdeA. Estudiante investigador, Grupo de Investigación Microbiología y Ambiente, GIMA, Universidad San Buenaventura - Cartagena. 2. Bacteriólogo. M.Sc. Tecnología Química. Investigador. Líder de Grupo de Investigación Microbiología y Ambiente, GIMA, Universidad San Buenaventura - Cartagena.

## TLO05. Evaluación de bacterias solubilizadoras de fósforo asociadas a zonas productoras de maíz en el municipio Simijaca (Cundinamarca)

Omar Hortúa Ramos<sup>1</sup>

**Introducción.** En los últimos años se ha visto que algunos productores han tenido que reducir sus áreas productivas, debido al incremento de los precios de los productos agrícolas, entre ellos los fertilizantes. Por tanto, ésta situación lleva a la búsqueda de nuevos mecanismos para incrementar la eficiencia de elementos nutritivos en las plantas cultivables.

**Objetivo general.** Evaluar bacterias solubilizadoras de fosforo propias de las zonas productoras de Maíz en el municipio de Simijaca.

**Metodología.** El trabajo consistió en el estudio de laboratorio donde se aislaron bacterias promisorias según su comportamiento; se evaluó el potencial solubilizador de fosforo de manera cuantitativa y cualitativa, el comportamiento en semillas y crecimiento vegetativo, y se realizó una caracterización bioquímica. Finalmente, se realizó una evaluación en invernadero durante el ciclo de crecimiento vegetativo del cultivo.

**Resultados.** Se pudo comprobar el efecto estimulador de los microorganismos nativos, siendo más efectivas y eficientes dos bacterias del género *Pseudomonas*. La efectividad se refleja en el grosor del tallo y sistema radicular con mayor abundancia de pelos absorbentes, los cuales garantizan una mayor capacidad de nutrición de la planta.

**Conclusiones.** Las dos bacterias nativas del género *Pseudomonas* sp. son las más promisorias como microorganismos solubilizadores de fosforo para la zona de Simijaca, las cuales pueden constituir la base para la generación de un paquete tecnológico basado en microorganismos benéficos encaminados en su aplicación conjunta en sistemas productivos de Maíz.

1. Facultad de Ciencias Agropecuarias – Universidad de Cundinamarca. Proyecto realizado en convenio Corporación PBA – Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. Contacto: polacosmar@yahoo.es

## TLO06. Efecto antiplasmodial de extractos de plantas de las familias Lauraceae, Gentianaceae, Myristicaceae y Rutaceae: estudios in vitro e in vivo

Yulieth A. Upegui<sup>1</sup>, Adriana M. Restrepo<sup>1</sup>, Alejandro Daza<sup>1</sup>, Luis E. Cuca<sup>2</sup>, Iván D. Vélez<sup>1</sup>, Sara M. Robledo<sup>1</sup>

**Introducción.** La malaria es una enfermedad de gran impacto mundial por su alta morbi-mortalidad. La evaluación de extractos de plantas como posibles antiplasmodiales por características fitoquímicas y etnobotánicas, aportará en la búsqueda de opciones terapéuticas dirigidas a pacientes con falla al tratamiento. La revisión de diferentes evidencias en las familias de plantas *Lauraceae*, *Myristicaceae*, *Rutaceae* y *Gentianaceae* permitió seleccionar especies con probable efecto antiplasmodial.

**Objetivo general.** Determinar la actividad antimalárica y citotóxica *in vitro* y la eficacia terapéutica y toxicidad de algunos extractos etanólicos en ratones infectados con *Plasmodium* spp.

**Metodología.** Sobre cultivos de *P. falciparum* cepa NF54 expuesto a los extractos durante 48 horas se determinó según cuantificación de DNA del parásito extraído con solución de lisis y proteinasa K y tinción con bromuro de etidio. Para los ensayos *in vivo* se utilizó el test de Rane en el modelo Ratón/*P. berghei*.

**Resultados.** Todos los extractos inhibieron el crecimiento de *P. falciparum*, excepto los especímenes de la familia Gentianaceae. Los extractos que mejor actividad mostraron al inhibir el crecimiento y no causar reacción hemolítica fueron *Z. fagara* (IC50: 0.01 µg/mL), *E. alata* (IC50: 8.60 µg/mL), *R. heptaphylla* (IC50: 20.12 µg/mL) y *Z. rigidum* (IC50: 47.46 µg/mL), todos especies de la familia *Rutaceae*. La eficacia terapéutica *in vivo* mostró disminución de la parasitemia para los ratones tratados con *E. alata* y Te de artemisia.

**Conclusiones.** Los resultados obtenidos en este tamizaje inicial sugieren la necesidad de evaluar fracciones en busca de los metabolitos y aumentar la eficacia mostrada.

1. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia. 2. Productos Naturales Vegetales, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Bogotá-Colombia. Contacto: yuleca1@gmail.com

## TLO07. Agentes bacterianos y su perfil de susceptibilidad antibiótica en adultos con neumonía asociada al ventilador mecánico en cuatro hospitales de Bogotá

Martín Bayona, Gabriel Montenegro, Elkin Lemus, Jhongert Alza Arcila, Sergio Andrés Cuellar Pedroza, Christian Javier Fonseca Rincón, Camilo Guillermo Molina Cárdenas, Dary Jizeth Parra Parraga, Edward Pérez Olaya, Diana Marcela Trejos Marín, Cristhian Leonardo Trujillo Puentes.

**Introducción.** La neumonía, definida como la infección del parénquima pulmonar, causada por diversos microorganismos, es una importante patología en la epidemiología intrahospitalaria.

**Objetivo general.** Identificar agentes bacterianos y susceptibilidad hallados en pacientes adultos con NAVM internados en UCIs de 4 instituciones hospitalarias de Bogotá.

**Metodología.** Estudio observacional descriptivo retrospectivo serie de casos. Se revisaron historias clínicas desde 1/01/2008 al 12/31/2010. Se identificaron: diagnósticos, comorbilidades, tiempo de ventilación al momento del diagnóstico, tipo de recolección de muestra, variables de criterios CPIS (Clinical Pulmonary Infection Score) y agentes bacterianos aislados con su antibiograma.

**Resultados.** Se encontraron 85 pacientes con NAVM. Los agentes bacterianos hallados correspondieron a: *Klebsiella pneumoniae* (23,4%), *Staphylococcus aureus* (21,5%), *Pseudomonas aeruginosa* (15%), *Enterobacter cloacae* (12,1%), *Escherichia coli* (6,5%), *Acinetobacter baumannii* (6,5%), *Proteus mirabilis* (4,7%), *Haemophilus influenzae* (2,8%), *Streptococcus pneumoniae* (1,9%), *Pseudomonas fluorescens* (1,9%), *Acinetobacter ivoiffi* (1,9%), *Klebsiella oxytoca* (0,9%), *Serratia marcescens* (0,9%). El diagnóstico de admisión más prevalente fue el de Vías respiratorias (43 %), seguido del Neurológico (29%). El género con mayores casos de neumonía fue el masculino (76%) y femenino (24%). Se encontró que la NAVM de inicio tardía predominaba sobre la temprana, 76% y 24 % respectivamente. Se encontró *Pseudomonas aeruginosa* (6%) en NAVM de inicio tardío. La resistencia antibiótica fue más alta para Ampicilina-Sulbactam (12%), seguida de Ceftriaxona (10,7%), Piperacilina tazobactam (10,3%), Gentamicina (9,8%), Imipenem (9,8%), Cefepime (9,4%), Ciprofloxacina (8%), Levofloxacina (7,6%), Ceftazidime (7,1%), Meropenem (5,8%), Oxacilina (4,5%), Amikacina (4%). El desenlace fue de predominio de no fallecidos (52 %), y fallecidos (48%).

**Conclusiones.** Se requieren más estudios prospectivos para corroborar y ampliar el conocimiento de dicha entidad clínica.

Facultad de Medicina - Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales U.D.C.A. Bogotá-Colombia.

## TLO08. Lactosuero como residuo agroindustrial con aplicaciones en la producción de ácido láctico

Alejandro Acosta C., Carlos E. Mejía, Laura J. Beltrán F., Joan E. Quintero M.

**Introducción.** El lactosuero es un foco de contaminación de aguas y suelos cuando se descarta sin ningún tratamiento. Una alternativa para su uso es la aplicación como sustrato para la producción de ácido láctico (AL), donde es importante la hidrólisis previa de la lactosa debido a que los productos de esta son más asimilables por las bacterias ácido lácticas.

**Objetivo general.** Evaluar los efectos del pH, temperatura y concentración de enzima (CE) sobre el proceso de hidrólisis de lactosuero empleando una  $\beta$ -galactosidasa comercial, con fines en la producción de AL.

**Metodología.** Se realizaron hidrólisis enzimáticas a diferentes condiciones de pH (4.5-7.5), temperatura (25-65°C) y CE (0.025-0.5g/L). Posteriormente se realizaron fermentaciones de lactosuero, lactosuero hidrolizado y lactosuero suplementado (sales y extracto de levadura) empleando la cepa *Lactobacillus delbrueckii sub. delbrueckii* ATCC 9649 para la producción de AL.

**Resultados.** La mayor actividad enzimática se encontró a un pH de 6.5, 45°C y una CE mínima de 0,1 g/L. En las fermentaciones se alcanzó una producción de AL de  $64.18 \pm 1.40$  g/L con un rendimiento de  $0.90 \pm 0.10$  g/g y una productividad de 0.67g/L.h, 3.16 y 1.13 veces mayor a la producción con lactosuero, y lactosuero suplementado, respectivamente.

**Conclusiones.** La enzima es más sensible a los cambios de pH que de temperatura. Por otro lado a 0.1 g de enzima/L se alcanza un 100% de hidrólisis en el mismo tiempo que a concentraciones mayores. La hidrólisis previa del lactosuero favorece el proceso de fermentación para la producción de ácido láctico.

Grupo de Biotransformación, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: tocy18@gmail.com

## TLO09. Caracterización molecular de microorganismos anaerobios aislados de herbívoros rumiantes y monogástricos

Diego Javier Jiménez<sup>1</sup>, Roció Herrera León<sup>1</sup>, Andrés Pedraza<sup>2</sup>,  
Hugo Jiménez<sup>1</sup>, Fernando Rodríguez<sup>1</sup>, Carolina González<sup>1</sup>

**Introducción.** En la comunidad microbiana presente en el tracto gastrointestinal de herbívoros rumiantes y monogástricos habitan microorganismos celulolíticos cultivables con gran potencial biotecnológico.

**Objetivo general.** Caracterizar bacterias anaerobias celulolíticas y hongos anaerobios ruminales mediante el análisis de los genes 16S ADN<sub>r</sub>, *rpoB* y de la región intergénica ITS1.

**Metodología.** Los aislamientos fueron obtenidos del tracto gastrointestinal de diferentes herbívoros (*Bos Taurus*, *Dasyprocta aguti*, *Tapirus bairdii* y *Hydrochoerus hydrochaeris*). Se realizó la extracción de ADN genómico y la amplificación de los genes 16S ADN<sub>r</sub> y *rpoB*. Para la caracterización molecular de un hongo anaerobio ruminal se utilizó la técnica de ARISA (*Automated Approach for Ribosomal Intergenic Spacer Analysis*).

**Resultados.** Se logró caracterizar 29 cepas de bacterias anaerobias celulolíticas mediante la técnica de ARDRA (*Amplified rDNA Restriction Analysis*) y la secuenciación de dos marcadores moleculares. Un total de 12 cepas fueron identificadas como *Streptococcus bovis* y algunas cepas como *Escherichia* sp. *Shigella boydii*, *Meghasphaera hominis*, *Clostridium butyricum* y *Pseudobutyrivibrio ruminis*. La asignación taxonómica utilizando el gen *rpoB* presentó diferencias con respecto a la del gen 16S ADN<sub>r</sub>. Por otro lado, para la caracterización de un hongo anaerobio ruminal se logró estandarizar las condiciones de amplificación del ITS1 y de la electroforesis capilar. El hongo fue identificado como *Orpynomyces* sp. (97% de similitud) y probablemente posee dos copias de esta región en su genoma (364 y 369 pb).

**Conclusiones.** En este estudio se presenta un análisis robusto para la caracterización de bacterias anaerobias celulolíticas y de hongos anaerobios ruminales.

1. Laboratorio de Microbiología Molecular, Centro de Biotecnología y Biotecnología, Corporación Colombiana de Investigaciones Agropecuarias (CORPOICA), Km 14 vía a Mosquera (Cundinamarca), Bogotá D.C., Colombia.  
2. Laboratorio de Genética Molecular Animal, Corporación Colombiana de Investigaciones Agropecuarias (CORPOICA), Km 14 vía a Mosquera (Cundinamarca), Bogotá D.C., Colombia. Contacto: djimenez1909@gmail.com

## TLO10. Docking molecular para evaluar la relación estructura-actividad en fructosiltransferasas producidas por *Aspergillus* sp.

Sergio Olarte Avellaneda<sup>1</sup>, Alexander Rodríguez<sup>2</sup>, Oscar Sánchez<sup>3</sup>, Carlos Alméciga Díaz<sup>2</sup>.

**Introducción.** Las fructosiltransferasas (FTasas) son enzimas producidas por hongos como *Aspergillus* que transforman la sacarosa en prebióticos conocidos como fructooligosacáridos (FOS) con múltiples beneficios y aplicaciones.

**Objetivo general.** Establecer la relación estructura-actividad para FTasas producidas por diferentes *Aspergillus*, evaluando la energía de interacción con sus sustratos mediante docking molecular.

**Metodología.** Cinco FTasas con datos de producción de FOS fueron seleccionadas. Las secuencias se obtuvieron de GenBank y fueron alineadas empleando MUSCLE. La predicción de la estructura terciaria se realizó empleando I-TASSER a partir de la estructura cristalina para *A. japonicus*. Las estructuras fueron revisadas por Procheck. La afinidad de las FTasas por la glucosa, sacarosa y tres prebióticos, fue evaluada empleando AutoDock y se comparó la energía de afinidad con el porcentaje de producción de FOS.

**Resultados.** Las FTasas evaluadas mostraron un alto grado de conservación de los aminoácidos involucrados en el sitio activo. Las estructuras terciarias presentaron entre el 94% y 97% de los residuos en las regiones más privilegiadas, mostrando la validez de las estructuras usadas para el docking. El análisis demostró que la energía de afinidad disminuía a medida que el sustrato se hacía más complejo. La sumatoria de las energías de afinidad para los sustratos con cada enzima fue inversamente proporcional a los valores de producción de FOS.

**Conclusiones.** Los resultados sugieren que el porcentaje de producción de FOS está relacionado con la afinidad de las enzimas por los sustratos. Este hallazgo puede tener implicaciones en el diseño de enzimas que permitan aumentar el rendimiento de producción de FOS.

1. Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de las Ciencias de la Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá D. C. 2. Instituto de Errores Innatos del Metabolismo, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá D.C. 3. Departamento de Farmacia, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C.

## TLO11. Infección humana por *Staphylococcus aureus* ST398, un genotipo asociado a animales, Medellín, Colombia

Ana M. Ocampo<sup>1</sup>, José R. Mediavilla<sup>2</sup>, Lázaro A. Vélez<sup>3</sup>, Johanna M. Vanegas<sup>1</sup>, Erika A. Rodríguez<sup>1</sup>, Barry N. Kreiswirth<sup>2</sup>, Margarita M. Correa<sup>1</sup>, Judy Natalia Jiménez Quiceno<sup>1</sup>

**Introducción.** *Staphylococcus aureus*, tradicionalmente se ha considerado como un patógeno de gran relevancia a nivel hospitalario y en la comunidad. Así mismo se ha mostrado como un patógeno de importancia a nivel veterinario. Recientemente, se ha reportado a nivel mundial la emergencia y diseminación de un linaje de *S. aureus* denominado ST398, colonizando y causando infección primordialmente en animales de crianza como cerdos y ganado vacuno, y posteriormente en humanos. En este trabajo se reporta el primer caso de infección humana en Colombia.

**Metodología.** *S. aureus* fue aislado de un hemocultivo e identificado fenotípicamente, incluyendo antibiograma mediante Vitek2. Adicionalmente fue caracterizado molecularmente con el fin de confirmar la especie y detectar genes de algunos factores de virulencia por PCR. La genotipificación incluyó PFGE, spa-typing y MLST; Igualmente, se describieron las principales características clínico-epidemiológicas del paciente.

**Resultados.** Se reportó un caso de bacteriemia secundaria a una infección de injerto vascular protésico de pierna izquierda en una mujer de 82 años, habitante de área rural, admitida en urgencias de un hospital de Medellín, con antecedentes de enfermedad cardiovascular, diabetes Mellitus y cirugía. Tras 15 días de un cuadro infeccioso se aisló un *S. aureus* sensible a meticilina y resistente a múltiples antibióticos, entre ellos Tetraciclina. Se detectó el ST398, el spa type t571, y fue no tipificable por PFGE.

**Conclusiones.** Este reporte evidencia la emergencia de infección en humanos por cepas de *S. aureus* pertenecientes al ST398 en Colombia y Suramérica. Este hallazgo, aunque sencillo, resalta la enorme capacidad de diseminación de esta bacteria.

1. Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 2. Public Health Research Institute, University of Medicine and Dentistry of New Jersey, NJ, USA. 3. Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas-GRPE, Universidad de Antioquia.

## TLO12. Obtención de etanol a partir de la degradación de celulosa y fermentación del sustrato en desechos orgánicos domésticos en los estratos sociales (1 a 6) de la ciudad de Armenia, utilizando *Aspergillus niger* y *Saccharomyces cerevisiae*

Luz Stella García Alzate<sup>1</sup>, Lady Tatiana Sánchez Tarquino<sup>1</sup>, Leonardo Padilla Sanabria<sup>2</sup>, Germán Giraldo Giraldo<sup>1</sup>

**Introducción.** Los desechos orgánicos domésticos son un problema social, debido a la carencia de estrategias para el manejo de estos; su composición ha permitido considerarlos como fuente para la producción de bioetanol, por esta razón el objetivo de esta investigación fue producir etanol a partir de desechos orgánicos domésticos.

**Metodología.** Se tomaron desechos domésticos de diferentes estratos sociales (1 a 6) de la ciudad de Armenia; se realizó una clasificación de los componentes en inorgánicos y orgánicos, a estos últimos, se le realizó una caracterización de pH, humedad, cenizas, nitrógeno, fósforo, metales, contenido de celulosa y azúcares reductores; por otra parte, se utilizó *Aspergillus niger*, para la degradación de celulosa a azúcares reductores, para lo cual se realizó un medio de cultivo que contenía: medio Czapek, 10% materia orgánica y 4x10<sup>7</sup> esporas por mL, se incubó, esterilizó por autoclave y se adicionó 1 gr/L de *Saccharomyces cerevisiae*, se incubó nuevamente y destiló el alcohol.

**Resultados.** El porcentaje de desechos orgánicos en los estratos 1-2 fue 57%, en 3-4 del 55% y en 5-6 del 53%, los principales componentes orgánicos encontrados fue cascara de plátano, yuca y papa. Se obtuvo mayor producción de azúcares reductores en el estrato 3-4 después de 10 días de fermentación y un porcentaje de etanol del 3.73%, valores superiores que los encontrados en los estratos 1-2 y 5-6 (2.075% y 1.11% respectivamente).

**Conclusiones.** Se obtuvo etanol a partir de desechos orgánicos domésticos, se produjo un medio de cultivo, que permitió el crecimiento del *Aspergillus niger*.

1. Laboratorio de Investigación Agroindustria de Frutas Tropicales, Universidad del Quindío, e-mail: legata.928@gmail.com 2. Grupo de Inmunología Molecular (GYMOL), Universidad del Quindío. Contacto: legata.928@gmail.com

## TLO13. Susceptibilidad *in vitro* de microorganismos relacionados con alimentos a los aceites esenciales de *Salvia officinalis* L.

Lina María López de Ávila<sup>1</sup>, Hader Iván Castaño Peláez<sup>2</sup>, Carlos Eduardo Mejía Gómez<sup>3</sup>

**Introducción.** Durante los últimos años ha aumentado el rechazo a los aditivos sintéticos en los alimentos. Las plantas dan respuesta a la necesidad de conservantes naturales debido a su capacidad para producir una gran cantidad de metabolitos secundarios. Estos metabolitos pueden, según su mecanismo de acción, comportarse como quimo-terapéuticos y antimicrobianos, con alta potencialidad para sustituir los aditivos alimentarios sintéticos y dar una gran aplicabilidad industrial a estos productos.

**Objetivo general.** Evaluar la cinética de crecimiento de microorganismos relacionados con alimentos en presencia de aceites esenciales de *Salvia officinalis* L.

**Metodología.** Los aceites de *Salvia officinalis* L. fueron evaluados con: *L. monocytogenes*, *Salmonella Typhimurium*, *Bacillus cereus*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Shigella sonnei*, *Pseudomonas aeruginosa*. La cinética de crecimiento se realizó durante 24 horas a 37°C y 120 rpm. Los conservantes empleados fueron ácido sórbico, ácido benzoico, sorbato de potasio, benzoato de sodio y nisina, y fueron preparados en solución acuosa de 1024 hasta 2 ppm. El aceite esencial fue obtenido de hojas de *Salvia officinalis*; se prepararon soluciones desde 128 hasta 4096 ppm.

**Resultados.** Los conservantes comerciales no mostraron acción antimicrobiana contra *L. monocytogenes* ni *B. cereus*. La nisina demostró acción bactericida para todos los microorganismos evaluados, excepto para *S. aureus*. El aceite esencial de *Salvia officinalis* L. demostró una alta efectividad en la inhibición del crecimiento de todos los microorganismos evaluados, reduciendo la población microbiana cerca de 4 logaritmos en un período de 24 hrs.

**Conclusiones.** La mayor actividad bactericida de los aceites esenciales de *Salvia officinalis* L. se observó contra *S. sonnei*, *S. aureus* y *L. monocytogenes*. Los aceites esenciales son una novedosa opción para la preservación de alimentos, controlando el crecimiento de microorganismos alterantes y patógenos.

1. Microbióloga y bioanalista, MSc. Grupo Biotransformación - Universidad de Antioquia A.A. 1226; lina\_dearila@jabones 2. Ingeniero químico, MSc. Grupo COINDE - Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid A.A. 4932; bicastano@elpoli.edu.co 3. Ingeniero químico, MSc. Grupo Biotransformación - Universidad de Antioquia. Contacto: carlosemejias@gmail.com

## TLO14. Biosorción de plomo por 3 diferentes tipos de biomasa de *Aspergillus niger* aislado de un sitio con múltiple contaminación

Laura Victoria Castrillón C.<sup>1</sup>, Nancy J. Pino Rodríguez<sup>1</sup>, Gustavo Antonio Peñuela Mesa<sup>1</sup>

**Introducción.** La Contaminación por metales pesados en el suelo, es una grave amenaza para el medio ambiente y la salud humana. El plomo es considerado uno de los contaminantes más nocivos y peligrosos. Los metales pesados pueden ser removidos exitosamente de diferentes matrices ambientales, usando la tecnología de la biosorción con microorganismos. El objetivo de este estudio fue determinar el potencial de biomasa viva, inactiva y seca de *Aspergillus niger* para eliminar plomo por biosorción y la influencia de factores fisicoquímicos. También se evaluó el equilibrio de biosorción usando isoterma Langmuir y Freundlich.

**Metodología.** Los hongos fueron aislados a partir de muestras obtenidas de un sitio con múltiple contaminación, se identificaron con pruebas moleculares y se calculó la concentración inhibitoria mínima. La biomasa inactiva se obtuvo por autoclave a 125°C y la seca por incubación a 50°C. Se evaluó en ensayos tipo *batch* el efecto del tiempo de contacto (60-240 min), pH (1-7), temperatura (20-60°C), concentración inicial de metal (10-320 mgL<sup>-1</sup>), inóculo (0,5 a 5,0 gr) en la eliminación de plomo. El metal se cuantificó por absorción atómica.

**Resultados.** La biosorción fue de 30-60% en las tres biomásas a diferentes intervalos de tiempo. La concentración inicial del metal pH y temperatura influyeron significativamente en la biosorción. Las cinéticas de adsorción fueron descritas utilizando ecuaciones de Pseudo primer orden y Pseudo segundo orden.

**Conclusión.** La biomasa estudiada tiene un alto potencial para ser utilizada como un material bioadsorbente económico y fácilmente cultivable para la eliminación de plomo de matrices ambientales.

1. Grupo Diagnóstico y Control de la Contaminación (GDCCON), Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia.



## TLO15. Identificación de genes del operón *virB* en aislamientos de *Brucella canis*

Juan Jacobo de la Cuesta Zuluaga<sup>1</sup>, Juliana Martínez Garro<sup>2</sup>,  
Miryan Margot Sánchez Jiménez<sup>3</sup>, Martha Olivera Ángel<sup>4</sup>.

**Introducción.** *Brucella canis* produce en los perros principalmente fallas reproductivas y se puede transmitir a los humanos. En *Brucella abortus*, *B. melitensis* y *B. suis* se conoce la presencia del operón *virB* que codifica el sistema de secreción tipo IV (SST4), implicado en el establecimiento del nicho replicativo de la bacteria en las células hospederas. No se conoce si las cepas de campo de *B. canis* presentan todos los genes *virB*.

**Objetivo general.** Detectar la presencia de los genes *virB1* a *virB12* que codifican el SST4, en aislamientos nativos de *Brucella canis*.

**Metodología.** Se realizó un estudio descriptivo de dos fases; fase 1, diseño de cebadores para una PCR múltiple y prueba *in silico*; fase 2; prueba de laboratorio de la PCR diseñada, con 35 aislamientos de *B. canis* de hemocultivo de caninos de criaderos del área metropolitana del Valle de Aburrá. Se utilizaron como controles positivos: DNA de *B. canis* M-, *B. abortus*, *B. suis*, *B. ovis* y las cepas vacunales, RB51 y Rev1. Los productos de amplificación de algunas cepas fueron secuenciados y analizados con el software Bioedit.

**Resultados.** La PCR múltiple diseñada permitió detectar los 12 genes *virB* en todos los aislamientos estudiados. El secuenciamiento evidenció polimorfismos en algunos genes.

**Conclusiones.** La PCR múltiple diseñada fue probada en forma exitosa y detectó la presencia de los genes del operón *virB* en todos los aislamientos. Se encontraron polimorfismos en algunos genes, lo cual indicaría la presencia de varias cepas de *B. canis* circulantes en nuestro medio.

1. Estudiante programa de Biología, Universidad CES – ELA, 2. Docente programa de Biología, Universidad CES – ELA, 3. Estudiante doctorado en Ciencias Animales, Facultad de Ciencias Agrarias, Grupo Vericel, Universidad de Antioquia, 4. Docente Titular, Facultad de Ciencias Agrarias, Grupo Vericel-Biogénesis, Universidad de Antioquia.

## PTLO16. Bioprospección de hongos para la producción de celulasas en fermentación sumergida

Gómez, M.P.<sup>1</sup>, Ríos L.A.<sup>2</sup>, Peñuela, M.<sup>1</sup>, Peña, J.D.<sup>3</sup>

**Introducción.** La hidrólisis de la celulosa tiene un alto interés mundial, debido a la cantidad de azúcares fermentables que se pueden obtener para producir biocombustibles. Muchas de las enzimas celulolíticas comerciales son obtenidas a partir de hongos filamentosos de la pudrición blanca o marrón. La biodiversidad del territorio Colombiano permitió encontrar diferentes ambientes donde es posible realizar una bioprospección con el objetivo de buscar microorganismos con estas propiedades.

**Metodología.** Se tomaron muestras provenientes de suelos húmedos, regiones boscosas y hojarasca acumulada. Se purificaron 52 cepas que crecieron en agar agua sobrediscos de celulosa y en agar CMC. Posteriormente, fueron seleccionadas 10 cepas con mayor actividad celulasica (FPU/mL) en cultivo sumergido. Se realizaron cinéticas de producción de celulasas bajo diferentes medios de cultivo, cuantificando actividad B-glucosidasica y FPAlica. Finalmente, se realizaron algunos ensayos de hidrólisis sobre material lignocelulósico

**Resultados.** De los medios de crecimiento evaluados, fue seleccionado el medio FC1 (medio propio del laboratorio de Biotecnología de la Universidad de Antioquia), ya que por los pellets formados se concluye que aporta los componentes necesarios; además de su bajo costo y similares resultados que el aportado por Medio Sabouraud.

**Conclusiones.** Los valores más altos de actividad celulasica fueron de 0.10, 0.12 y 0.10 FPU/mL correspondientes a las cepas MC12, H22 y S50 respectivamente, obtenidas en un menor tiempo que el resto (50 horas en promedio); la actividad B-glucosidasica fue predominante en las cepas H7, S2 y H22 con valores de 4, 1.5 y 1.4 UI/mL respectivamente.

1. Grupo de Biotecnología, Universidad de Antioquia, Colombia. 2. Grupo de Procesos Físicoquímicos Aplicados, Universidad de Antioquia, Colombia. 3. Empresas Publicas de Medellín E.S.P., Colombia.

## TLO17. Diferencias en la capacidad replicativa de cepas de Virus Dengue serotipos 1 y 3 aislados en Medellín en poblaciones urbanas de *Aedes aegypti* recolectadas en la misma zona geográfica

Alexander Uribe-Yepes<sup>1</sup>, Carolina Quintero-Gil<sup>1</sup>, Francisco Díaz<sup>2</sup>,  
Marta Ospina<sup>3</sup>, Jorge Osorio<sup>4</sup>, Marlén Martínez-Gutierrez<sup>1,5</sup>

**Introducción.** El dengue es la enfermedad viral transmitida por vectores de mayor importancia en Colombia. La exitosa transmisión del Virus Dengue (DENV) depende en gran parte de múltiples factores en el vector (*Aedes aegypti*), definidos como competencia vectorial, algunos de los cuales favorecen la replicación viral en él.

**Objetivo general.** Evaluar la replicación de aislados clínicos de los serotipos 1 y 3 del DENV en poblaciones urbanas de mosquitos *Ae. Aegypti*.

**Metodología.** Mosquitos *Ae. aegypti* recolectados en zonas de alta y baja incidencia de Dengue de Medellín fueron infectados por vía oral con los serotipos 1 y 3 del DENV. 7, 14 y 21 días post-alimentación se realizó extracción de RNA total de los mosquitos infectados y posteriormente se realizó una cuantificación de RNA viral por RT-qPCR.

**Resultados.** Se encontró que los mosquitos de la colonia de baja incidencia replican de manera más eficiente ambos serotipos que los de alta incidencia. Adicionalmente el serotipo 1 de DENV se replica de manera más eficiente que el serotipo 3 en ambas poblaciones de mosquitos. Finalmente, la replicación viral aumenta de manera exponencial hasta el día 21 post-alimentación.

**Conclusiones.** Los resultados muestran replicación diferencial entre los serotipos 1 y 3 del DENV, lo que podría asociarse con un mayor riesgo de transmisión de algunos serotipos específicos. De igual manera la diferencia en la replicación viral entre las colonias de campo podría indicar variaciones en la competencia vectorial que pueden estar determinando el comportamiento epidemiológico de la enfermedad en la ciudad de Medellín.

1. Programa de estudio y control de enfermedades tropicales –PECEET, Universidad de Antioquia. 2. Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 3. Laboratorio Departamental de Salud de Antioquia, Medellín, Colombia. 4. School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin, Madison, WI, United States. 5. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

## TLO18. Análisis metagenómico para evaluar la estructura y funcionalidad microbiana de un termal ácido colombiano

Diego Javier Jiménez<sup>1,2</sup>, Fernando Dini Andreote<sup>3</sup>, Diego Chaves<sup>1</sup>,  
José Salvador Montaña<sup>1,2</sup>, Cesar Osorio-Forero<sup>1,4</sup>, Howard Junca<sup>1,4</sup>,  
María Mercedes Zambrano<sup>1,4</sup>, Sandra Baena<sup>1,2</sup>

**Introducción.** La comunidad microbiana en termales ácidos de alta montaña ha sido poco estudiada, estos ecosistemas extremos podrían ser fuente de nuevas especies, proteínas y/o rutas metabólicas.

**Objetivo general.** Analizar la estructura y funcionalidad de la comunidad microbiana presente en un termal ácido colombiano.

**Metodología.** Se colectaron 15 L de agua superficial en el termal “El Coquito”, ubicado en el Parque Natural Nacional Los Nevados. El ADN metagenómico extraído fue amplificado con la enzima phi29 y pirosecuenciado. La asignación taxonómica y funcional se realizó utilizando diferentes bases de datos y el mapeo de genes involucrados en el ciclo del nitrógeno y del azufre se llevó a cabo con el programa MEGAN 4.0 y la base de datos KEGG.

**Resultados.** Se obtuvo un total de 53Mb de ADN secuenciado, algunos géneros como: *Acidiphilium*, *Thiomonas*, *Acidithiobacillus*, *Nitrosospira*, *Legionella* y *Thiobacillus* fueron los más abundantes, sin embargo, se detectaron secuencias de cianobacterias y micro-algas. Un total de 1,063 secuencias fueron mapeadas en el genoma de *Acidiphilium cryptum*, la mayoría fueron asociadas con trasposasas. Un análisis funcional mostro una gran proporción de secuencias involucradas en sistemas de reparación de ADN, probablemente debido a la alta radiación ultravioleta en el termal. El análisis del ciclo del nitrógeno indicó la presencia de genes involucrados en la reducción desasimilativa de nitrato y los genes mapeados en el ciclo del azufre indicaron la producción de adenilsulfato y sulfito.

**Conclusiones.** Se realizó una exploración metagenómica de la comunidad microbiana presente en un ecosistema extremo de agua dulce, asignando genes involucrados en metabolismo energético a taxones específicos.

1. Centro Colombiano de Genómica y Bioinformática de Ambientes Extremos (GeBiX), Bogotá, D.C., Colombia. 2. Unidad de Saneamiento y Biotecnología Ambiental, Departamento de Biología, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia. 3. Departamento de Ciencia de Suelos, Escuela Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidad de São Paulo, Brasil. 4. Genética Molecular, Grupo de Ecología Microbiana, Corporación CorpóGen, Bogotá, D.C., Colombia. Contacto: email: djimenez1909@gmail.com

## TLO19. Estudio de microorganismos, perfiles de resistencia y terapia antibiótica empírica aplicada en pacientes con Neumonía Asociada a la Ventilación Mecánica (NAV) de la Unidad de Cuidados Intensivos Adultos (UCI-A) del Hospital Universitario de Santander (ESE – HUS)

Juliana Monsalve Sarmiento<sup>1</sup>, Agustín Vega Vera<sup>2</sup>

**Introducción.** La NAV es una infección nosocomial significativa en las UCIs, con alta mortalidad a causa de microorganismos multirresistentes. La diferenciación de colonización e infección, el conocimiento de microorganismos prevalentes, de sus perfiles de resistencia y las terapias empíricas adecuadas, son claves para el manejo exitoso de los pacientes.

**Objetivo general.** Diferenciar colonización e infección en pacientes con ventilación mecánica, con más de 48 horas de estancia en UCI y cultivos de secreción bronquial positivos. Obtener datos de microorganismos y perfiles de resistencia prevalentes. Establecer la concordancia entre el tratamiento empírico y el antibiograma.

**Metodología.** Estudio descriptivo retrospectivo. Se recolectaron datos de historias clínicas de pacientes de la UCI entre septiembre de 2011 y enero de 2012. Los datos se organizaron y procesaron en el programa Microsoft Office Excel 2010.

**Resultados.** Se incluyeron 30 pacientes. En el 20% de estos se confirmó NAV mediante criterios de vigilancia epidemiológica, el 80% restante se clasificó como colonización. El 36% de las bacterias aisladas eran multirresistentes. Los microorganismos prevalentes fueron *P. aeruginosa* (28%), *A. baumannii* (17%), *K. pneumoniae* (15%), entre otros. *P. aeruginosa* multirresistente, fue el principal causante de NAV. Solo en uno de los aislamientos bacterianos la terapia empírica coincidió con el antibiograma.

**Conclusiones.** Existe mayor porcentaje de colonización que de infección en pacientes con ventilación mecánica de la UCI del HUS. Los porcentajes de resistencia son altos comparándose con otros estudios a nivel nacional. Los tratamientos empíricos no coincidieron con el reporte del antibiograma, posiblemente por desconocimiento de microorganismos y perfiles de resistencia prevalentes en la UCI.

1. Estudiante Bacteriología y Laboratorio Clínico (Prácticas Profesionales II - Último semestre), Universidad Industrial de Santander. 2. M.D Infectología, Hospital Universitario de Santander. Profesor universitario, Universidad Industrial de Santander.

## TLO20. Concepciones y manejo de algunas enfermedades foráneas en indígenas Embera Chamí de Riosucio Caldas: Diabetes, dislipidemias, parasitismo intestinal y anemia

Rivera Yennifer, Cardona Jaiberth

**Introducción.** La OMS fomenta la interculturalidad en salud como fundamento del bienestar individual y colectivo; ésta es relevante, puesto que en las comunidades indígenas ha aumentado la frecuencia de enfermedades foráneas para las cuales la medicina indígena no presenta opciones diagnósticas-terapéuticas.

**Objetivo general.** Comprender algunas representaciones sociales sobre enfermedades foráneas relacionadas con el objeto de estudio de Microbiología y Bioanálisis en indígenas Embera Chamí.

**Metodología.** Teoría fundamentada en 22 participantes, a cada uno se le realizaron entrevistas para codificación abierta, axial y selectiva, transcritas totalmente con análisis hermenéutico. Se aplicó credibilidad, auditabilidad, transferibilidad, saturación de categorías, triangulación investigativa, metodológica y teórica y análisis comparativo constante.

**Resultados.** La medicina indígena cataloga las enfermedades como propias, de base espiritual, cuando obedecen a desequilibrios entre el hombre y la deidad, la naturaleza o los alter ego; mientras que las foráneas obedecen al componente físico-biológico y están relacionadas con los cambios en los estilos de vida, el mestizaje y la pérdida de identidad y arraigo cultural. En esta investigación se abordan las concepciones, diagnóstico y manejo de enfermedades foráneas como diabetes, dislipidemias, parasitismo intestinal y anemia, las cuales evidencian la necesidad de articulación de las medicinas tradicional y occidental; además, se explicitan algunos roles de los microbiólogos y bioanalista en la proyección social de su objeto de estudio en este tipo de comunidades.

**Conclusiones.** Las concepciones sobre enfermedades foráneas reflejan la migración de conceptos de la medicina occidental a la tradicional. Las representaciones sociales, optimizan las acciones sanitarias, por integrar lo sociocultural.

Universidad de Antioquia – Grupo de investigación Salud y Sostenibilidad

## TLO21. Evaluación de la capacidad de reducción de cromo (VI) por *Bacillus cereus*, aislado de aguas residuales de una curtiembre

Alexander Ramírez Ramírez<sup>1</sup>, Neyla Benítez Campo<sup>2</sup>

**Introducción.** Los metales pesados por ser agentes no degradables y de alta demanda en la industria, son objeto de estudio, siendo el vertimiento de desechos con cromo uno de los principales problemas a resolver al alterar el equilibrio ecológico, por sus efectos tóxicos en la biota y en la salud humana.

**Objetivo general.** Evaluar el potencial de microorganismos preadaptados en aguas contaminadas con cromo para transformar el Cr+6 a formas menos tóxicas y verificar su eficiencia biorremediadora.

**Metodología.** A partir de aguas residuales de una curtiembre se aislaron y seleccionaron microorganismos resistentes al contaminante, utilizando el método de concentración mínima inhibitoria (CMI=[5-8000] ppm de Cr+6). Con la cepa más tolerante, se montaron bioensayos en medio LB a 10, 30, 50 y 100 ppm de Cr+6, incubados a 30°C, bajo agitación constante, donde se monitoreó la concentración de Cr+6 y la biomasa bacteriana en función del tiempo.

**Resultados.** Se aislaron 3 cepas bacterianas (B1, B2 y B3) y una levadura (L1), siendo la cepa B1 identificada como *Bacillus cereus*, la más resistente al metal pesado. Se encontró que la remoción total de Cr+6 en solución por este microorganismo, se llevó a cabo en 9, 34, 50 y 82 horas cuando la concentración inicial del contaminante fue de 10, 30, 50 y 100 ppm respectivamente.

**Conclusiones.** Estos resultados sugieren que *Bacillus cereus* tiene la capacidad de incrementar eficientemente la velocidad de remoción de Cr+6 y resistir altas concentraciones del contaminante.

1. Biólogo. Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología Ambiental. Universidad del Valle. 2. Docente. Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología Ambiental. Universidad del Valle.

## TLO22. Colonización nasal por *Staphylococcus aureus* sensible a meticilina (SASM) y resistente a meticilina (SARM) en población pediátrica proveniente de la comunidad en la ciudad de Medellín, 2011

Erika A. Rodríguez Tamayo<sup>1</sup>, Alex F. Cañas Jamioy<sup>1,2</sup>, Andres Giraldo Fonnegra<sup>1,2</sup>, Santiago L. Atehortua Muñoz<sup>3</sup>, Sigifredo Ospina<sup>3</sup>, Margarita M. Correa Ochoa<sup>1</sup>, Judy Natalia Jiménez Quiceno<sup>1</sup>

**Introducción.** La colonización por *Staphylococcus aureus* juega un papel importante en la patogénesis y en las infecciones causadas por este microorganismo. Recientemente se ha observado un aumento de las infecciones por *S. aureus* asociadas a la comunidad, sin embargo, el papel de la colonización en este tipo de infecciones es controversial.

**Objetivo general.** Caracterizar la colonización nasal por *S. aureus* (SASM-SARM) en población pediátrica proveniente de hogares infantiles de Medellín 2011.

**Metodología.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal. Un total de 200 niños de 0 a 5 años fueron evaluados en ambas fosas nasales. *S. aureus* fue identificado usando métodos fenotípicos convencionales. La caracterización molecular incluyó tipificación del SCC<sub>mec</sub>, del gen regulador accesorio agr y la detección de genes de factores de virulencia.

**Resultados.** Del total de niños evaluados, 74(37%) estaban colonizados por *S. aureus*, 68 (34%) correspondieron a SASM y 6(3%) a SARM. De las cepas SARM, una llevaba el tipo SCC<sub>mec</sub> IVc y el agr I, cinco cepas fueron no tipificables y llevaban el agr I o III. Adicionalmente, no se detectaron los genes para los factores de virulencia evaluados. En los aislamientos de SASM, se detectaron con mayor frecuencia el gen agr I y el gen seb.

**Conclusiones.** Se encontró una alta prevalencia de colonización nasal por *S. aureus* en niños de hogares infantiles de la ciudad, así mismo se evidenció la presencia de SARM. Lo anterior demuestra la gran capacidad de diseminación de esta bacteria y el posible riesgo de desarrollar infecciones en esta población.

1. Grupo Microbiología Molecular Universidad de Antioquia, 2. Estudiante de Microbiología y Biotecnología Universidad de Antioquia, 3. Hospital Universitario San Vicente de Paul.

## TLO23. *Rattus norvegicus* como indicador de la circulación de *Capillaria hepatica* y *Cysticercus fasciolaris* en la plaza minorista de Medellín, Colombia

Biviana Andrea Duque Agudelo<sup>1</sup>, Piedad Agudelo-Florez<sup>2</sup>, Diego Aranzazu<sup>2</sup>, Juan D. Rodas<sup>1</sup>

**Introducción.** *Rattus norvegicus* cumple un papel epidemiológico en el mantenimiento y dispersión de agentes zoonóticos bacterianos, virales y parasitarios de interés en salud pública. La presencia de infección por helmintos en especies de *Rattus* cercanos a poblaciones susceptibles en condiciones ambientales propicias, puede convertirse en un factor de riesgo de transmisión.

**Objetivo general.** Reportar la frecuencia de infección de los helmintos *Capillaria hepatica* y *Cysticercus fasciolaris* (*Taenia taeniaeformis*) en ratas silvestres (*R. norvegicus*) capturadas en una zona urbana de la ciudad de Medellín.

**Metodología.** Los hígados de 54 *Rattus* que presentaron hallazgo macroscópico de lesión hepática durante la necropsia, fueron examinados por histopatología convencional.

**Resultados.** Los hígados de 51 (94,4%) roedores estaban infestados con *C. hepatica* y a seis de ellos (11,1%) se les detectó adicionalmente formas larvales de *C. fasciolaris*. Los cambios morfológicos ocasionados por *C. hepatica*, exhibían parásitos en el estadio adulto o juvenil y huevos ovalados con opérculos bipolares, asociados con hepatitis granulomatosa leve a moderada y acompañada por infiltrado leucocitario. Se observaron lesiones granulomatosas en resolución y fibrosis residual o calcificadas conteniendo huevos. Donde se encontró *C. fasciolaris*, el hallazgo más frecuente fue quistes hepáticos que contenían larvas y lesiones inflamatorias y fibróticas.

**Conclusiones.** Estos resultados indican que helmintos de potencial zoonótico circulan en *R. norvegicus* de ambientes urbanos. Debe investigarse la verdadera distribución de estos parásitos, para determinar el riesgo potencial que corren las poblaciones animales y humanas susceptibles de adquirir este tipo de infecciones.

1. Grupo Centauro, Docente Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. 2. Instituto Colombiano de Medicina Tropical - CES. Contacto: bivianaduque@gmail.com

## TLO24. Levantamiento de un mapa de distribución de fasciolosis y evaluación de tres estrategias para su control en zonas del trópico alto antioqueño

Catalina Gómez<sup>1,2</sup>, Natalia Valencia<sup>1</sup>, Erika Valencia<sup>1,2</sup>, Román Martínez<sup>1</sup>, Luz E Velásquez<sup>1,2</sup>

**Introducción.** Fasciolosis es una enfermedad transmitida por vectores de mayor distribución mundial, relacionada con el potencial colonizador de *Fasciola hepatica* y sus moluscos hospederos. Emergente en 51 países. En Antioquia afecta bovinos lecheros desde hace un siglo; faltan programas para prevención y control. Urge demostrar la magnitud del problema para motivar acciones que reduzcan la enfermedad.

**Objetivo general.** Establecer la distribución de fasciolosis bovina en el trópico-alto-andino Antioqueño y evaluar estrategias para control y prevención.

**Metodología.** Muestreo estratificado, no aleatorizado, de bovinos en 10 municipios; recolección de moluscos e identificación. Georeferenciación. Construcción de modelos y mapas predictivos para riesgo espacio-temporal de fasciolosis. Instauración de estrategias para control en predios con focos de fasciolosis. Evaluación cuantificando huevos del digéneo en heces y moluscos, mensualmente.

Desarrollo de propuestas para el control de fasciolosis en 4 instituciones educativas rurales (IER).

**Resultados.** Amplia distribución geográfica de la parasitosis y sus moluscos vectores. Wb-bs mostró que los episodios “La Niña” la favorecen. Se estableció la presencia de *Lymnaea columella* y *L. schirazensis* en hatos infectados. Maestros de las IER desarrollan propuestas educativas que fomentan el desarrollo local.

**Conclusiones.** Fasciolosis bovina: enfermedad desatendida en Antioquia. Departamento con mayor área en riesgo para focos de fasciolosis bovina. COI permite asignar el estatus taxonómico de *Lymnaea schirazensis*. Las IER desconocen problemáticas en salud, asociadas con prácticas agropecuarias. En el diseño de los programas educativos no participa la comunidad. Campañas de prevención para control de fasciolosis deben diseñarse con los afectados, asegurando su adaptación a cada predio y la implementación simultánea.

1. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales – PECET. Sede de Investigación Universitaria. 2. Grupo de Microbiología Ambiental/ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

## TLO25. *Brucella canis* y su potencial zoonótico en criaderos caninos de Antioquia

Laura Castrillón, Miryan Margot Sánchez Jiménez, Carlos Andrés Giraldo, Martha Olivera Ángel

**Introducción.** *Brucella canis* causa problemas reproductivos en caninos y es una zoonosis. En Antioquia hemos reportado presencia de anticuerpos y aislamiento bacteriano en caninos y en humanos.

**Objetivo general.** Establecer los factores de riesgo para brucelosis canina, en caninos y humanos convivientes, en dos tipos de criaderos.

**Metodología.** Se analizaron 11 criaderos urbanos y 9 rurales, en el área metropolitana y oriente antioqueño. Se realizó una encuesta de factores de riesgo. Se tomaron muestras de sangre para la prueba de aglutinación rápida en placa con 2β-mercaptoetanol (2ME-PARP) y hemocultivo, a 428 perros y 91 humanos convivientes. Los datos se procesaron por análisis bivariado con el programa SPSS ver.18.

**Resultados.** 15% de los caninos fueron positivos por 2ME-PARP y 12,6% por hemocultivo. 9,9% de los humanos fueron positivos por 2ME-PARP y ninguno por hemocultivo. Los factores de riesgo caninos encontrados ( $p < 0,05$ ;  $OR > 1$ ;  $IC_{95\%}$ ) fueron: la dificultad de aseo de los caniles ( $OR = 2,2$ ), historial de seropositividad canina a *B. canis* ( $OR = 7,6$ ), historial de aborto ( $OR = 13,1$ ) y conservar los caninos seropositivos ( $OR = 3,5$ ). Como factores protectores ( $p < 0,05$ ;  $OR < 1$ ;  $IC_{95\%}$ ) se encontraron: la realización de la prueba serológica previa al servicio reproductivo ( $OR = 0,33$ ) y la ubicación rural de los criaderos ( $OR = 0,00$ ). En humanos se encontró como factor protector la convivencia con caninos de criaderos rurales ( $OR = 0,83$ ).

**Conclusiones.** *Brucella canis* es un agente de fácil transmisión y permanencia en caninos de criaderos urbanos, aumentando el riesgo zoonótico debido a las malas prácticas de manejo.

Grupos Vercial y Biogénesis. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad de Antioquia. Contacto: miryan.sanchez@gmail.com.

## TLO26. Efecto antimicrobiano y citotóxico de extractos de propóleo de Santander obtenidos por diferentes métodos frente a *Enterococcus faecalis*

Laura Viviana Herrera Sandoval<sup>1</sup>, Laura Fernanda Neira Fuentes<sup>2</sup>, Julio R. Pinzón<sup>3</sup>,  
Adriana Victoria Herrera Becerra<sup>4</sup>, Marcos Humberto Psciotti Ortega<sup>4</sup>,  
Otoniel Ramos Monsalve<sup>4</sup>, José Antonio Soto Salcedo<sup>4</sup>

**Introducción.** Los productos de origen natural, entre ellos los extractos (EN), constituyen una fuente de compuestos activos para el tratamiento de enfermedades tropicales. El propóleo es una mezcla compleja de resinas y ceras que usan las abejas como materia prima para la construcción y reparación de sus colmenas. Actualmente se estudian sus propiedades biológicas como antimicrobiano, antiinflamatorio, antitumoral, antioxidante e inmunomodulador.

**Objetivo general.** Evaluar la actividad antimicrobiana de tres extractos etanólicos de propóleo de Santander obtenidos por diversos métodos sobre cepas de *Enterococcus faecalis*.

**Metodología.** El propóleo crudo fue recolectado en los apiarios de la finca Santa Teresa ubicados en Lebrija, Santander. Tres extractos etanólicos fueron obtenidos por maceración, extracción asistida por ultrasonido y extracción con Soxhlet y su composición analizada usando HPLC. La actividad antimicrobiana fue evaluada por el método de dilución en tubo. La citotoxicidad fue evaluada en tres líneas celulares y determinada por el método de MTT. Los resultados fueron analizados por regresión lineal y expresados en  $CI_{50}$  y  $CI_{90}$ .

**Resultados.** Los extractos obtenidos por diversos métodos mostraron cromatogramas idénticos. Los tres extractos fueron activos frente a *E. faecalis* ( $CI_{50}$  entre 0.49 y 1.89  $\mu\text{g}/\text{mL}$ ). La citotoxicidad en células de mamífero fue 20  $\text{mg}/\text{mL}$ , con  $IS > 3$ .

**Conclusiones.** Los extractos evaluados mostraron potente actividad selectiva contra *E. faecalis*. Estudios adicionales para aislar componentes individuales y determinar su actividad están en curso.

1. Bacteriología y lab. Clínico; MSc. en ciencias básicas y biomédicas; docente Posgrados Odontología Universidad Santo Tomás. 2. Bacteriología y Lab. Clínico Universidad Industrial de Santander. 3. Químico, PhD; docente facultad química ambiental Universidad Santo Tomás. 4. Odontólogos, Endodoncistas Universidad Santo Tomás.

## TLO27. Los cuatro serotipos del Virus Dengue se replican diferencialmente en células de mosquito y de mamífero

Carolina Quintero Gil<sup>1</sup>, Luisa F. Arbeláez García<sup>1</sup>, Marta Ospina<sup>2</sup>, Marlén Martínez-Gutierrez<sup>1,3</sup>

**Introducción.** La eficiente circulación del Virus Dengue (DENV) entre el mosquito vector y el huésped susceptible es un factor determinante para el desarrollo de la enfermedad, pero no existen estudios que comparen el comportamiento del DENV en células derivadas del vector y de huéspedes mamíferos.

**Objetivo general.** Evaluar diferencias en la replicación y en el efecto sobre la viabilidad celular de cepas de referencia y aislados clínicos de los cuatro serotipos del DENV en células C6/36 (insecto) y VERO (mamífero).

**Metodología.** Las células fueron infectadas con DENV y desde el día 2 hasta el día 14 post-inoculación se comparó la replicación viral y la viabilidad celular por medio de un test estadístico de U Mann-Whitney.

**Resultados.** DENV-2 y DENV-4 causaron una menor pérdida de viabilidad celular, en VERO y C6/36 respectivamente. Las cepas de referencia afectan en mayor grado la viabilidad en VERO; mientras que los aislados afectaron más la viabilidad en C6/36. En VERO infectadas con las cepas de referencia se encontró que DENV-2 fue el serotipo que se replicó de manera más eficiente y DENV-1 fue quien presentó una menor replicación. En C6/36 infectadas con aislados clínicos la replicación de DENV-2 fue la más eficiente y la de DENV-3 la menos eficiente. Finalmente las cepas de referencia mostraron diferencias en el patrón de placa, mientras que ninguno de los aislados clínicos indujo la formación de placas.

**Conclusiones.** En los dos tipos de células, el serotipo 2 se replicó con mayor eficiencia, lo que podría estar favoreciendo la transmisión más efectiva de este serotipo.

1. Programa de estudio y control de enfermedades tropicales –PECET, Universidad de Antioquia. 2. Laboratorio Departamental de Salud de Antioquia. 3. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Contacto: [mMartinez@udea.edu.co](mailto:mMartinez@udea.edu.co)

## TLO28. Actividad antiparasitaria de extractos naturales de la familia Euphorbiaceae contra *Trypanosoma cruzi*, *Leishmania*

Diana Moreno<sup>1</sup>, Sandra Leal<sup>1</sup>, Elena Stashenko<sup>2</sup>, Patricia Escobar<sup>1</sup>

**Introducción.** El tratamiento de las enfermedades tropicales como la enfermedad de Chagas y la leishmaniasis requieren fármacos cuyos protocolos de medicación presentan reacciones adversas y efectividad variable. La diversidad en la flora Colombiana representa una opción promisoriosa para el descubrimiento de nuevas moléculas bioactivas con actividad antiparasitaria.

**Objetivo general.** Evaluar la actividad de extractos de la familia *Euphorbiaceae* contra *T. cruzi*, *Leishmania* y sus respectivas células hospederas.

**Metodología.** Extractos (E1) y (E2) fueron obtenidos de la planta *Croton* sp, en el marco del proyecto CENIVAM, en el departamento de Meta, Colombia. Amastigotes intracelulares de *T. cruzi* (Silvio-X10), *L. panamensis* (MHOM/PA/71/LS94), *L. braziliensis* (ATCC 2936) y células de mamífero (THP-1 y Vero) fueron tratados con diluciones seriadas (3,7-100 µg/mL) de los extractos y los medicamentos de referencia (Anfotericina B y Nifurtimox). La actividad fue expresada como la concentración que inhibe (CI) o destruye (CC) el 50 y 90% de parásitos o células.

**Resultados.** Los extractos fueron activos contra los parásitos mostrando una actividad de CI50 de 17,67-37,97 µg/mL en *T. cruzi*. y CI50 de 13,01-41,41 µg/mL en *L. panamensis* y *L. braziliensis*. La toxicidad fue de CC50 24,86-46,66 µg/mL para células Vero y CC50 91,91 µg/mL en células THP-1. Los valores CC90 fueron mayores a 100 µg/mL.

**Conclusiones.** Extractos naturales obtenidos de la planta *Croton* sp, recolectadas en el territorio colombiano mostraron actividad contra las formas intracelulares de los parásitos estudiados presentado niveles bajos o nulos de toxicidad en sus células hospederas.

1. Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales CINTROP, Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Industrial de Santander. 2. Centro de Investigación en Biomoléculas (CIBIMOL, CENIVAM), Escuela de Química, Universidad Industrial de Santander.

## TLO29. *Streptococcus agalactiae* con sensibilidad a eritromicina y resistencia a clindamicina en una ciudad de Argentina: caracterización genotípica de la resistencia y la relación clonal de los aislamientos

Bonofiglio L.<sup>1</sup>, Zavala A.<sup>1</sup>, Cittadini R.<sup>2</sup>, Vay C.<sup>1,2</sup>, Gutkind G.<sup>1</sup> y Mollerach M.<sup>1</sup>

**Introducción.** *Streptococcus agalactiae* es una causa importante de sepsis neonatal y de infecciones en gestantes y adultos inmunocomprometidos siendo la penicilina la droga de elección para el tratamiento y profilaxis de las enfermedades producidas por este microorganismo. Sin embargo, en pacientes alérgicos a la penicilina se debe utilizar eritromicina o clindamicina. El fenotipo de resistencia a lincosamidas (fenotipo L) se atribuye al gen *lnuB*, que codifica una lincosamidas nucleotidil transferasas, aún poco frecuente en esta especie

**Objetivo general.** Caracterizar genotípicamente aislamientos de *S. agalactiae* con fenotipo L.

**Metodología.** Aislamientos recuperados de hisopados vaginales y rectales de mujeres embarazadas (n=3) y de una lesión de glande (n=1) con fenotipo L. Mediante PCR se exploró la presencia de los genes *ermB*, *mef* y *lnuB*. El entorno del *lnuB* fue estudiado mediante Tail-PCR y secuenciación. El análisis de clonalidad fue realizado mediante PFGE utilizando las enzimas *SmaI* y *ApaI*.

**Resultados.** En todos los aislamientos fue detectada la presencia del gen *lnuB* (n=4). La secuencia del mismo y su entorno comprendió 2021 nucleotidos y mostró identidad con una región del plásmido pEF418 de *Enterococcus faecium*. El análisis de los pulsotipos sugiere que los 4 aislamientos están clonalmente relacionados.

**Conclusiones.** La información obtenida hasta el momento nos permite sugerir que el plásmido o elementos móviles de *E. faecium* se habrían transferido a *S. agalactiae* y además, la emergencia detectada se debería, al menos en parte, a la diseminación de un clon portador del gen *lnuB*.

1. Universidad de Buenos Aires. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Cátedra de Microbiología. Buenos Aires, Argentina. 2. Sanatorio Mater Dei. 3. Universidad de Buenos Aires. Hospital de Clínicas José de San Martín.

## TLO30. Fermentación de Lactosuero por la cepa probiótica *Lactobacillus casei* LAFTI L26

Lisett Vanesa Wilches Lopez<sup>1,2</sup>, Juan David Montoya Agudelo<sup>2</sup>, Karina Edith Motato Rocha<sup>1</sup>

**Introducción.** Lactosuero subproducto de la industria quesera, representa alrededor del 85-95% del volumen de leche y retiene el 55% de nutrientes de la misma, posee un poder contaminante de 40.000 a 50.000 mg/L en DBO en aguas. Esta investigación propone, la utilización de lactosuero como medio de cultivo para la obtención biomasa probiótica con *Lactobacillus casei* LAFTI L26.

**Objetivo general.** Evaluar la cinética de crecimiento, consumo de lactosa, glucosa galactosa y la producción de ácido láctico de la cepa "*Lactobacillus casei* LAFTI L26" en lactosuero no suplementado.

**Metodología.** *Lactobacillus casei* LAFTI L26, se inoculó en 10 g/L de lactosuero, a temperatura de 37°C±2 y agitación 150 RPM, monitoreando constantemente pH. El crecimiento se determinó por el recuento en placa en MRS, el consumo de glucosa, galactosa y lactosa, junto con la producción de ácido láctico fueron cuantificados con cromatografo Agilent Technologies 1200 y columna HPX-87H.

**Resultados.** La cinética de crecimiento revela que el mayor recuento se presenta a las 10 horas de fermentación 1,00-E+14. La curva de acidificación muestra que el pH más bajo fue 4.2. La hidrólisis microbiana de los azúcares tuvo su punto más alto justo antes de la fase logarítmica y la producción de ácido láctico tuvo un reporte 0.1 g/L al final de la cinética de crecimiento, en el que se busca bajas productividades del metabolito secundario para la conservación de propiedades probióticas.

**Conclusiones.** Los resultados demuestran que *Lactobacillus casei* LAFTI L26 encuentra en el lactosuero un medio de cultivo para su crecimiento, biotransformándolo en productos de alto valor comercial.

1. Bacterióloga. Candidata MSc Microbiología y bioanálisis. Grupo Bio-Ali y Grupo Biotransformación. Universidad de Antioquia. 2. Estudiante Microbiología Industrial y Ambiental. Grupo Bio-Ali y Grupo Biotransformación. Universidad de Antioquia. 3. Profesional en Alimentos. MSc. Biotecnología. Grupo Bio-Ali. Universidad de Antioquia. Contacto: karygeisha@gmail.com



## TLO31. El efecto antiviral de extractos derivados de plantas de la Región Caribe Colombiana es selectivo dependiendo de la cepa viral y la línea celular evaluada

Hernández-Castro Carolina<sup>1</sup>, Carrascal-Medina Moisés<sup>2</sup>, Díaz-Castillo Fredyc<sup>2</sup>, Martínez-Gutierrez Marlén<sup>1,3</sup>

**Introducción.** La falta de tratamiento específico contra el dengue ha convertido la búsqueda de potenciales antivirales (fármacos licenciados o productos naturales) contra el Virus Dengue (DENV) como una prioridad de investigación en salud.

**Objetivo general.** Determinar la actividad antiviral de doce extractos obtenidos a partir de plantas de la Región Caribe Colombiana en dos líneas celulares (VERO y U937) infectadas con dos cepas de DENV serotipo 2.

**Metodología.** Se calcularon los Índices de Selectividad (IS) de los extractos basados en la Concentración Citotóxica 50 (CC<sub>50</sub>) y la Concentración Efectiva 50 (CE<sub>50</sub>) (IS: CC<sub>50</sub>/CE<sub>50</sub>). Todas las infecciones se realizaron con las cepas de referencia Nueva Guinea (NG) y 16681 pertenecientes a DENV-2.

**Resultados.** Los extractos menos tóxicos fueron *Tabernaemontana arborea* (CC<sub>50</sub>: 2970.7 ug/mL) y *Trichilia hirtia* (CC<sub>50</sub>: 1040.8 ug/mL) para VERO y U937, respectivamente. Los extractos más efectivos en VERO fueron *Momordica charantia* para NG (CE<sub>50</sub>: 125.0 ug/mL) y 16681 (CE<sub>50</sub>: 250.0 ug/mL) y en U937 fueron *Trichilia hirta* para NG (CE<sub>50</sub>: 159,5 ug/mL) y *Momordica charantia* para 16681 (CE<sub>50</sub>: 250.0 ug/mL). Los extractos más efectivos en la inhibición de NG fueron *Cassia grandis* en VERO (IS: 34.4) y en U937 (IS: 41.7) y los más efectivos en la inhibición de la cepa 16681 fueron *Tabernaemontana arborea* en VERO (IS: 127.0) y en U937 (IS: 9.8). Finalmente los IS más altos en VERO se obtuvieron con *Tabernaemontana arborea* mientras que para U937 los IS más altos se obtuvieron con *Psidium guajava* y *Tabernaemontana arborea*.

**Conclusiones.** Estos datos indican que la efectividad de los extractos es selectiva dependiente de la cepa viral y de la línea celular evaluada.

1. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales – PECET, Universidad de Antioquia. 2. Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas (LIFFUC), Universidad de Cartagena-Hospital Universitario del Caribe. 3. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Contacto: mMartinez@udea.edu.co

## TLO32. Patrones de restricción ITS2 en *Anopheles triannulatus* s.l. del noroccidente y sureste de Colombia e infectividad natural por *Plasmodium* spp.

Doris A. Rosero<sup>1</sup>, Natalí Álvarez<sup>1</sup>, Nelson J. Naranjo<sup>1</sup>, Giovan F. Gómez<sup>1</sup>, Margarita M. Correa<sup>1</sup>.

**Introducción.** *Anopheles triannulatus* s.l. es un complejo de al menos tres especies crípticas y ha sido encontrado infectado con *Plasmodium* spp. en Brasil y Venezuela. En Colombia se desconoce su estatus taxonómico y su papel como vector de la malaria.

**Objetivo general.** Evaluar la taxonomía molecular de *An. triannulatus* s.l. y determinar su infectividad natural por *Plasmodium* spp.

**Metodología.** Se utilizó una estrategia de PCR-RFLP-*AluI* basada en el marcador molecular espaciador interno transcrito 2-ITS2 y las pruebas de ELISA y PCR para la determinación de infección por *Plasmodium* spp.

**Resultados.** En 510 especímenes recolectados en tres localidades del noroccidente-NO (n:210) y tres localidades del sureste-SE (n:300) del país, se encontraron dos patrones de restricción. Un patrón había sido reportado en especímenes de San Pedro de Urabá-Antioquia y estuvo presente en el NO y el SE; el otro patrón estuvo restringido al SE. La diferencia en los patrones se debió a inserciones y deleciones en la secuencia ITS2. Los resultados de infectividad mostraron que un espécimen del NO estaba infectado con *Plasmodium falciparum*.

**Conclusiones.** El hallazgo de diferentes patrones ITS2 en *An. triannulatus* s.l. sugiere la importancia de realizar estudios de taxonomía molecular empleando otros marcadores, para esclarecer si existen diferentes linajes o especies del complejo en Colombia. Los resultados de infección natural en *An. triannulatus* s.l. constituyen el primer reporte para esta especie en el país y demuestran la necesidad de evaluar su papel en la transmisión, en regiones endémicas.

1. Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

### TLO33. Una molécula tipo Bromotirosina derivada de la esponja marina *Verongula rigida* inhibe la infección por Virus Dengue serotipo 2 en monocitos humanos

Luisa F. Arbeláez García<sup>1</sup>, Elkin Galeano<sup>2</sup>, Olivier P. Thomas<sup>3</sup>,  
Alejandro Martínez<sup>2</sup>, Marlén Martínez<sup>1</sup> Gutierrez<sup>1,4</sup>

**Introducción.** Las esponjas marinas son fuente de moléculas con efecto antimicrobiano. Aunque se ha reportado el efecto antiviral de algunas de ellas, no hay estudios que demuestren su efecto sobre la replicación del Virus Dengue (DENV), uno de los virus transmitidos por artrópodos de mayor importancia en el mundo.

**Objetivo general.** Determinar el efecto de la molécula tipo bromotirosina (Aeroplisinina1) derivada de la esponja marina *Verongula rigida* del Urabá Antioqueño, sobre la replicación del DENV serotipo 2.

**Metodología.** La molécula fue aislada mediante cromatografía líquida de alta presión y caracterizada por resonancia magnética nuclear y espectrometría de masas. El efecto citotóxico y antiviral se evaluó sobre una línea celular derivada de monocitos humanos (U937). Utilizando una concentración no tóxica (15µM) se evaluó el efecto sobre diferentes momentos del ciclo replicativo viral mediante tres esquemas experimentales: PRE-tratamiento, TRANS-tratamiento y POST-Tratamiento A las 24 horas post-infección se recolectaron los sobrenadantes y se hizo cuantificación absoluta del número de copias genómicas por RT-qPC para, las cuales fueron comparadas con una test de *t*-Student.

**Resultados.** Cuando la molécula fue puesta antes de la infección (PRE-tratamiento) no se encontraron diferencias con respecto al control sin tratamiento; pero cuando el tratamiento fue puesto de manera conjunta con el virus (TRANS-tratamiento) se encontró una inhibición del 50% y cuando la molécula fue puesta después de la infección viral (POST-tratamiento) la inhibición fue del 74%.

**Conclusiones.** La molécula Aeroplisinina1 tiene un efecto virucida contra DENV y adicionalmente, afecta los pasos posteriores a la entrada del virus a la célula hospedera U937, por lo que podría considerarse como un potencial antiviral.

1. Programa de estudio y control de enfermedades tropicales PECET. 2. Grupo de Productos Naturales Marinos, Universidad de Antioquia. 3. Laboratoire de Chimie des Molécules Bioactives et des Arômes, Université de Nice-Sophia Antipolis, France. 4. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

### TLO34. Evaluación de las enzimas celulolíticas producidas por hongos nativos mediante fermentación en estado sólido a partir de residuos agrícolas de cosecha de caña de azúcar fragmentados mecánicamente y pre-tratados con organosolventes

Janneth Escudero Agudelo<sup>1</sup>, Oscar Yesid Mora Muñoz<sup>2</sup>, Zunny Tatiana Daza Merchán<sup>3</sup>, Nicolás Gil Zapata<sup>4</sup>

**Introducción.** Los residuos agrícolas de cosecha de caña de azúcar (RAC), se constituyen en una materia prima alternativa para la producción de etanol carburante, dado su contenido de celulosa superior al 40%. El aprovechamiento de la celulosa, depende de la aplicación de tratamientos fisicoquímicos o bioquímicos, que permitan la liberación de la glucosa y su posterior utilización en procesos fermentativos. La hidrólisis enzimática de estos residuos requiere un complejo celulolítico producido por microorganismos, comprendido por tres actividades enzimáticas: endoglucanasas, exoglucanasas y β-glucosidasas.

**Metodología.** En el presente estudio, se evaluaron las enzimas celulolíticas producidas por dos hongos nativos del género *Aspergillus* spp., CH 2016 y CH 2001, mediante procesos de fermentación en estado sólido utilizando como sustrato RAC pre-tratados con organosolventes y sin pre-tratar.

**Resultados.** La cepa CH 2016 presentó la mayor actividad endoglucanasa 11,0773 U/mL en el sustrato sin pre-tratar el día 7 de fermentación; esta misma cepa, en el sustrato pre-tratado presentó la mayor actividad exoglucanasa (0,042 U/mL) y celulosa total (0,287 UPF/mL) en el día 5 de fermentación. La cepa CH 2001 presentó la mayor actividad β-glucosidasa (0,1778 U/mL) en el sustrato sin pre-tratar el día 5 de fermentación.

**Conclusiones.** Se observó que las variables sustrato y tiempo de fermentación, inciden en la expresión de las enzimas celulolíticas por lo tanto se establecieron las condiciones mínimas de fermentación que permitan obtener extractos enzimáticos para llevar a cabo una acción hidrolítica sinérgica sobre la molécula de celulosa.

1. Estudiante de Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. janyudea12@gmail.com 2. Investigador en Microbiología, Programa Procesos de Fábrica, CENICANA. oymora@cenicana.org 3. Microbiología Industrial M.Sc, Programa Procesos de Fábrica, CENICANA. tdaaza@cenicana.org 4. Ingeniero Químico Ph.D. Director Programa Procesos de Fábrica, CENICANA. ngil@cenicana.org

## TLO35. Bacterias silvestres productoras de polihidroxicanoatos como una alternativa para el tratamiento de aguas residuales domésticas

Otero Ramírez Iván Darío<sup>1</sup>, Fernández Izquierdo Pablo<sup>2</sup>

**Introducción.** Los polihidroxicanoatos (PHAs) son polímeros biodegradables de gran interés en el campo industrial y biomédico. Por esta razón, el objetivo de este estudio fue evaluar bacterias silvestres productoras de PHAs como alternativa para el tratamiento de aguas residuales domésticas (ARD).

**Metodología.** Se aislaron bacterias del río Pasto utilizando agar Plate Count con glucosa y azul nilo. Se evaluó la producción de PHAs en medio sintético y el polímero obtenido se caracterizó por CG y GC-MS. El aislado con mejores rendimientos se caracterizó mediante RNAr 16s. Finalmente, se determinó el efecto de factores nutricionales y operacionales en la remoción de la materia orgánica de ARD utilizando bacterias productoras de PHAs en un sistema de fermentación continua con bioreactores de 2L.

**Resultados.** Se obtuvieron 44 aislados, de estos se caracterizó el aislado E1M10 como *Bacillus subtilis*, el cual, produjo hasta 5,24g/L-1 de P(3HB) a partir de glucosa. Así mismo, se removió el 94,63% de la materia orgánica presente en las ARD y se determinó que factores como KCl, Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, ZnCl<sub>2</sub> y aireación inciden significativamente en el proceso; además, como subproducto del tratamiento se recuperó 0,111g/L-1 de PHAs.

**Conclusiones.** Factores como la baja concentración de oxígeno y el estrés por efluentes contaminados con Cr(VI) promueven el establecimiento de bacterias productoras de PHAs ya que, el polímero posiblemente contribuya en la reducción del Cr(VI). El tratamiento de ARD con bacterias silvestres productoras de PHAs es una alternativa promisoría para la recuperación de ambientes y obtención de un biopolímero de interés industrial.

1. Investigador grupo en Biotecnología Microbiana, Universidad de Nariño. ivra636@gmail.com 2. Doctor en Ciencias Biológicas Área Microbiología. Director del grupo de investigación en Biotecnología Microbiana. Universidad de Nariño. Contacto: pabfde@gmail.com

## TLO36. Determinación y cuantificación de bacterias sulfato-reductoras presentes en biofilms asociados a campos de producción petrolera usando PCR en tiempo real

Oscar Enrique Torres Montaguth<sup>1</sup>, Genis Andrés Castillo Villamizar<sup>2</sup>,  
Silvia Salgar Chaparro<sup>2</sup>, Jorge Hernández Torres<sup>1</sup>

**Introducción.** La presencia de microorganismos en la superficie metálica modifica las condiciones fisicoquímicas del ambiente, acelerando la tasa deterioro de equipos y estructuras. Este fenómeno se conoce como Corrosión influenciada por microorganismos (MIC). Las bacterias sulfato-reductoras (BSR) han sido descritas como las principales responsables del fenómeno.

**Objetivo general.** El objetivo de este trabajo fue desarrollar un método basado en PCR en tiempo real para determinar la presencia y cuantificar BSR presentes en biofilms asociados a campos de producción petrolera.

**Metodología.** Sistemas de monitoreo fueron ubicados en 5 tanques de almacenamiento de petróleo. Se realizaron reconstrucciones en 3D de la superficie de los biocupones para analizar el daño ocasionado. Para la determinación y cuantificación de BSR, se usaron como blanco los genes que codifican las enzimas sulfato reductasa (*dsrA*) y adenosin-5'-fosfato reductasa (*apsA*). Para cada uno de los dos set blanco se utilizaron dos set de primers.

**Resultados.** Las curvas estándar para los dos genes presentaron un rango lineal entre 1x10<sup>2</sup> y 1 x10<sup>7</sup> copias/μL con un coeficiente de correlación superior a 0.98 (R>0,98). El set de primers RH3-dsr-F/RH3-dsr-R detectó el mayor número de BSR en todos los casos y el cual presentó una relación con el daño ocasionado en la superficie de los tanques.

**Conclusiones.** El uso de PCR en tiempo real para determinación de bacterias sulfato-reductoras demostró ser una herramienta rápida y sensible para analizar las comunidades de BSR presentes en biofilms asociados a campos de producción petrolera.

1. Centro de Investigación en Biotecnología Industrial y Biología Molecular. Universidad Industrial de Santander. 2. Corporación para la investigación de la Corrosión.

## TLO37. Actividad bactericida *in vitro* de nuevos Beta-aminoalcoholes sintéticos, sobre algunas bacterias Gram negativas y Gram positivas patógenas

Mary Carabali Isajar<sup>1</sup>, Natalia Duque Achipiz<sup>1</sup>, Neyla Benítez Campo<sup>2</sup>,  
Rodrigo Abonia<sup>3</sup>, Juan Carlos Castillo<sup>3</sup>

**Introducción.** Las patologías bacterianas afectan a casi todos los organismos vivos, y a pesar de que se han desarrollado antimicrobianos para su control; infortunadamente el abuso de antibióticos y la adaptabilidad genética bacteriana, producen organismos multirresistentes. Por ello, es necesario evaluar nuevos compuestos con potencial antimicrobiano.

**Objetivo general.** En este estudio se evaluó la actividad antibacteriana de nuevos β-aminoalcoholes, y algunos de sus derivados de deshidratación sobre bacterias Gram negativas y Gram positivas.

**Metodología.** Se evaluaron 9 β-aminoalcoholes, 4 alilaminas y 7 β-aminoéteres, siendo las alilaminas y los β-aminoéteres derivados de los β-aminoalcoholes. Esta actividad se determinó mediante la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) y la Concentración Mínima Bactericida (CMB) por medio del método de dilución en caldo, empleando concentraciones de 2000, 1000, 500, 250 y 125 ppm para cada compuesto. Las sustancias fueron evaluadas sobre *P. aeruginosa*, *E. coli*, *K. pneumoniae*, *S. typhimurium*, *S. aureus*, *B. cereus* y *E. faecalis*.

**Resultados.** Se observó que *S. typhimurium* y *B. cereus* fueron las bacterias más afectadas por 15 y 7 compuestos evaluados, respectivamente y *P. aeruginosa* y *E. faecalis* las menos sensibles, afectadas por 5 y 3 compuestos respectivamente. Se destaca el compuesto S8 por inhibir la totalidad de las cepas Gram negativas con CMI y CMB de 250 y 500ppm y el compuesto S10 en Gram positivas con CMI y CMB de 125 y 250ppm.

**Conclusiones.** Se encontró que los β-aminoalcoholes, presentaron inhibición tanto en bacterias Gram-negativas como en Gram-positivas, lográndose CMIs entre 250 y 2000 ppm y CMBs entre 500 a 2000 ppm; las bacterias Gram-negativas fueron las más sensibles.

1. Estudiante de Biología, Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología Ambiental, Universidad del Valle. 2. Docente Departamento de Biología, Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología Ambiental, Universidad del Valle. 3. Departamento de Química, Grupo de Investigación de Compuestos Heterocíclicos, Universidad del Valle.

## TLO38. Análisis del proteoma de células de mamífero infectadas con cepas de referencia de virus dengue serotipo 2

Ángela Martínez-Betancur<sup>1</sup>, Marlén Martínez-Gutiérrez<sup>1,2</sup>

**Introducción.** El Virus Dengue es el agente causal del Dengue y Dengue Grave. Para mejorar la comprensión de la interacción virus-hospedero es importante determinar las proteínas celulares cuya expresión se altera como producto de la infección.

**Objetivo general.** Comparar la expresión de proteínas de células de mamífero infectadas con cepas virales de Dengue y Dengue Grave.

**Metodología.** Se infectaron cultivos de células VERO y U937 con una cepa de Dengue o de Dengue Grave. Las proteínas de cada cultivo fueron separadas mediante electroforesis bidimensional para comparar el proteoma expresado bajo cada condición. Las proteínas que tuvieron una expresión diferencial fueron identificadas mediante espectrometría de masas.

**Resultados.** En células VERO infectadas con Dengue o Dengue Severo se encontraron 9 y 7 proteínas con expresión diferencial respectivamente y al comparar entre los dos virus se encontraron 23 proteínas. Entre ellas se encuentran proteínas involucradas en actividad antioxidante, plegamiento de proteínas, citoesqueleto y metabolismo de carbohidratos como la proteína disulfuro isomerasa, calreticulina, Hsp-70, actina, anexina, piruvato quinasa y proteínas de unión a ácidos grasos, entre otras. En células U937 infectadas con Dengue o Dengue Severo se encontraron 11 y 9 proteínas con expresión diferencial respectivamente, y al comparar entre los dos virus se encontraron 18 proteínas. Entre ellas se encuentran proteínas involucradas en plegamiento de proteínas, transducción de señales, corte y empalme de RNA como tubulina, fosfolipasa C, ribonucleoproteína, entre otras.

**Conclusiones.** La infección de células de mamífero con una cepa de Dengue o Dengue Grave modifica diferencialmente la expresión de algunas proteínas celulares, las cuales pueden facilitar/evitar el desarrollo de la infección.

1. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales – PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 2. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

## TLO39. Análisis molecular del conjunto completo de genes y proteínas del sistema de regulación de dos-componentes (TCSs) de *Streptococcus pneumoniae*

Alejandro Gómez<sup>1,2,3</sup>, Gustavo Gámez<sup>1,2,3</sup>, y Sven Hammerschmidt<sup>1</sup>

**Introducción.** La adherencia, colonización y diseminación en el hospedero, mediadas por factores de virulencia, representan etapas importantes en la patogénesis bacteriana. La habilidad de las bacterias para adaptarse a diferentes nichos se correlaciona con su capacidad para regular genes de virulencia mediante sistemas de señalización de dos-componentes (TCSs) que censan y responden estímulos ambientales. Estudios recientes demuestran que los TCSs bacterianos están organizados en circuitos complejos con conectividad extensiva a diferentes niveles.

**Objetivo general.** Analizar molecularmente los TCSs del neumococo y dilucidar circuitos de regulación involucrados con virulencia.

**Metodología.** Las 13-histidina-quinasas (HKs) y los 14-reguladores de respuesta (RRs) del neumococo han sido identificados y analizados para dilucidar conexiones transcripcionales y de fosfo-transferencia entre ellos. Análisis bioinformáticos realizados para estas 27-proteínas del neumococo sugieren una red de transducción de señales compleja. Los sitios activos y dominios funcionales han sido analizados y como resultado se ha confirmado funcionalidad de las proteínas. Pero sorpresivamente, en algunas se han detectado variaciones en secuencia que las categorizan como no-funcionales. Los 27-genes *hkr-rs* han sido clonados para producir proteínas recombinantes y analizar sus perfiles de fosfo-activación. Asimismo, la construcción de neumococos- $\Delta tcs$ -mutantes genéticos se ha iniciado para realizar los correspondientes análisis proteómicos, y evaluar el impacto de los TCSs en la patogénesis neumocócica, utilizando modelos de fagocitosis y de infección en ratones.

**Conclusiones.** Los resultados obtenidos en este trabajo, permitirán desarrollar mapas completos de interacciones comprensibles para las vías TCSs del neumococo, lo cual proporcionará un mejor entendimiento de los mecanismos de regulación génica de este patógeno humano.

1. Departamento de Genética de los Microorganismos, Instituto de Genética y Genómica Funcional, Universidad de Greifswald, D-17487 Greifswald, Alemania. 2. Escuela de Microbiología, 3. Grupo de Genética de Poblaciones, Mutacarcinogénesis y Genética Epidemiológica, Sede de Investigación Universitaria (SIU), Universidad de Antioquia, 050010 Medellín, Colombia.

## TLO40. PavB es una adhesina de *Streptococcus pneumoniae* que contribuye a la colonización de la nasofaringe y a la infección de las vías respiratorias

Inga Jensch<sup>1,2\*</sup>, Gustavo Gámez<sup>1,2,3,4\*</sup>, Michael Rothe<sup>5</sup>, Sandra Ebert<sup>6</sup>, Marcus Fulde<sup>7</sup>, Daniela Somplatzki<sup>5</sup>, Simone Bergmann<sup>2,5</sup>, Lothar Petruschka<sup>1</sup>, Manfred Rohde<sup>7</sup>, Roland Nau<sup>8</sup>, y Sven Hammerschmidt<sup>1,2,5</sup>

**Introducción.** PavB es una proteína de superficie identificada recientemente mediante análisis genómico de *Streptococcus pneumoniae*, cuya característica principal es la presencia de repeticiones SSURE (Streptococcal-Surface-Repeats) con capacidad para interactuar con proteínas humanas.

**Objetivo general.** Caracterizar la proteína PavB estructural y funcionalmente.

**Metodología.** La presencia, conservación y distribución del gen *pavB* ha sido demostrada mediante Dot-Blot y PCR en 450 cepas y aislados clínicos utilizados. El número real de repeticiones SSURE ha sido estimado para seis cepas de neumococos de laboratorio, la secuencia completa de *PavB* ha sido publicada en GenBank (NCBI, acceso No. FN547057), se ha generado un modelo estructural para dicha proteína y su regulación se ha asociado con la acción del TCS08 del neumococo. En experimentos de interacción, se ha demostrado que *PavB* puede unir fibronectina y plasminógeno de forma dosis dependiente y, en ratones infectados intranasalmente con neumococos *PavB* deficientes.

**Resultados.** Se observó (1) incremento en la supervivencia, (2) retraso en la transmigración hacia los pulmones y (3) tasas de colonización reducidas. En experimentos de co-infección, los neumococos wild-type desplazaron a los *pavB*-mutantes y en infecciones de células epiteliales se demostró que *PavB* contribuye a la adherencia. Finalmente, experimentos de bloqueo demostraron que PavB actúa como una adhesina, lo cual la convierte en un factor de colonización importante para el neumococo y con propiedades inmunogénicas, como lo demostró su reacción con el suero humano.

**Conclusiones.** PavB es una nueva adhesina de superficie del neumococo que contribuye a la colonización e infección de las vías respiratorias en humanos.

1. Departamento de Genética de los Microorganismos, Instituto de Genética y Genómica Funcional, Universidad de Greifswald, D-17487 Greifswald, Alemania. 2. Instituto Max von Pettenkofer, Universidad Ludwig-Maximilians de Munich, D-80336 Munich, Alemania. 3. Escuela de Microbiología y 4. Grupo de Genética de Poblaciones, Mutacarcinogénesis y Genética Epidemiológica, Sede de Investigación Universitaria (SIU), Universidad de Antioquia, 050010 Medellín, Colombia. 5. Centro de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Würzburg, D-97070 Würzburg, Alemania. 6. Departamento de Neurología, Universidad de Göttingen, D-37073 Göttingen, Alemania. 7. Departamento de Patogénesis Microbiana, Centro Helmholtz para la Investigación de la Infección, D-38124 Braunschweig, Alemania. 8. Departamento Geriátrico, Hospital Evangélico de Göttingen-Weende, D-37075 Göttingen, Alemania. \*Autores con igual contribución en el trabajo. Jensch, Gámez, et al. 2010. *Molecular Microbiology* 77(1):22-43

## TLO41. Formulación y evaluación de nanoemulsiones con actividad biocida sobre microorganismos fitopatógenos

E. Escobar-Chaves<sup>1</sup>, L. Lavalett<sup>3</sup>, H. Casanova<sup>2</sup>, S. Ordúz<sup>3</sup>

**Introducción.** En la agricultura colombiana, cultivos como tomate, papa, maíz, hortalizas entre otros, presentan infecciones causadas por fitopatógenos bacterianos así como por hongos filamentosos. La nano-biotecnología brinda la posibilidad de generar productos novedosos que poseen actividad biocida y que pueden ofrecer soluciones efectivas para el control de los fitopatógenos y a su vez minimizar el impacto de plaguicidas y productos químicos.

**Objetivo general.** Formular y evaluar nanoemulsiones elaboradas con aceites vegetales y ácidos grasos, que permitan el control de microorganismos fitopatógenos.

**Metodología.** Las formulaciones definidas como A, B y C, se prepararon a partir de aceites grado comercial y grado reactivo de canola, maíz, macadamia, maní, girasol, palma, algodón y oliva, utilizando dos metodologías de homogenización: alta cizalla y alta presión, determinando su actividad biocida y sus propiedades coloidales (i.e. tamaño de partícula y potencial Z). Las nanoemulsiones se evaluaron frente a tres cepas bacterianas (*Xanthomonas* sp., *Erwinia* sp. y *Pseudomonas* sp.) y cinco cepas fúngicas (*Fusarium* sp., *Botrytis* sp., *Colletotrichum* sp., *Rhizoctonia* sp. y *Alternaria* sp.), el efecto biocida se evaluó midiendo la concentración mínima inhibitoria (C.M.I.) y el tiempo mínimo de exposición (T.M.E.), enfrentando la nanoemulsión con el microorganismo a tres tiempos (5, 10 y 15 min) y tres concentraciones (5%, 10% y 15%). Las nanoemulsiones con actividad biocida más eficiente, se observaron mediante microscopía electrónica de transmisión, para evidenciar el daño celular.

**Resultados.** Las formulaciones B y C de las emulsiones de aceites de macadamia, maíz, girasol y canola, preparadas por el método de emulsificación jet, evidenciaron la mayor actividad biocida, siendo más efectivas frente a *Xanthomonas* sp., *Erwinia* sp., *Fusarium* sp., *Botrytis* sp., *Colletotrichum* sp., *Alternaria* sp. Se observó a través de la microscopía electrónica de transmisión daños en la pared y membrana celular, tanto para hongos como bacterias. No se observaron diferencias significativas en la bioactividad de las formulaciones elaboradas con aceites grado reactivo y aceites comerciales.

**Conclusiones.** Los resultados de esta investigación son el primer reporte del uso de nanoemulsiones en el control de microorganismos fitopatógenos y su correlación con las propiedades coloidales y mecanismos de acción sobre la estructura celular.

1. Unidad de Fitosanidad y Control Biológico, Corporación para Investigaciones Biológicas, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín. 2. Grupo de coloides, Instituto de química, Facultad de ciencias exactas y naturales, Universidad de Antioquia, Medellín. 3. Escuela de Biociencias, facultad de ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.

## TLO42. Potencial biofertilizante de bacterias diazotrofas aisladas de muestras de suelo rizosférico

Laura Moreno Rozo<sup>1</sup>, Fabián Galvis Serrano<sup>2</sup>

**Introducción.** Las bacterias promotoras del crecimiento vegetal son capaces de adaptarse, colonizar y persistir en la rizosfera de la planta favoreciendo su crecimiento y desarrollo.

**Objetivo general.** Aislar bacterias diazotrofas a partir de muestras de suelo con su posterior identificación mediante técnicas bioquímicas y moleculares. Comprobar el efecto biofertilizante de los aislados en plantas de maíz.

**Metodología.** Se aislaron bacterias diazotrofas utilizando medios selectivos libres de nitrógeno y se caracterizaron bioquímicamente con el sistema BBL CRYSTAL. Los aislados se identificaron por PCR empleando cebadores específicos para *Stenotrophomonas maltophilia*, *Azotobacter vinelandii* y *Burkholderia cepacea*. Se evaluó el efecto biofertilizante de los aislados identificados por PCR en plantas de maíz.

**Resultados.** Se aislaron 32 cepas de bacterias diazótroficas a partir de muestras de suelo rizosférico de diferentes cultivos, identificadas usando medios selectivos y BBL CRYSTAL. Se comprobó la identificación bioquímica con PCR determinando 9 aislados como *S. maltophilia* y 1 como *A. vinelandii*, de los cuales 3 tuvieron correspondencia en la identificación bioquímica y molecular. En el análisis del efecto biofertilizante en plantas de maíz, los aislados M8-10, M10-1 y M11-3 identificados como *S. maltophilia* por PCR, presentaron mejores resultados en germinación de semillas, diámetro del tallo y longitud de hojas y tallos.

**Conclusiones.** El ensayo aplicado para la evaluación de la capacidad de algunos aislados con respecto a la promoción del crecimiento vegetal, permitió evidenciarlos como potenciales biofertilizantes, lo cual será comprobado en un posterior estudio a nivel de invernadero, con posibilidades de ser aplicados en campo en cultivos de interés agronómico.

1. Laura Yolima Moreno Rozo: Microbióloga, Universidad de Pamplona, Colombia. Magíster Biotecnología de Microorganismos, Universidad de los Andes, Venezuela. Docente investigadora Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia. Grupo de Investigación en Ciencias Biológicas "Majumba". 2. Fabián Galvis Serrano: Biólogo, Universidad Industrial de Santander, Colombia. Magíster Producción Vegetal, Universidad Experimental del Táchira, Venezuela. Profesor e investigador de la Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia.

## TLO43. Estudios cinéticos de chalconas sobre la enzima $\beta$ -Lactamasa y evaluación del potencial inhibitorio de la combinación Chalcona - $\beta$ -Lactámico en aislamientos clínicos resistentes de *Enterobacter cloacae*

Julián Castaño Z.<sup>1</sup>, Cristina L. Mora A.<sup>1</sup>, María C. Jaramillo F.<sup>1</sup>

**Introducción.** La resistencia bacteriana se ha presentado desde antes de la introducción de la penicilina en la práctica clínica, provocando un gran número de fracasos terapéuticos y un problema de salud pública. De los mecanismos de resistencia, el más extendido e importante es la destrucción del anillo  $\beta$ -lactámico, el cual es mediado por la enzima  $\beta$ -lactamasa.

**Objetivo general.** Evaluar la capacidad inhibitoria sobre la enzima  $\beta$ -lactamasa para dos chalconas que presentan diferentes sustituyentes.

**Metodología.** La evaluación se realizó por medio de estudios cinéticos de inhibición y determinación de la concentración mínima inhibitoria (CMI) sobre aislamientos clínicos resistentes de *Enterobacter cloacae* con la combinación Chalcona–Antibiótico.

**Resultados.** La hidrólisis de la enzima  $\beta$ -lactamasa sobre la ampicilina presentó una tasa de reacción de 0,0004875 ( $\mu\text{M}/\text{min.}$ ) y un  $K_m$ : 10,53 ( $\mu\text{M}$ ), la inhibición de la enzima  $\beta$ -lactamasa se obtuvo con cada una de las chalconas evaluadas con rangos de velocidad de reacción de 0.00043 – 0.00083 ( $\mu\text{M}/\text{min}$ ) y un  $K_m$  de 24 a 32 ( $\mu\text{M}$ ), resultados óptimos al confrontarlos con el inhibidor de referencia Tazobactam el cual presentó un  $K_m$ : 33,79 ( $\mu\text{M}$ ). La evaluación sobre *Enterobacter cloacae* productor de  $\beta$ -lactamasa, otorgó una CMI para la combinación de referencia Nitrocefina-Tazobactam de 14 (mM), para la de Nitrocefina-Chalcona de 28 (mM) y la restauración de la capacidad antibiótica del Nitrocefina sobre el microorganismo evaluado.

**Conclusiones.** Al comparar los resultados obtenidos por Tazobactam con las chalconas evaluadas, se postula que estas presentan actividad inhibitoria sobre  $\beta$ -lactamasa.

<sup>1</sup> Grupo de Investigación en Sustancias Bioactivas, Facultad de Química Farmacéutica, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: [cjulian@gmail.com](mailto:cjulian@gmail.com)

## TLO44. Expresión del proteoma intracelular de la cepa nativa *Clostridium* sp. IBUN 158B en dos fases de crecimiento y bajo condiciones de producción de 1,3 propanodiol

Natalia Beatriz Comba González<sup>1</sup>, Andrés Felipe Vallejo Pulido<sup>2</sup>,  
Myriam Sánchez de Gómez<sup>2</sup>, Dolly Montoya Castaño<sup>1</sup>

**Introducción.** La producción de biodiesel genera subproductos como el glicerol, compuesto que termina siendo un producto de desecho, debido a los altos costos de su purificación. Por tal razón, se están desarrollando tecnologías alternativas para su aprovechamiento, tales como la fermentación microbiana para producir compuestos de alto valor agregado como el 1,3 propanodiol (1,3-PD).

**Objetivo general.** Con miras a mejorar el proceso de síntesis biotecnológica de 1,3-PD, se evaluó la expresión de las proteínas intracelulares de la cepa nativa *Clostridium* sp. IBUN 158B, en dos fases del crecimiento bacteriano (fase de latencia y final de la fase de crecimiento exponencial), bajo condiciones de producción de 1,3-PD.

**Metodología.** Se realizó un análisis proteómico mediante electroforesis bidimensional. Los geles obtenidos fueron analizados y con base en los resultados, se escogieron treinta “spots” de proteína para ser identificados por espectrometría de masas en tandem, utilizando el método de mapeo peptídico.

**Resultados.** Se encontraron diferencias en la expresión de proteínas entre las dos fases de crecimiento evaluadas. Las proteínas identificadas están implicadas en procesos de biosíntesis de aminoácidos y nucleótidos, de transcripción y traducción, así como en el metabolismo de azúcares y carbono; se encontraron también chaperonas y enzimas importantes en la síntesis de 1,3-PD.

**Conclusiones.** El análisis proteómico arrojó diferencias en cuanto a la expresión de proteínas en las dos fases de crecimiento, durante la síntesis de 1,3-PD. La información generada es un aporte novedoso y contribuye en la búsqueda de mecanismos que favorezcan la producción biotecnológica de 1,3-PD a nivel industrial.

<sup>1</sup> Grupo de Bioprocesos y Bioprospección, Instituto de Biotecnología. <sup>2</sup> Grupo de Investigación en Hormonas, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. Contacto: [natalia.comba@gmail.com](mailto:natalia.comba@gmail.com)

## TLO45. Susceptibilidad de bacterias entéricas Gram negativas aisladas de infecciones asociadas al cuidado de la salud en un hospital de tercer nivel de la ciudad de Cali, durante los años 2007-2008.

Mónica Chávez<sup>1</sup>, Martha Cecilia Salaza<sup>2</sup>, Cristina E. Cabrera<sup>3</sup>,  
Romel F. Gómez<sup>4</sup>, Christian J. Pallares<sup>5</sup>

**Objetivo general.** Identificar las bacterias Gram negativas aisladas de infecciones intrahospitalarias de un hospital de tercer nivel, de la ciudad de Cali y el tipo de antibióticos a los cuales están haciendo resistencia e inferir el principal mecanismo de resistencia que está predominando.

**Metodología.** Los datos del antibiograma se obtuvieron de 1899 aislamientos de bacterias entéricas Gram negativas de la familia *Enterobacteriaceae* y no fermentadoras de lactosa.

**Resultados.** Los aislados más frecuentes fueron *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Proteus mirabilis* con resistencia variable a  $\beta$ -lactámicos con excepción a los carbapenemes, las no fermentadoras *Pseudomona aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* presentaron resistencia simultánea a  $\beta$ -lactámicos (incluido imipinem), aminoglucósidos, quinolonas y susceptibilidad a meropenem.

La resistencia simultánea a cefoxitina, cefalosporinas de tercera generación, inhibidores de  $\beta$ -lactamasa y sensibilidad a cefepime en *P. mirabilis*, *E. aerogenes*, *C. freundii* y *K. pneumoniae* probablemente se deba a  $\beta$ -lactamasa tipo AmpC. La resistencia a las cefalosporinas de tercera y cuarta generación, aztreonam y a los inhibidores de  $\beta$ -lactamasas en los aislados de *E. coli*, *P. aeruginosa*, *E. cloacae*, *C. freundii*, *M. morgani* y *K. pneumoniae*, nos sugiere una resistencia mediada por BLEE.

**Conclusiones.** La elevada resistencia a aminoglucósidos, inhibidores del ADN y producción de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido, estaría relacionado con el uso indiscriminado de estos antibióticos dentro del hospital. De la interpretación del antibiograma se puede inferir los mecanismos de resistencia subyacentes, permitiendo no sólo orientar el tratamiento antibiótico, sino predecir cuales antibióticos no serían apropiados, teniendo en cuenta el mecanismo subyacente más probable.

1. Profesor Investigador Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Libre seccional Cali, Grupo de Investigación GIMMEIN. Profesor titular Universidad Santiago de Cali. monikebarez@gmail.com 2. Investigador asociado, Bacteriología Clínica Rafael Uribe Uribe. 3. Profesor Asociado Facultad de Salud, Área de Ciencias Básicas, Universidad Libre seccional Cali, Grupo de Investigación GIMMEIN. Profesor Asociado Facultad de Salud, Departamento de Microbiología, Universidad del Valle. 4. Profesor asociado Facultad de Salud, Área de Ciencias Básicas, Universidad Libre seccional Cali, Grupo de Investigación GIMMEIN. 5. Investigador asociado. Director del Comité de Enfermedades Infecciosas del Hospital Departamental Evaristo García.

## TLO46. Determinación de integrones clase I, II, III y cassette genético aadA2 en cepas de Staphylococcus Coagulasa Negativa

Ángela Y. Rivera Molina, Vivian V Rubio, Mayra A Vargas Rojas,  
Jeannette Navarrete Ospina, Gladys Pinilla Bermúdez, Liliana C Muñoz Molina

**Introducción.** Los *Staphylococcus coagulasa negativa* (SCN), presentan un mecanismo de resistencia causado por la incorporación de elementos genéticos móviles, denominados integrones; quienes poseen una región 5' con el gen *intI*, el cual dependiendo de su secuencia los clasifica como integron I, II, III, y el extremo 3' contiene dos genes (*SulI*) confiere resistencia a sulfonamidas y (*qacE $\Delta$* ) a amonio cuaternario, los extremos están separados por una zona variable que inserta genes cassettes de resistencia.

**Objetivo general.** Determinar la presencia de los genes de las integrasas clase 1, 2, 3, *sulI*, *qacE $\Delta$* , y cassette genético *aadA2* en cepas de SCN causantes de sepsis neonatal.

**Metodología.** Se estudió en 73 cepas de SCN, la presencia de los genes *IntI* I, II, III, *sulI* y *qacE $\Delta$*  mediante PCR Multiplex; el cassette genético *aadA2* que confiere resistencia a aminoglucósidos se identifica por PCR convencional y mediante Long PCR se observa el tamaño de la región variable.

**Resultados.** Se estandarizó, PCR Multiplex, Convencional y Long PCR, en bacterias Gram positivas. Se identificaron genes *intI* I (483pb), *sulI* (378pb) y *qacE $\Delta$*  (215pb) en 58 cepas (79.5%) y se confirma el Integron 1 completo con Long PCR; 4 cepas (5,5%) presentaron el gen *sulI*, y 2 cepas (2,7%) tenían los genes *intI* y *SulI*, 9 cepas (12.3%) no presentaron los genes de estudio. El gen con mayor frecuencia fue el *SulI* (87%). No se observó el gen *aadA2* en las cepas estudiadas.

**Conclusiones.** La presencia de integrones, en las cepas evidencia la transferencia horizontal entre grupos bacterianos filogenéticamente diferentes.

1 Bacteriología, Grupo de investigación REIMA Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia. Contacto: angeym@gmail.com



## TLO47. Diversidad de la comunidad Archeal basada en librerías del gen 16S rRNA en dos campos petroleros continentales colombianos

Oriana Danuta Serna-Daza<sup>1</sup>, Genis Andrés Castillo-Villamizar<sup>2</sup>, Jorge Hernández-Torres<sup>1</sup>

**Introducción.** La diversidad de las comunidades microbianas asociadas a aguas de producción petroleras ha sido poco investigada en Sur América. Algunas investigaciones evalúan la composición de las comunidades bacterianas pero ninguno se ha centrado en Archaea.

**Objetivo general.** El Valle del Magdalena Medio es una región prolífica en producción de hidrocarburos. Sin embargo, nada se conoce sobre la riqueza de las comunidades microbianas asociadas a esta cuenca.

**Metodología.** La comunidad archaeal y su diversidad en las aguas de producción de los campos petroleros Cira (F1) y Casabe (F2) en Colombia fueron caracterizados mediante análisis de secuencias del gen 16S rRNA.

**Resultados.** Un total de 54 clones fueron identificados por búsquedas en las bases de datos, consistiendo de 12 filotipos: Euryarchaeota (Methanosarcinales, Methanomicrobiales, Methanobacteriales y Methanococcales) y Crenarchaeota (Thermoprotei). Methanosaeta fue el género predominante en las librerías con 50% y 46% para F1 y F2, respectivamente. Diferencias significativas en la composición de la comunidad fueron calculadas entre los campos ( $P < 0.002$ ). Las librerías mostraron baja diversidad, con la mayoría de los clones pertenecientes al Phylum Euryarchaeota. Un nuevo filotipo no cultivable del género Thermoprotei fue detectado.

**Conclusiones.** Los resultados de este trabajo proveen un conocimiento primario de la composición de la comunidad archaeal de los campos petroleros en Colombia.

1. Laboratorio de Biología Molecular (CINBIN), Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Apartado Aéreo 678, Bucaramanga, Colombia. 2. Corporación para la Investigación de la Corrosión (CIC), Km 2, vía Refugio, Sede Investigaciones UIS-Guatiguará, Piedecuesta, Colombia.

## TLO48. Caracterización microbiológica y clínica de la infección por bacterias anaerobias, en pacientes evaluados en el laboratorio de bacteriología anaerobia de la Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, entre enero de 2010 y junio de 2011

Mariluz Giraldo García<sup>1</sup>, Margarita M. Correa Ochoa<sup>2</sup>, Patricia Sierra Viana<sup>3</sup>, Clara L. Salazar González<sup>4</sup>

**Introducción.** La mayoría de infecciones por bacterias anaerobias son endógenas y polimicrobianas debido a que estos microorganismos son el mayor componente de la microbiota humana. En nuestro medio poco se ha estudiado sobre la frecuencia y tipo infecciones producidas por bacterias anaerobias.

**Objetivo general.** Caracterizar la infección por bacterias anaerobias en pacientes evaluados en el Laboratorio de Bacteriología Anaerobia entre enero de 2010 y junio de 2011.

**Metodología.** Se analizaron 117 muestras procedentes de pacientes hospitalizados en la IPS Universitaria Clínica León XIII, las muestras fueron procesadas y cultivadas en el Laboratorio de Bacteriología Anaerobia.

**Resultados.** El 28,2% de las muestras dieron un cultivo anaerobio positivo; en este grupo, el antecedente de trauma se presentó en el 69,7% ( $p=0,011$ ). Las infecciones de piel y tejidos blandos fue el diagnóstico más frecuente en los pacientes (48,5%), seguido de osteomielitis 36,4% ( $p=0,02$ ). El 87,9% de los cultivos fueron polimicrobianos con un número promedio de patógenos de  $2,06 \pm 1,19$ . La bacteria más frecuente fue *Bacteroides fragilis* (45%), seguido de *Peptostreptococcus* spp. (13%) y *Prevotella* spp. (10%). Todos los cultivos con aislamientos de bacterias del grupo *B. fragilis* ( $n=18$ ), presentaron crecimiento simultáneo de bacterias aerobias ( $p=0,012$ ), de las cuales, el 85,7% fueron bacilos Gram negativos con predominio de *E.coli* 19%.

**Conclusiones.** Los resultados evidencian una significativa participación de bacterias anaerobias en procesos infecciosos, frecuentemente de tipo polimicrobiano, donde los aerobios y anaerobios están involucrados. Similar a lo reportado en la literatura para otros países, *B. fragilis* fue la bacteria anaerobia más frecuentemente aislada.

1. Estudiante de Maestría en Microbiología y Bionálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 2. Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 3. Clínica León XIII, IPS Universitaria, Universidad de Antioquia. 4. Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias y Aerobias de importancia clínica (GIBAA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.