

-Trabajos libres- Presentaciones en póster



TLP01. Caracterización de bacterias que toleran la atrazina en suelos cultivados con caña de azúcar (*Saccharum officinarum*)

Montilla Eduvigis¹, Vargas Norma³, Van Hesteren Solange², Piña Xiomara⁴

Introducción. El control químico de malezas, se ha transformado en una herramienta poderosa para aumentar la productividad de los sistemas agrícolas. Sin embargo, el uso de sustancias químicas, aunque contribuye al propósito de mejorar los rendimientos, ha provocado en forma paralela una alerta ambiental, puesto que, el empleo de plaguicidas en elevadas concentraciones ha ocasionado una amplia dispersión en el ambiente produciendo graves efectos en suelos y cuerpos de agua. Ejemplo de esto es la Atrazina, el cual es un herbicida empleado para el control de maleza en cultivo.

Objetivo general. El objetivo de la investigación fue caracterizar bacterias que toleren atrazina, aisladas de suelos cultivados con Caña de azúcar.

Metodología. La metodología consistió en coleccionar suelos con y sin aplicación de herbicidas, con cultivo de un año de edad, para obtener una muestra compuesta. Se realizaron diluciones seriadas 10^{-2} , 10^{-4} 10^{-6} , a partir del líquido sobrenadante, se sembró en placas con Agar Nutritivo por el método de vaciado. La identificación se realizó a través de la galería de identificación API[®]20E. Para determinar la tolerancia, se agregó diferente dosis de atrazina al medio Agar nutritivo y 1×10^{-4} UFC bacterianas según escala de MacFarland

Resultados y conclusiones. Se logró aislar e identificar bacterias del género *Pseudomonas* sp y *Enterobacteria* sp, así como también comparar *in vitro* la tolerancia de las bacterias a tres dosis diferentes de Atrazina., se obtuvo de suelo no tratado con atrazina aislamientos de *Pseudomonas fluorescens* y de suelo tratado con atrazina *Enterobacteria* sp., resultando los aislamientos tolerantes a la concentración estudiada.

1. Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado, Decanato de Ciencia y Tecnología, Dpto. de Manufactura y Producción, Edo. Lara. 2. Universidad Politécnica Territorial Andrés Bello Blanco, Dpto. Sistema de la Calidad y Ambiente, Edo. Lara. 3. Universidad Politécnica Territorial Andrés Bello Blanco, Dpto. Sistema de la Calidad y Ambiente, Edo. Lara. 4. Universidad Politécnica Territorial Andrés Bello Blanco, Dpto. Sistema de la Calidad y Ambiente, Edo. Lara.

TLP02. Prevalencia de cloroquina en orina antes del diagnóstico parasitológico en pacientes con sospecha clínica de malaria en Tumaco, Nariño

Álvaro Lasso^{1,2}, Gustavo Díaz¹, Claribel Murillo¹

Introducción. Una de las principales causas para la aparición y diseminación de microorganismos resistentes ha sido la presión de selección por medicamentos. La disponibilidad de cloroquina en regiones endémicas favorece el uso inapropiado de este medicamento acrecentando la selección de parásitos resistentes.

Objetivo general. Explorar la prevalencia de cloroquina en orina en pacientes con sospecha clínica de malaria, como un indicador del consumo de antimaláricos antes del diagnóstico, estimando de esta manera la presión de selección a la cual se encuentra expuesto el agente causal.

Metodología. Entre mayo y julio de 2011, se colectó orina de pacientes con sospecha clínica de malaria en dos hospitales de Tumaco. Las muestras se obtuvieron previo consentimiento informado. Se recolectó información sociodemográfica. Para la detección de cloroquina se utilizó el método de Saker-Solomons. Las asociaciones entre variables sociodemográficas fueron evaluadas con la prueba exacta de Fisher.

Resultados. Se incluyeron 200 pacientes, de los cuales 36% (72/200) presentaron cloroquina en orina. No hubo asociación significativa entre ninguna de las variables observadas y el resultado positivo de Saker-Solomons. De 30 mujeres embarazadas el 43% (13/30) tenían cloroquina en orina. De los pacientes tamizados 4 tenían malaria, de estos uno estaba infectado con *Plasmodium falciparum* y había consumido cloroquina previamente.

Conclusiones. Se observó una alta prevalencia de pacientes con cloroquina en orina, lo cual puede estar favoreciendo la selección de parásitos resistentes a este medicamento en la zona.

1. Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). 2. Universidad del Valle, Facultad de Salud, Escuela de Bacteriología.

TLP03. Origen filogeográfico de *Helicobacter pylori* en dos poblaciones del suroccidente colombiano

Alvaro Pazos¹, Barbara Schneider², Carrie Shaffer², Luis E. Bravo³, Juan C. Caguazango¹, Pelayo Correa²

Introducción. *Helicobacter pylori* es considerado un carcinógeno tipo I, sin embargo una pequeña proporción de los individuos infectados desarrolla cáncer gástrico. Poblaciones de Nariño-Colombia presentan diferencias geográficas en la incidencia de cáncer gástrico a pesar de que las tasas de infección son similares. Se presume que este fenómeno pueden ser explicado de acuerdo al filogenotipo de las cepas de *Helicobacter pylori* que llegaron a las Américas con las migraciones humanas.

Objetivo general. Determinar el origen filogeográfico de *Helicobacter pylori* en dos poblaciones con riesgo contrastante de cáncer gástrico en el sur occidente de Colombia: Tumaco: bajo riesgo y Tuquerres: alto riesgo y determinar su asociación con lesiones precursoras de cáncer gástrico.

Metodología. Por tipificación de secuencias multilocus (MLST) de H pylori, caracterizamos siete genes housekeeping (*atpA*, *efp*, *mutY*, *ppa*, *trpC*, *ureI*, *ypbC*) de 64 aislados de *Helicobacter pylori*. La comparación de secuencias multilocus nos permitió establecer los patrones filogeográficos de *Helicobacter pylori* mediante el uso de los software Genious Pro 5.4.3 y Mega 5.0. Las lesiones precursoras de cáncer gástrico fueron determinadas según la escala análoga visual descrita por Dixon.

Resultados. El patrón filogeográfico Europeo (*hpEurope*) está presente en todas las cepas aisladas de pacientes de Túquerres, sin embargo, las cepas aisladas de sujetos de Tumaco se identifican con patrones filogeográficos *hspWAfrica*, *hspSAfrica* y *hpEurope*.

Conclusiones. El filogenotipo Europeo (*hpEurope*) no se ha descrito antes en afro descendientes del continente americano. No se encontró asociación entre el origen filogeográfico de *Helicobacter pylori* y las lesiones precursoras de cáncer gástrico.

1. Departamento de Biología, Universidad de Nariño, Pasto, Colombia. 2. Departamento de Gastroenterología, Hepatología y Nutrición, Universidad de Vanderbilt, Nashville, TN, USA. 3. Departamento de Patología, Universidad del Valle, Cali, Colombia.

TLP04. Hemodonación en estudiantes de pregrado: caracterización del perfil sociodemográfico

Isacaz Carlos¹, Salcedo-Cifuentes Mercedes², Isacaz Servio³

Introducción. Es indispensable caracterizar a las poblaciones antes de realizar intervenciones orientadas a lograr cambios actitudinales y comportamentales saludables a nivel individual y colectivo.

Objetivo general. Identificar el perfil sociodemográfico relacionado con hemodonación en estudiantes de pregrado de una universidad de Santiago de Cali.

Metodología. Aplicando una encuesta estructurada autoadministrada se realizó un estudio descriptivo de Conocimientos, Actitudes y Prácticas (CAP) en una muestra estratificada aleatorizada de 180 estudiantes de primero a sexto semestre de las facultades de Administración y Salud de una institución universitaria pública.

Resultados. Se encontró una diferencia significativa en la composición etaria de los grupos comparados ($p=0,00$), los cuales mostraron una razón mujer: hombre similar ($p>0,05$). No se observaron diferencias estadísticamente significativas para el estrato socioeconómico entre facultades pero si intrafacultad ($p<0,05$). Las prácticas en hemodonación mostraron un 65% de no donantes, 11,7% de donantes declinados y un 23,3% de donantes frecuentes y ocasionales; independientemente de la frecuencia, la práctica hemodonante fue mayor en la facultad de Salud (30%) que en la de Administración (17%) ($p=0,03$). La evidencia indicó una relación positiva entre nivel socioeconómico y estatus de donante, pese a que tales diferencias no fueron significativas ($p>0,05$). Se comprobaron diferencias significantes en el número de contactos hemodonantes entre las facultades de Salud ($\bar{X}=2,32$) y Administración ($\bar{X}=1,79$) ($p<0,05$).

Conclusiones. Las características de la población estudiada, predominantemente juvenil, demuestran que algunas circunstancias inherentes la formación disciplinar en pregrado condicionan los comportamientos, actitudes y prácticas en donación de sangre.

1. Contacto: isacaz@hotmail.com; isacaz@javerianacali.edu.co

TLP05. Crecimiento de la microalga *Chlorella* sp utilizando pulsos de CO₂ en un fotobiorreactor de 10 litros tipo columna de burbujeo

Lugo Catalina¹, Quevedo Catalina²

Introducción. Durante los últimos años se ha venido estudiando estrategias para reducir el CO₂ producido antropogénicamente, una alternativa interesante se basa en el empleo de microalgas para la fijación del CO₂ que es consumido por la microalga como fuente de carbono y utilizado en la producción de carbohidratos, lípidos y proteínas esenciales para el crecimiento (Chiu *et al*, 2008).

Objetivo general. Evaluar el crecimiento de la microalga *Chlorella* sp, utilizando pulsos de CO₂ puro en un fotobiorreactor de 10 litros tipo columna de burbujeo.

Metodología. Se emplea la microalga *Chlorella* sp, perteneciente al cepario del grupo de Bioprocesos de la Facultad de ingeniería, Universidad de Antioquia. Cultivada en columna de burbujeo de 10 litros, con una intensidad lumínica de $24.804 \pm 2.400 \mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$, fotoperíodo 12:12, temperatura de 26 ± 2 °C, pH de 5 al inicio del cultivo, suministro de aire constante con pulsos de CO₂ puro. Se realizan cuatro experimentos: sin pulsos, 3, 6 y 11 pulsos de CO₂ puro suministrados en el período diurno. Se miden la concentración de biomasa y el pH en el tiempo (Arredondo *et al*, 2007).

Resultados. Al aumentar el número de pulsos se incrementa la densidad celular, obteniéndose, 1.355 g/L sin pulsos (0.03 ppm de CO₂), 1.731 g/L para 3 pulsos, 2.295 g/L para 7 pulsos y 2.631 g/L para 11 pulsos de CO₂.

Conclusiones. El CO₂ suministrado a través de pulsos, permite obtener concentraciones celulares comparables y competitivas con procesos llevados a cabo con mezclas de CO₂ – aire en continuo.

Grupo de Bioprocesos, Facultad de Ingeniería, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 1. Estudiante Microbiología Industrial y ambiental. 2. Ingeniera Química y docente de cátedra de la Escuela de Microbiología.

TLP06. Obtención y caracterización de hongos formadores de micorrizas vesículo-arbusculares (HFMA) nativos asociados al cultivo de maíz (*Zea mays* L. var. Porva) en el municipio de Saboyá (Boyacá, Colombia)

Gabriel Ernesto Bello Granados¹, Jimena Sánchez Nieves², Sandra Milena Campos Alba³

Introducción. La simbiosis con HFMA es indispensable para el establecimiento de cultivos bajo las condiciones limitantes del trópico, como el maíz, una planta micótrifa facultativa, encontrándose mundialmente su asociación con especies micorrícicas, sin embargo, no existen reportes de morfotipos nativos para maíz porva en Colombia.

Objetivo general. Caracterizar morfotipos de HFMA nativos asociados a plantas de maíz porva en dos fincas contrastantes en el municipio de Saboyá (Boyacá).

Metodología. Se tomó suelo rizosférico más raíces, se hizo clareo de raíces con KOH y HCl y tinción con dilución de tinta azul y ácido acético. La extracción de esporas se hizo con tamizado en húmedo, decantación y centrifugación en gradiente de sacarosa al 70%. Se clasificaron esporas en estereoscopio con base en forma, color, ornamentación, presencia de detritus, asociación y número de paredes.

Resultados. En la colonización de raíces por vesículas se encontró un 15,87% y para esporas intra-radicales un 8,27%. Para cantidad de esporas 100 g-1 de suelo se encontraron diferencias significativas ($p < 0,05$), destacándose el género *Glomus* con el 93% y 85%, seguido de *Scutellospora* (7%) y *Acaulospora* (3,5%). De las 10.604 esporas 100 g-1, se caracterizaron 83 morfotipos de HFMA de los cuales 46 pertenecieron al género *Glomus*, *Acaulospora* (24), *Gigaspora* (6), *Scutellospora* (6) y *Entrophospora* (1).

Conclusiones. Se encontró una amplia riqueza de morfotipos de HFMA nativos, generando información nueva sobre el estado de la simbiosis del maíz porva con HFMA nativas de suelos de Saboyá, encontrándose bien desarrollada al presentar todas las estructuras típicas de la colonización micorrícica.

1. Ingeniero Agrónomo, Universidad Nacional de Colombia. Acompañante técnico, Corporación PBA. 2. Bacterióloga. MSc. Microbiología. PhD (c) Ciencias Agropecuarias. Profesora Asistente, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia. 3. Bióloga. MSc(c) Microbiología. Investigador, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia. Contacto: gabrielbello@gmail.com

TLP07. Actividades enzimáticas microbianas en rizocorazas formadas en un suelo arenoso

Iván Pável Moreno-Espíndola¹, María Jesús Ferrara-Guerrero², Fernando De León-González³, Facundo Rivera-Becerril², Gilberto Vela-Correa².

Introducción. Las rizocorazas son una densa y resistente capa órgano-mineral sujeta por los pelos absorbentes de las raíces. Han sido reportadas principalmente en gramíneas y estudiadas en relación con la humedad y flujo hídrico, siendo poco lo que se conoce acerca de la actividad metabólica microbiana en dichas estructuras.

Objetivo general. Conocer el nivel y tipo de actividad enzimática microbiana asociado a la rizocoraza y suelo suelto en asociación con las raíces de tres plantas (amaranto, pasto Bermuda y maíz).

Metodología. Se evaluaron por espectrofotometría cinco actividades enzimáticas microbianas (deshidrogenasa, celulasa, fosfatasa ácida y alcalina, quitinasa y proteasa). Las muestras se tomaron de un diseño con tres especies vegetales, dos niveles de suelo, en tres fecha de muestreo. Las hipótesis fueron: (a) las rizocorazas presentarán mayor actividad que el suelo no adherido a la raíz; (b) las rizocorazas del pasto tendrán mayores actividades enzimáticas; (c) las actividades enzimáticas serán más elevadas durante la época con mayor humedad en el suelo.

Resultados. Sólo se encontraron diferencias significativas entre rizocoraza y suelo suelto en la actividad proteasa. El pasto Bermuda mostró mayor actividad deshidrogenasa y fosfatasa alcalina que las otras plantas. Sólo la actividad proteasa fue mayor en el momento de más humedad.

Conclusiones. El pasto Bermuda presenta una comunidad microbiana asociada a sus raíces con mayor actividad metabólica. Las comunidades microbianas presentes en las rizocorazas deberán ser identificadas en relación con la planta a la que se asocia para un posible uso en recuperación de suelos y manejo agronómico.

1. Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud. 2. Departamento El Hombre y su Ambiente. 3. Departamento de Producción Agrícola y Animal. Universidad Autónoma Metropolitana, Calzada del Hueso 1100, Col. Villa Quietud, 04960 México D.F., México. Contacto: ivan7878@gmail.com

TLP08. Estimación de factores de riesgo y de protección de la infección por *Streptococcus agalactiae* y *Streptococcus iniae* en tilapia roja (*Oreochromis sp*) y tilapia negra (*Oreochromis niloticus*) en el departamento del Huila, Colombia

Juan Carlos Quintero Velez¹, James Betancur López², Fran Barreiro Sanchez³, y Henry Ostos Alfonso⁴

Introducción. La Streptococosis en los peces es una enfermedad producida principalmente por las especies *S. agalactiae* y *S. iniae*. En Colombia se ha convertido en una enfermedad causante de grandes pérdidas económicas en la industria piscícola.

Objetivo general. Estimar los factores de riesgo y de protección de la infección de *S. agalactiae* y *S. iniae* en explotaciones piscícolas del departamento del Huila.

Metodología. Se utilizó un muestreo probabilístico y se colectaron muestras de pool de órganos de 384 animales (*Oreochromis sp* y *O. niloticus*), a los cuales se les realizó el diagnóstico de la infección por PCR en tiempo real. Se empleó un análisis factorial de correspondencia múltiple y de regresión logística para la estimación de los factores de riesgo y de protección de la infección.

Resultados. Se estimó una prevalencia de infección por *S. agalactiae* y *S. iniae* de 51.9 % y 2.7 % respectivamente. Los altos niveles de oxígeno disuelto en agua y la especie *O. sp* son factores de protección para la infección por *S. agalactiae*. Los altos niveles de nitritos y nitratos en el agua, además de centros de producción ubicados en la represa Betania, fueron factores de riesgo para la infección por *S. agalactiae*.

Conclusiones. Es prioritario diseñar estrategias para controlar los niveles de compuestos nitrogenados en el agua, los cuales afectan inversamente los niveles de oxígeno, para minimizar los riesgos de infección por *S. agalactiae* y episodios de mortalidad. Nuestro estudio se convierte en el primer reporte en Colombia de infección por *S. iniae* en tilapias.

Grupo Laboratorio de Medicina Genómica, Universidad SURCOLOMBIANA. 1. Médico Veterinario, Zootecnista, MSc. 2. Zootecnista, 3. Tecn. Acuicola. 4. Médico, Msc.

TLP09. Resistencia a antimicrobianos de uropatógenos aislados de pacientes ambulatorios atendidos en un laboratorio clínico de tercer nivel de complejidad de Bucaramanga, Santander

Juanita Trejos Suárez¹, Karina Orduz Pérez²

Introducción. Actualmente, se conocen aproximadamente 250 millones de casos de Infecciones de Tracto Urinario por año en todo el mundo, siendo *Escherichia coli* (*E. coli*), el agente causal más frecuente (75%-95%). La resistencia a los antibióticos se ha visto acelerada por diferentes causas, donde la más común es el uso abusivo e inadecuado de antibióticos.

Objetivo general. Se determinó la resistencia a antimicrobianos de uropatógenos aislados de pacientes ambulatorios atendidos en el Laboratorio Clínico de Especialidades Bolívar S.A. de Bucaramanga Santander.

Metodología. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo a 1394 pacientes ambulatorios atendidos en el Laboratorio Clínico de Especialidades Bolívar S.A. de Bucaramanga Santander, con evidencia clínica o no de infección urinaria y orden médica de gram, urocultivo y antibiograma.

Resultados. De los 1394 urocultivos realizados, se obtuvieron 805 urocultivos negativos (57,7%) y 589 pacientes con urocultivos positivos (42,3%); del total de urocultivos positivos, la mayoría correspondieron a uropatógenos Gram negativos; donde *E. coli* fue el microorganismo más frecuentemente aislado. Con respecto a los agentes utilizados en el tratamiento de la ITU en la población de estudio, el perfil de susceptibilidad encontrado para *E. coli* como para otros microorganismos, mostró elevadas tasas de resistencia para Amoxicilina (59,1%), ácido nalidixico (52,1%), cotrimoxazol (42,2%), y ciprofloxacina (40,7%). Las tasas de resistencia más bajas se observaron para antibióticos como imipenem (0,8%) y fosfomicina (3,1%).

Conclusiones. *E. coli* sigue siendo el microorganismo más frecuentemente aislado y el que ha presentado en los últimos años mayor resistencia a antibióticos de uso empírico.

1. Docente Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico. Universidad de Santander-UEDES. Grupo de Investigación CliniUEDES. 2. Bacterióloga y Laboratorista Clínica. Universidad de Santander-UEDES. Grupo de Investigación CliniUEDES. Contacto: juanita.trejos@udes.edu.co

TLP10. La competencia entre colonias hermanas de *Bacillus mycoides* es alterada por varias fuentes de carbono orgánico

Juliana Soler Arango, Juan Carlos Pérez Naranjo

Introducción. Al competir por recursos las colonias bacterianas producen compuestos que inhiben el crecimiento de otras colonias o de células hermanas. Este fenómeno se ha estudiado en bacterias que forma patrones complejos de crecimiento como *Streptococcus Pneumonia*, *Bacillus subtilis* y *Paenibacillus dendritiformis*.

Objetivo general. Explorar el papel de las fuentes y concentración de carbono orgánico en las interacciones entre células hermanas de *B. mycoides*.

Metodología. Colonias de *B. mycoides* obtenidas del mismo ancestro se enfrentaron en medios de cultivo con glucosa, lactosa, quitina, celulosa, proteínas o extracto de suelo como fuentes de carbono. Para conocer también el papel de la concentración de carbono se incluyeron tres niveles de glucosa. Se realizaron mediciones diarias de la zona de inhibición entre las colonias hermanas y se tomaron fotos en un estereoscopio de la zona de inhibición a los 13 días para analizar los patrones de crecimiento de los bordes de las colonias.

Resultados. La inhibición entre colonias hermanas de *B. mycoides* dependió de la complejidad de la fuente de carbono, presentándose la mayor inhibición en extracto de suelo, seguido por celulosa y quitina, y no se presentó en lactosa y proteínas. No se presentaron diferencias en la inhibición según los niveles de glucosa. Parámetros como dimensión fractal, lagunaridad o densidad de micelios sugieren que el patrón de crecimiento de la colonia depende del sustrato y de la competencia.

Conclusiones. Estos resultados ayudarían a entender mejor algunos fenómenos de autoinhibición y cooperación entre colonias bacterianas y sus comportamientos en suelo.

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

TLP11. Aislamiento, identificación molecular y caracterización parcial de levaduras asociadas a los lagos de la Universidad del Valle (Sede Meléndez) Cali, Colombia

Silva-Bedoya LM.¹, Osorio-Cadavid E.², Ramírez-Castrillón M.³

Introducción. En Colombia, el conocimiento de la comunidad levaduriforme ha sido limitado pues los estudios se han enfocado principalmente en especies de interés clínico. Los sedimentos representan hábitats de gran importancia para el estudio de la diversidad de levaduras, principalmente para aquellas con potencial biotecnológico, industrial y biorremediador.

Objetivo general. Identificar y comparar la diversidad de especies de levaduras asociadas a los lagos de la Universidad del Valle. Probar la técnica MSP-PCR como método de agrupamiento de los aislados.

Metodología. Se realizó el aislamiento de las levaduras presentes en tres muestreos de sedimento y uno de agua para cada lago. Los agrupamientos se realizaron teniendo en cuenta la morfología celular y de colonia de las levaduras. Se complementó el estudio empleando técnicas moleculares basadas en la amplificación de ADN por PCR utilizando un solo microsatélite (GTG5) como iniciador (MSP-PCR). Se secuenció el ADN_r de la región D1/D2 del gen 26S de un aislado representativo de cada grupo, para su identificación.

Resultados. Se identificaron las siguientes especies: *Hanseniaspora thailandica*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida diversa*, *Rhodotorula mucilaginosa*, *Torulaspota delbrueckii*, *Hanseniaspora uvarum*, *Torulaspota pretoriensis*, *Yarrowia hypolitica*, *Candida glabrata*, *Tricosporon jirovecii*, *Cryptococcus podzolicus*, *Trichosporon laibachii*, *Cyberlindnera saturnus*, *Candida albicans*, *Cryptococcus rajasthanensis* y *Candida pseudolambica*. También se encontraron dos posibles nuevas especies de levaduras de los géneros *Issatchenkia* y *Bullera*.

Conclusiones. La técnica de MSP-PCR con el iniciador GTG5 no es recomendable para el agrupamiento inicial de especies desconocidas. Los lagos de la Universidad del Valle presentan diferencias significativas en diversidad y composición de especies.

1. MSc Biotecnología- Bióloga Docente Corporación Universitaria Lasallista Caldas Antioquia. 2. Estudiante de Maestría en Biotecnología- Ingeniera Biológica.

TLP12. Evaluación preliminar de la potencial actividad de biodegradación de hidrocarburos policíclicos aromaticos (PAH) por el hongo de pudrición blanca *Pleurotus ostreatus* Cepa O₁ Champifung

Luisa Fernanda Boada, Jimena Sánchez Nieves,
Sandra Campos-Alba, Yih Wen Fung, Hugo Enrique Rivera Arévalo

Introducción. El petróleo es de gran importancia en la economía mundial, pero su producción genera compuestos tóxicos y/o contaminantes cuyo tratamiento requiere de alternativas como la biodegradación, proceso en el que se introduce el uso de hongos de pudrición blanca.

Objetivo general. Se evaluó *in vitro* la potencial actividad degradadora por *Pleurotus ostreatus* (cepa O1 Champifung), usando petróleo como única fuente de carbono y energía.

Metodología. Se comparó ganancia de biomasa en medio mínimo de sales líquido conteniendo el hidrocarburo, con tratamientos empleando una base de tela- tul (según literatura) y directamente sin esta. Cada tratamiento tuvo tres replicas (dos con tela- tul y la última sin esta), se sembró inóculo de 10 mg del hongo en volúmenes de petróleo de 0,5% y 1% del ensayo total, en agitación constante durante 21 días, registrando peso seco a los 8, 15 y 21 días.

Resultados. Se obtuvieron pesos variables entre tratamientos, con valores más altos para el tratamiento tela-tul 0,5% (137 mg), seguido de 116 mg para la concentración 1%. Los pesos más bajos fueron para el tratamiento sin tul desde el día 15 hasta el día 21 para las dos concentraciones, con valores entre 6 mg y 17 mg. Aun cuando los valores más altos se obtuvieron con el tratamiento tela- tul para las dos concentraciones, dicha tela puede ser considerada una fuente de carbono adicional, además al ser utilizada como soporte, pierde estabilidad con el tiempo.

Conclusiones. Así, se consideró que el tratamiento sin tela- tul fue el más eficiente en la recuperación del micelio fúngico.

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Bogotá-Colombia. Contacto: jfboudah@unal.edu.co

TLP13. Aislamiento y caracterización bacterias comensales con actividad probiótica existentes en leche calostro de cerdas

Luz Adriana Gutierrez Ramírez¹, Juliana María Velez²

Introducción. Se ha encontrado que las Bacterias Ácido Lácticas (BAL) representan la población de microorganismos más empleados como probióticos; sin embargo los sustratos donde se han aislado regularmente han sido en alimentos y leches fermentadas, en mucosa vaginal de mujeres sanas y en las excretas, entre otros; pero muy pocos reportes incluyen el estudio del calostro como sustrato de cepas comensales por ser considerado estéril.

Objetivo general. Aislar y caracterizar bacterias ácido lácticas; con actividad probiótica de calostro de cerdas.

Metodología. Se realizó un tamizaje a 20 muestras de calostro, obtenidas de tres granjas del departamento de Antioquia, de estos se caracterizaron tres como bacilos gram positivos no esporulados, posteriormente se procedió a la evaluación fisiológica de los microorganismos mediante pruebas tales como: Viabilidad a sales biliares, pH 3.0 y tripsina.

Resultados. Una concentración de 1×10^{12} bacterias de cada aislado se sometió a cada una de las condiciones anteriores y seguidamente se evaluó su viabilidad; encontrándose resistencia a estos factores y determinando con esto su potencial probiótico. La determinación taxonómica se llevó a cabo mediante el kit API 50CHL para bacterias ácido lácticas; correspondiendo cada aislado a los siguientes géneros: T01LR22: *Leuconostoc mesenteroides* spp *cremoris*. T01BLR21: *Leuconostoc mesenteroides* spp *cremoris*. T02LR11: *Lactobacillus delbruekii* sub *bulgaricus*

Conclusiones. Las especies de probióticos encontradas en el calostro de cerdas, evidencian la existencia de comensales naturales que habitan en el calostro y que favorecen la inmunidad neonatal, trabajos similares reportan la existencia de *Lactobacillus rhamnosus* en leches calostras humanas.

1. MSc Biotecnología, Bióloga, Docente Corporación Universitaria Lasallista Caldas Antioquia 2. Estudiante de Maestría en Biotecnología, Ingeniera Biológica.

TLP14. Implementación de una técnica molecular de diagnóstico mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la detección de la bacteria *Curtobacterium flaccumfasciens* pv. *flaccumfasciens* (Cff) en semillas analizadas en el laboratorio de sanidad de germoplasma del CIAT

María del Socorro Balcázar¹, M. Cuervo²

Introducción. El Programa de Recursos Genéticos (PRG) del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) tiene como misión proteger y conservar la diversidad genética de los cultivos de frijol, yuca y forrajes tropicales. Anualmente el PRG distribuye de 5.000 a 9.000 accesiones, tanto en Colombia como a otras partes del mundo. La conservación y distribución de germoplasma involucra diferentes actividades dentro de las cuales la sanidad es un factor determinante. Por este motivo el Laboratorio de Sanidad de Germoplasma tiene la responsabilidad de certificar que el germoplasma esté libre de patógenos cuarentenarios. La bacteria *Curtobacterium flaccumfasciens* pv. *Flaccumfasciens*, es el agente causal del marchitamiento bacteriano en *Phaseolus vulgaris*, la cual es una de las enfermedades de transmisión cuarentenaria más relevante en frijol.

Objetivo general. Implementar un protocolo basado en la PCR para la detección rápida, sensible y específica de Cff en semillas de frijol y pastos tropicales.

Metodología. Para la detección de Cff en muestras de frijol y pastos tropicales, se usaron los cebadores CffFOR2 (GTTATGACTGAACTTCACTCC) y CffREV4 (GATGTTCCCGGTGTTTCAG) diseñados por Tegli S, Sereni A, Surico G., mediante los cuales se amplifica un fragmento de ADN de 550 pb.

Resultados. En las muestras positivas utilizadas se logró detectar la presencia de Cff en tan solo 36 horas.

Conclusiones. La implementación exitosa de esta metodología es de gran importancia para el LSG permitiéndonos realizar una detección rápida sensible y específica del Cff en semillas, superando los problemas de las técnicas convencionales.

1. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), km 17, Recta Cali-Palmira, Palmira. 2. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Contacto: m.balcazar@cgiar.org

TLP15. Extractos de *Helichrysum italicum* inhiben el crecimiento de bacterias grampositivas multirresistentes

Román Yesid Ramírez R.

Introducción. Desde la antigüedad la fitoterapia ha sido utilizada como fuente inagotable de recursos terapéuticos que se han utilizado para curar todo tipo de enfermedades, incluidas las infecciones bacterianas. Esta sabiduría popular ha sido recientemente puesta en el ojo de la ciencia, ya que científicos alrededor del mundo están empleando diversas técnicas para conocer los secretos terapéuticos que se esconden en las plantas.

Objetivo general. Evaluar el efecto antimicrobiano de extractos de algunas plantas del altiplano cundiboyacense.

Metodología. Se evaluó el efecto antimicrobiano de seis plantas (*Helichrysum italicum*, *Taraxacum officinalis*, *Caesalpinia espinosa*, *Potentilla candicans*, *Borago officinalis* y *Ghapallium vira vira*) contra seis bacterias multidrogoresistentes (*S. aureus* ATCC 43300, *E. faecalis* ATCC 51299, *E. coli* ATCC 35218, *A. baumannii* ATCC 19606, *K. pneumonia* ATCC 700603 y *P. aeruginosa* ATCC 27853). La extracción se realizó con solventes (metanol y diclorometano), los mismos se retiraron por medio de rotaevaporación y se usó el método de dilución en agar para medir la CMI.

Resultados. Los extractos de *Helichrysum italicum* tuvieron efecto inhibitorio contra dos de las seis bacterias probadas (*S. aureus* resistente a meticilina y *E. faecalis* resistente a vancomicina) en concentraciones de 1 mg/mL para el extracto matanólico y de 0,5 mg/mL para el diclorometánico.

Conclusiones. Por las características de inhibición en bajas concentraciones mostradas por los extractos *Helichrysum italicum*, se perfila como una planta candidata para efectuar análisis de sus metabolitos independientes y de la sinergia que podrían tener la mezcla de estos.

Universidad de Boyacá.

TLP16. Historia de la Micología Médica en Colombia 1930-1970*

Yeisson Anibal Galvis¹, María Fernanda Vásquez², Luz Elena Cano³

Introducción. La necesidad de una reflexión en torno al ser y al quehacer de la investigación en microbiología que permita un acercamiento al estudio de una epistemología local (Mesa & Ríos, 2009) es importante para entender el desarrollo de esta disciplina actualmente en el país. De este modo, la historia de la micología médica en Colombia debe ser entendida a la luz de una historia efectiva y una historia epistemológica que permita comprender su devenir histórico y la forma como ciertas construcciones científicas, teorías, alianzas y formación educativa han influido en el desarrollo de esta rama de la microbiología.

Objetivo general. Comprender los acontecimientos que hicieron posible la instauración, circulación y apropiación de la micología médica en Colombia entre 1930 y 1970. Identificar los discursos y las prácticas asociadas a los hongos de importancia médica. Describir el papel desempeñado por algunos personajes e instituciones.

Metodología. Se elaboraron series documentales a partir de revistas científicas y tesis consultadas en bibliotecas y centros patrimoniales de Medellín y Bogotá. Se seleccionaron registros escritos determinando las discontinuidades sociales y epistemológicas de la micología médica para establecer asociaciones teóricas en fuentes históricas y su análisis con otras referencias.

Resultados. Entre 1930 y 1940 la micología está inmersa en la dermatología, desde 1940 la micología comienza a incorporarse en otros campos médicos, se percibe un cambio en la concepción del tratamiento anti-micótico y la institucionalización de la micología médica se establece después de 1950.

Conclusiones. La comprensión de los hongos y las enfermedades producidas por estos, entre 1930 y 1970 es sustancial porque exhibe como la micología médica en Colombia toma forma dentro del que hacer médico-científico, integrando otras disciplinas para establecer teorías propias, permitiendo individualizar su saber.

*Proyecto de grado para optar a título de Microbiólogo y Bionalista; financiado por el Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI) dentro de la convocatoria fondo de trabajo de Grado 2010-II en el acta N° 2-2010, y por el Grupo de Micología Médica y Experimental de la Corporación para Investigaciones Biológicas CIB-UdeA-UPB. 1. Investigador principal. Estudiante de octavo semestre de Microbiología y Bioanálisis de la Escuela de Microbiología de la Universidad de Antioquia. 2. Asesora. Bacterióloga y Laboratorista Clínica. Magister en Historia. Estudiante del Doctorado Interdisciplinar en Ciencias Humanas, Universidad Federal de Santa Catarina, Florianópolis-Brasil. 3. Asesora. Licenciada en Bacteriología y Laboratorio Clínico. Doctora en Inmunología. Docente de la Escuela de Microbiología de la Universidad de Antioquia, Investigadora, Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)-UdeA-UPB.

TLP17. Deficiencia de hierro en donantes de sangre, 2001 – 2011: revisión sistemática

Carmen Yulieth Mantilla-Gutierrez¹, Jaiberth Antonio Cardona-Arias²

Introducción. La deficiencia de hierro es un problema de salud pública de distribución mundial que afecta a donantes de sangre, con implicaciones negativas para su salud y el suministro de sangre en el banco. Estudios previos reportan una gran divergencia en la prevalencia en dicha población, desde 1% hasta 61%.

Objetivo general. Determinar la prevalencia de deficiencia de hierro en donantes de sangre y su asociación con sexo y número de donaciones, a partir de una revisión sistemática.

Metodología. Búsqueda exhaustiva y reproducible de la literatura en 7 bases de datos; se implementó un protocolo de investigación con criterios de inclusión, exclusión y extracción de información, en 4 idiomas entre 2001 y 2011. Se calculó la prevalencia global y específica por sexo y número de donaciones, se establecieron intervalos de confianza para la diferencia de proporciones con significación de 0,05, en SPSS 20.0 y Epidat 3.0.

Resultados. Se encontró una población 16.979 donantes entre 18 y 67 años; la prevalencia global fue 12,9% (IC 95% 12,4% – 13,4%), en mujeres 19,5% (IC 95% 18,6% – 20,5%), en hombres 8,7 % (IC 95% 8,1% – 9,3%), donantes de primera vez 6,4% (IC 95% 5,6% - 7,1%) y repetitivos 19,3% (IC 95% 18,1% - 20,5%), siendo estadísticamente mayor en mujeres y donantes repetitivos; se halló una interacción positiva entre estas dos categorías.

Conclusiones. Para conservar el adecuado suministro de sangre y proteger la salud del donante, se deben implementar estrategias de educación y/o suplemento de hierro a donantes de sangre principalmente mujeres y repetitivos.

1. Bacterióloga y Laboratorista Clínica, Candidata Magister en Microbiología, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 2. Microbiólogo y Bioanalista, MSc Epidemiología, Grupo de investigación Salud y Sostenibilidad, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLP18. Presencia de PVL (leucocidina de Pantón-Valentine) en cepas de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina asociado al cuidado de la salud (SARM-AH) con SCCmec tipo I

Johanna Marcela Vanegas, Ana María Ocampo, Erika Rodríguez, Margarita Correa, Judy Natalia Jiménez Quiceno

Introducción. Tradicionalmente las cepas de *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina asociadas a la comunidad (SARM-AC) se han caracterizado por la presencia de dos marcadores importantes: el Casette Cromosómico Estafilocócico *mec* (SCC*mec*) tipo IV y el factor de virulencia PVL (leucocidina de Pantón-Valentine). Sin embargo, recientemente se ha observado un cambio en la epidemiología de *S. aureus* resistente a la meticilina (SARM) y la utilización de estos marcadores está comenzando a ser cuestionada.

Objetivo general. Evaluar la presencia del SCC*mec* y PVL en aislamientos provenientes de pacientes con infecciones por *S. aureus* resistente a meticilina asociado a la comunidad y al cuidado de la salud (SARM-AC y SARM-AH).

Metodología. Se recolectaron aislamientos de SARM en tres hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín. Las infecciones fueron clasificadas como SARM-AC y SARM-AH según criterios del CDC. Posteriormente, se realizó tipificación molecular del SCC*mec* y detección de los genes *lukS/F-PV* que codifican para PVL.

Resultados. Se seleccionaron 538 aislamientos de SARM. 68 (12.6%) fueron clasificados como SARM-AC, 94.1% de ellos presentaban SCC*mec* IV y de éstos 93.7% portaban PVL. Por otra parte, 470 (87.4%) aislamientos fueron clasificados como SARM-AH, 37.0% portaban el SCC*mec* tipo I y de éstos 19.5% presentaban PVL.

Conclusiones. Este es el primer reporte de cepas de SARM-AH con SCC*mec* tipo I portando PVL en Colombia. Esto confirma que PVL no es un marcador exclusivo de SARM-AC y que éstos marcadores deben ser reevaluados.

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

TLP19. Caracterización clínica y sociodemográfica de los pacientes con síndrome metabólico pertenecientes al “club saludable” del Programa de Promoción y Prevención de Obesidad de una IPS de Valledupar

María Isabel Mosquera Heredia¹, Mabely Juliana Mosquera Heredia¹, Lina De Armas Daza¹, Rafael Padrón Posteraro^{1,2}, Greys Ávila¹, Leimy Lozada¹, María Emma Díaz¹

Introducción. El término “síndrome metabólico” (SM) hace referencia a factores de riesgo metabólico que incrementan la probabilidad de enfermedad cardíaca, accidente cerebrovascular o diabetes mellitus. Es un síndrome de alta mortalidad que resulta de fácil diagnóstico, cuyas consecuencias pueden ser prevenidas si se detecta tempranamente.

Objetivo general. Establecer la prevalencia del SM según los criterios diagnósticos en Latinoamérica (IDF) en los pacientes del programa de Promoción y Prevención de obesidad de Coomeva UBA 12 de Octubre de Valledupar-Cesar. Y Determinar las características sociodemográficas y clínicas de los pacientes a los que se les diagnostique SM.

Metodología. Estudio descriptivo transversal. A los participantes se les evaluó medidas antropométricas, Perfil lipídico, glucemia basal y Presión Arterial. Se les aplicó una encuesta para recolectar datos sociodemográficos y antecedentes de enfermedad cardiovascular y sus factores de riesgo.

Resultados. La prevalencia de SM fue de 36,8%, y fue mayor en mujeres (62,8%) y personas con 60 años ó más (38,6%), en individuos casados (54,2%), y en aquellos que manifestaron haber cursado secundaria completa (34,2%). En los pacientes diagnosticados con SM, la prevalencia de cada una de las anormalidades metabólicas individuales fue: Bajo HDL: 88,5%, aumento de triglicéridos: 71,4%, Alteración de Glucemia en ayunas: 48,5%, Hipertensión arterial diastólica (20%) y sistólica: (14,2%). Los antecedentes clínicos personales y familiares más prevalentes fueron: Hipertensión arterial y dislipidemia; y Hipertensión arterial y diabetes respectivamente.

Conclusiones. Se encontró una alta prevalencia del SM en la población estudiada. Es necesario plantear estrategias que promuevan estilos de vida saludable.

1. Universidad de Santander. UDES sede Valledupar. 2. Coomeva Valledupar.

TLP20. Determinación de los principales factores de riesgo cardiovascular en empleados de la Universidad de Santander Valledupar

Mosquera Heredia María Isabel¹, Padrón Posteraro Rafael¹, Suárez Mireya¹, Hernández Ana¹

Introducción. La enfermedad cardiovascular (ECV) es la principal causa de muerte en el mundo, constituyéndose en un verdadero problema de salud pública. Uno de los métodos más utilizado para predecir la probabilidad de sufrir ECV a futuro es el Score de Framingham.

Objetivo general. Identificar los principales factores de riesgo cardiovascular en empleados de UDES-Valledupar y determinar el potencial de morbilidad por ECV a 10 años basados en el Score de Framingham.

Metodología. Estudio descriptivo transversal en 70 empleados de UDES-Valledupar. Se les evaluó Perfil Lipídico, Presión Arterial, medidas antropométricas y tabaquismo; y se calculó el riesgo de sufrir ECV a 10 años con el Score de Framingham.

Resultados. Los factores de riesgo que predominaron fueron: disminución del cHDL; y aumento de: I.M.C, perímetro de cintura y cLDL en su orden. Al calcular el riesgo cardiovascular Global (RCVG), se observó que el 52,9% de los individuos tenía riesgo bajo de padecer ECV a 10 años, el 24,3% riesgo latente, el 20% riesgo intermedio y el 2,9% riesgo alto o muy alto. Predominó en las mujeres el riesgo bajo y en los varones el latente ($p < 0,05$). A medida que avanzaba la edad el riesgo bajo fue disminuyendo ($p < 0,05$). Los docentes fueron quienes presentaron menor RCVG ($p > 0,05$).

Conclusiones. El riesgo de sufrir enfermedad cardiovascular a 10 años es bajo en más de la mitad de los participantes. Sin embargo, se detectó la exposición a importantes factores de riesgo que podrían invertir estos resultados de no ser intervenidos.

1. Universidad de Santander UDES sede Valledupar.

TLP21. Identificación de microorganismos causantes de mastitis subclínica en búfalos de agua (*Bubalus bubalis*) en Ambalema Tolima 2011-Informe de Caso

Mazo R., Pérez R., Lopera J., Molina S., Berdugo J.

Introducción. Uno de los principales problemas que tienen las explotaciones lecheras es la mastitis.

Objetivo general. Para determinar la presencia de mastitis clínica y subclínica en búfalos de agua en un hato bufalino del Magdalena Medio Colombiano.

Metodología. La glándula mamaria fue palpada, el primer chorro de leche de cada cuarto fue evaluado visualmente para determinar la existencia de mastitis clínica, a la leche de animales negativos se les realizó la prueba de California Mastitis Test (CMT), las muestras con gelificación grado 3 fueron transportadas al laboratorio en caldo tripticosa soya y sembradas en agar Sangre y agar Mackonkey.

Resultados. De las 122 hembras analizadas, ninguna presentó mastitis clínica. Ninguna tenía alteraciones en los 4 cuartos, Se presentó positividad en al menos un cuarto en 30 búfalas (24%), de estas, 13 fueron clasificadas grado 3, de las 13, en 5 de ellas crecieron dos o tres microorganismos: *Streptococcus*, *Staphylococcus* y *Echirichia coli*, que fueron identificados por la prueba de la catalasa. Un solo animal presentó exclusivamente *E. coli*.

Conclusiones. Los datos obtenidos en esta investigación concuerdan con hallazgos previos de otros autores en relación con la mastitis clínica, y son superiores en el caso de la mastitis subclínica 2,48% vs 24%, aunque el primer estudio fue realizado en búfalas ordeñadas manualmente. Este informe es el primero para un hato de búfalos con ordeño mecánico, muestra como las búfalas son susceptibles a infección, los microorganismos hallados son similares a los informados en la literatura y que el 50% de los animales presentaron mastitis sin crecimiento bacteriano.

Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington. Contacto: raulm7@hotmail.com

TLP22. Prevalencia de hemoglobinopatías y perfil hematológico de individuos con malaria de Quibdó, Chocó, 2011

Rocío Pérez E.¹, Edith Ximena Silva S.², Shirley Estupiñán²,
Yaletny Valencia M., Zulma Bejarano³, Jaiberth A. Cardona A.⁴

Introducción. La malaria constituye un problema grave de salud pública en el mundo y en Colombia cerca del 85% del territorio presenta condiciones favorables para su transmisión, una de estas zonas corresponde al Pacífico, región con gran concentración de población afrodescendiente, en la que es común la hemoglobina S, factor considerado como protector contra una malaria grave por *Plasmodium* sp; enfermedad que presenta hallazgos característicos en el hemograma.

Objetivo general. Determinar la prevalencia de hemoglobinopatía S y describir el perfil hematológico en individuos con diagnóstico de malaria de Quibdó-Chocó.

Metodología. Estudio descriptivo transversal en 177 sujetos con malaria, se empleó fuente primaria de información basada en encuesta estructurada, determinación del perfil hemático, realización de diagnóstico de malaria y ciclaje y electroforesis para identificar Hemoglobina S. Para el análisis se utilizó estadística descriptiva, paramétrica y no paramétrica.

Resultados. El 59% de los casos fue malaria por *Plasmodium falciparum*, el 35% por *Plasmodium vivax* y 6% malaria mixta; la prevalencia de anemia fue del 52% y de hemoglobinopatía S del 1%. Se hallaron diferencias estadísticas en la prevalencia de anemia según raza, sexo y edad; mientras que en el análisis de la densidad parasitaria y el tipo de infección malarica no se observaron diferencias.

Conclusiones. La prevalencia de hemoglobinopatía S fue menor a la esperada para esta población; sin embargo, la prevalencia de anemia fue alta, lo que evidencia riesgo elevado para la salud individual y la calidad de vida en general.

1. Bacterióloga, Esp hematología, MSc en Educación, Docente de la Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 2. Candidato Microbióloga y Bioanalista, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 3. Bacterióloga, Jefe de Atención Básica Departamento de Salud Pública de Quibdó, Chocó. 4. Microbiólogo y Bioanalista, MSc Epidemiología, Docente Escuela de Microbiología, Grupo de Investigación Salud y Sostenibilidad, Universidad de Antioquia.

TLP23. La bioprospección de hongos formadores de micorrizas arbusculares podría limitarse por el uso inadecuado de plantas trampa

Juan Carlos Pérez^{1,3}, Chantal Hamel^{2,3}

Introducción. El éxito de muchas plantas depende de simbiosis con hongos micorrizales. Estos hongos son relativamente específicos, no son cultivables en medio sintético, y para estudiarlos tradicionalmente se utilizan raíces de cebolla puerro como trampa. Sin embargo, no se conocen bien las consecuencias del uso de plantas trampa.

Objetivo general. Determinar la viabilidad de usar plantas trampa (*Allium porrum*) para identificar hongos micorrizales presentes en las raíces de tres especies de pastos.

Metodología. Muestras de raíces de pastos (*Panicum virgatum*, *Nassella viridula*, *Agropyron cristatum*) creciendo en el centro de investigaciones SPARC, en la provincia de Saskatchewan, Canadá, se mezclaron con arcilla para sembrar en esa mezcla semillas de *A.porrum* e incrementar HMA presentes en los pastos. Un año después se obtuvieron secuencias de ADN de los HMA colonizando raíces de puerro y de los HMA colonizando raíces de pastos mantenidos en el campo.

Resultados. El análisis de ADN indicó que los hongos micorrizales colonizando raíces de pastos fueron diferentes de los HMA colonizando raíces de cebolla. Secuencias de *Glomus mosseae*, un HMA ampliamente estudiado, y otros HMA fueron comunes en raíces del cultivo trampa, pero no se detectaron en raíces de los pastos. Otros HMA como *G.intraradices* fueron comunes en raíces de ambos grupos de plantas.

Conclusiones. Estos resultados y registros de la literatura sugieren que el uso de plantas modelo y cultivos trampa podría generar conocimiento incompleto y sesgado sobre la identidad de hongos micorrizales en raíces, con consecuencias negativas para su conocimiento y uso como recurso biológico del suelo.

1. Universidad Nacional de Colombia Sede-Medellín, Laboratorio Microbiología del suelo. 2. Agriculture and Agrifood-Canada. 3. Grupo Sistemas Simbióticos.

TLP24. Efecto del sobrenadante de la fermentación de *Bacillus thuringiensis* en la biodegradación del clorpirifos en suelos contaminados

Estrada-Castañeda Kelly J.¹, Aceves-Diez Ángel E.², Arias-Marín Lida³, Castañeda-Sandoval Laura M.⁴

Introducción. Clorpirifos es un plaguicida organofosforado ampliamente utilizado desde 1960 para el control de plagas en la agricultura. Dependiendo del tipo de suelo, humedad, pH y microorganismos presenta una vida media de 10 a 120 días. Además, posee un alto coeficiente de sorción al suelo y baja solubilidad en agua, características que favorecen su permanencia en el suelo. Su principal producto de degradación, Tricloro-2-piridinol (TCP), presenta una vida media de 65 a 360 días y un amplio efecto antimicrobiano responsable de la esterilidad de los suelos, condiciones que limitan la biodegradación tanto del clorpirifos como del TCP.

Objetivo general. Evaluar el efecto del sobrenadante residual obtenido de la fermentación de *Bacillus thuringiensis* como agente bioestimulante para el crecimiento de microorganismos autóctonos con capacidad de degradar clorpirifos y TCP en suelos.

Metodología. Se realizaron experimentos en microcosmos durante 80 días, determinándose cada 20 la concentración de clorpirifos y TCP por HPLC, actividad microbiana total en el suelo y recuento en placa de bacterias, hongos y actinomicetos.

Resultados. Se obtuvieron porcentajes de extracción de ambos contaminantes mayores al 75%. En suelos no estériles suplementados con sobrenadante, se obtuvo un 13.1% de mayor degradación en comparación al mismo suelo suplementado únicamente con agua en los primeros 20 días. A pesar de que en el primer tratamiento hubo una mayor degradación de clorpirifos, la concentración de TCP fue igual en ambos tratamientos.

Conclusiones. Los resultados indican que el sobrenadante efectivamente promueve el crecimiento de microorganismos capaces de degradar clorpirifos y TCP.

1. Estudiante de pregrado, Programa Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia. 2. Asesor Internacional, Gerente de Investigación y Desarrollo, Laboratorios MINKAB.S.A de C.V., Gualajuato-México. 3. Co-investigadora, Profesora, Programa Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia. 4. Investigadora Principal, Profesora, Programa Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia.

TLP25. Caracterización molecular del gen AGL en pacientes con diagnóstico clínico, bioquímico e histológico de Glucogenosis tipo III (GSD-III)

Mantilla C.¹, Toro M.¹, Insuasty M.¹, Di Filippo D.¹, Sepúlveda ME.^{1,2}, Yepes NL.^{1,2}, Navas MC.¹, Arias AA.^{1,3}

Introducción. Las anormalidades en las enzimas que regulan la síntesis y degradación del glucógeno conforman un grupo de enfermedades hereditarias denominado glucogenosis (GSD). Estas se designan por la naturaleza del déficit enzimático. La glucogenosis tipo III (GSD-III) es un desorden autosómico recesivo secundario a mutaciones en el gen AGL que codifica para esta enzima desramificadora del glucógeno (OMIM 232400). En diferentes partes del mundo se han realizado estudios que han permitido conocer algunas mutaciones de este gen, sin embargo en Colombia hasta la fecha no se han realizado este tipo de estudios.

Objetivo general. Determinar mediante secuenciación la presencia de mutaciones en el gen AGL en diez niños colombianos con diagnóstico clínico, bioquímico e histológico de GSD-III.

Metodología. Previa firma del consentimiento informado, se incluyeron diez pacientes caracterizados clínicamente para diagnóstico con GSD-III. A partir de sangre periférica se extrajo ADN genómico utilizando el estuche DNA-Blood-Minikit (Qiagen). Se amplificaron mediante PCR los exones del 3 al 35 y las regiones intrónicas circundantes del gen AGL utilizando PCR-Master-Mix-2X (Fermentas). Los productos de PCR se secuenciaron (Macrogen) y los resultados se analizaron con el programa Vector-NTI (Invitrogen).

Resultados. Hasta el momento hemos amplificado y secuenciado el 80% de los exones de los diez pacientes incluidos en el estudio. Actualmente nos encontramos en la fase de análisis de las secuencias y confirmación de las mutaciones encontradas.

Conclusiones. Esperamos que con nuestros hallazgos logremos clasificar estos pacientes en subtipos de GSD IIIa-b-c y aportar en el conocimiento de la enfermedad en nuestro medio.

1. Grupo de Gastrohepatología Universidad de Antioquia, 2. Hospital Pablo Tobón Uribe, 3. Grupo de Inmunodeficiencias Primarias y Escuela de Microbiología Universidad de Antioquia.

TLP26. Prevalencia de *Staphylococcus aureus* y *Candida* spp. en personal asistencial y administrativo de la Empresa Social del Estado Hospital San Roque, El Carmen de Atrato, Chocó

Nathalie Solarte¹, Laura Cuartas¹, Leandro Pérez¹, Diana González², Astrid V. Cienfuegos³

Introducción. *Staphylococcus aureus* y *Candida* spp., son agentes causantes de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud, y pueden ser transmitidos del personal de la salud al paciente.

Objetivo general. Determinar la prevalencia y la susceptibilidad a antimicrobianos de *Staphylococcus aureus* y la prevalencia de *Candida* spp. en personal asistencial y administrativo de la Empresa Social del Estado Hospital San Roque.

Metodología. Se tomaron muestras de fosas nasales y faringe para aislar *S. aureus*, y de manos y uñas para recuperar *Candida* spp. (n=38). Se realizó la identificación fenotípica de *S. aureus* (catalasa y coagulasa positiva) y *Candida* spp. (formación de tubo germinal). Se realizó el antibiograma por método Kirby-Bauer en aislamientos de *S. aureus*. Se analizaron factores relacionados con colonización mediante prueba exacta de Fisher o el test χ^2 en SPSS 17.0.

Resultados. La prevalencia de *S. aureus* y *Candida* spp. fue de 63,2% y 55,3%, respectivamente. Sólo una cepa (3,3%) bacteriana mostró resistencia a metilina (SAMR). Una cepa (2,9%) de *Candida* spp. fue identificada como *Candida albicans*/*Candida dubliniensis*. Las regiones anatómicas con mayor número de aislamientos fueron faringe (42,1%) para *S. aureus* y la región subungueal (18,4%) para *Candida* spp. No se encontró relación entre los factores de riesgo analizados y la colonización por ambos microorganismos.

Conclusiones. Se encontró una alta prevalencia de *S. aureus*; la resistencia a metilina fue baja en comparación con otros estudios. La prevalencia de *Candida* spp. fue similar a otros trabajos, siendo la mayoría de especies aisladas diferentes de *C. albicans*/*C. dubliniensis*.

1. Estudiante Programa Microbiología y Bioanálisis, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 2. Laboratorio de Docente de Microbiología, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 3. Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLP27. Aislamiento, identificación molecular y caracterización parcial de comunidades de levaduras obtenidas a partir de flores de lulo arbóreo (*Solanum wrightii*) e inflorescencias de mango (*Mangifera indica*)

Gaviria-Vega J.¹, Osorio-Cadavid E.²

Introducción. En Colombia, el conocimiento de la comunidad levaduriforme ha sido limitado a estudios de interés clínico principalmente, existiendo la necesidad de caracterizar levaduras presentes en ambientes naturales. Las levaduras presentes en el micro-habitat aéreo de las flores estas expuestas a fluctuaciones y cambios algunas veces abruptos de temperatura y humedad, lo que genera un importante factor de selección al momento de identificar levaduras con un potencial biotecnológico o como controladores biológicos de fitopatógenos en estos ambientes.

Objetivo general. Identificar la comunidad de levaduras presentes en flores de lulo arbóreo (*Solanum wrightii*) e inflorescencias de mango (*Mangifera indica*) mediante técnicas moleculares. Probar la técnica MSP-PCR fingerprinting como método de agrupamiento de los aislados.

Metodología. Se realizó el aislamiento de levaduras presentes en 15 flores de Lulo arbóreo y 15 Inflorescencias de Mango. Los agrupamientos se realizaron teniendo en cuenta la morfología celular y de colonia de las levaduras. Se complementó el estudio empleando técnicas moleculares basadas en la amplificación de ADN por PCR utilizando un solo microsatélite (GTG5) como iniciador (MSP-PCR). Se secuenció el ADNr de la región D1/D2 del gen 26S de un aislado representativo de cada grupo, para su identificación.

Resultados. Para flores de lulo arbóreo se presenta una dominancia casi absoluta de la especie *Candida leandreae*, aunque también se encontraron levaduras como *Cryptococcus laurentii*, *Candida parazima* y *Aeurobasidium pullulans*, representados con un único aislado. Para las inflorescencias de mango se encontraron levaduras y hongos levaduriformes pertenecientes a *Sydowia eucalypti*, *Cryptococcus flavescens*, *C. laurentii*, *C. nemorosus*, *C. bevanensis*, *Pichia kluyveri*, en menor proporción y representadas con un aislado único las especies *Pseudozyma tsukubaensis* y *Candida asparagi*.

Conclusiones. La mayoría de especies encontradas han sido descritas recientemente y en su mayoría no han sido reportadas para Colombia o para flores de mango o lulo, contribuyendo de esta manera con el conocimiento de levaduras en microhabitats naturales de las flores. La técnica de MSP-PCR con el iniciador GTG5 no es recomendable para el agrupamiento inicial de especies desconocidas.

1. Estudiante de Biología, Universidad del Valle. 2. Profesor Titular Departamento de Biología, Universidad del Valle.

TLP28. Caracterización epidemiológica de síndrome febril no malárico en tres municipios del Urábá Antioqueño

Esteban Arroyave Sierra¹, Juan C. Quintero Vélez¹, Andrés F. Londoño Barbarán¹, Piedad Agudelo-Flórez², Margarita Arboleda Naranjo², Francisco J. Díaz Castrillón³, Juan D. Rodas González¹

Introducción. La etiología del síndrome febril en la zona de Urabá ha sido poco estudiada. Trabajos anteriores muestran frecuencias de infección de malaria, dengue, leptospirosis y rickettsiosis, sin embargo en muchos casos no se logra establecer el agente etiológico.

Objetivo general. Identificar la etiología y caracterizar los factores de riesgo de síndromes febriles no maláricos en el Urabá Antioqueño.

Metodología. Se tomaron muestras de suero agudo y convaleciente de 220 pacientes febriles negativos para malaria, provenientes de zonas rurales y urbanas de los municipios de Necoclí, Turbo y Apartadó. Se estudió la serología para dengue (ELISA IgM), leptospirosis (IFI IgM e IgG) y rickettsiosis (IFI IgG). Se estimaron los factores de riesgo de estas enfermedades a través de un análisis factorial de correspondencia múltiple y de regresión logística.

Resultados. Se encontraron frecuencias de dengue, leptospirosis y rickettsiosis del 37,3%, 14,1% y 2,7%, respectivamente. Se presentaron 12 casos de co-infección de leptospirosis–dengue y un caso de leptospirosis–rickettsiosis–dengue. El sexo masculino y la humedad relativa media fueron factores de riesgo para dengue. El inicio de signos clínicos en febrero de 2008, fue un factor de riesgo tanto para dengue como para leptospirosis.

Conclusiones. Se reafirma la importancia de las rickettsias, el virus del dengue y las leptospirosis como agentes causante del síndrome febril en Urabá. Los factores de riesgo estimados en este estudio se deben tener en cuenta para estudios futuros y para la vigilancia epidemiológica de estas enfermedades en el departamento de Antioquia.

1. Grupo Centauro, Universidad de Antioquia. 2. Instituto Colombiano de Medicina Tropical – Universidad CES. 3. Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia. Contacto: estebanarro_83@yaboo.es

TLP29. Riqueza y abundancia relativa de la flora fúngica en la piel de anuros de la localidad de morales en Caloto, Cauca

Arboleda-González Santiago¹, Motta-González Diana¹, Giraldo-Montezuma Susana¹,
Gómez-Díaz Mónica¹, Posada-Gutierrez Daniel¹, Giraldo, Alan^{1,2}.

Introducción. Las poblaciones de anuros vienen disminuyendo hace varios años, las causas del decrecimiento pueden ser deforestación, cambio climático, sobreexplotación comercial, el hongo *Batrachochytrium dendrobatidis* etc. Los anuros presentan vida terrestre y/o acuática; propiciando condiciones de microclimas específicas e importantes en las relaciones entre la comunidad microbiológica y las comunidades fúngicas existentes en los organismos y en el ambiente.

Objetivo general. Medir la riqueza y la abundancia de los hongos oportunistas que se encuentran en la piel de los anuros del bosque ribereño y el pastizal de la vereda Morales.

Metodología. Se capturaron 40 individuos (por la técnica de relevamiento visual: múltiples transeptos y anchos variables), pertenecientes a las especies *Colosthetus fraterdanieli*, *Dendrosophus colombianus*, *Hipsiboas pugnax*, *Leptodactylus fragilis*, *Pristimantis abatinus* y *Rhinella marina*; estos organismos se encontraron asociados a dos sitios de muestreo: un pastizal y un bosque ribereño. Se tomaron muestras de frotis de la piel de los anuros y se sembró por la técnica de estría en agar PDA.

Resultados. Se detectó la presencia de 12 géneros de hongos: *Aspergillus*, *Basidiobolus*, *Botrytis*, *Candida*, *Lecythophora*, *Levadura*, *Mycosporum*, *Mucor*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Saprolegnia* y *Trichoderma*. Con estos datos se obtuvieron descriptores de estructura y de riqueza del ensamble de la comunidad de hongos presentes en los anuros de los diferentes microhábitats estudiados.

Conclusiones. El pastizal fue el único hábitat con hongos asociados. Allí las condiciones del hábitat, cobertura vegetal, temperatura, humedad y sustrato generan las condiciones adecuadas para una mayor presencia de ambos organismos.

1. Universidad del Valle. Sede Meléndez, 2Grupo de Investigación en Ecología Animal, Universidad del Valle.

TLP30. Evaluación de la calidad microbiológica de la leche de cabra producida en diferentes apriscos de Antioquia

Lorena Correa Restrepo^{1,2}, Francisco Javier Vergara Gil^{1,2}, Álvaro Javier Cuesta Mosquera^{1,2},
Dina Yulieth Córdoba Bejarano^{1,2}, Raúl Velásquez Vélez^{1,4}, Lina Gutierrez Builes^{1,5}, Diana Polanco Echeverry³,
Ofelia Arroyave Henao³, Richard Zapata Salas^{1,3}.

Introducción. La producción lechera de cabra es un sistema de producción pecuaria en crecimiento en Colombia.

Objetivo general. Establecer la calidad microbiológica de la leche de cabra producida en algunos apriscos de Antioquia.

Metodología. Estudio descriptivo, se recolectaron 11 muestras de leche de cabra proveniente de apriscos distribuidos en el valle de aburra (Barbosa, Copacabana, Medellín y Bello) y en la región Nordeste (Yolombó) de Antioquia. Se diligenció una encuesta semiestructurada para describir el sistema de manejo de los animales y variables higiénico sanitarias de los sistemas de producción evaluados, se realizó recuento de UFC/mL de coliformes totales, *E. coli* y mesófilos usando la técnica RIDA[®]COUNT, se identificaron los microorganismos contaminantes más frecuentes, mediante técnicas de cultivo convencional y pruebas metabólicas usando el método BBL CRYSTAL.

Resultados. Se encontró contaminación bacteriana por coliformes totales y mesófilos en las 11 muestras de leche analizadas, con recuentos de 700-15700 UFC/mL y 400-35200 UFC/mL, respectivamente. La frecuencia de contaminación por *E. coli* fue del 45.4% (8200 UFC/mL).

Conclusiones. La calidad de la leche producida en los 11 apriscos de Antioquia analizados en este estudio, cumple con criterios microbiológicos para el recuento de mesófilos. Sin embargo, la detección de coliformes totales y *E. coli* en las muestras, sugiere un riesgo potencial para los consumidores de leche y productos lácteos crudos de cabra en el departamento, al constituirse en una fuente potencial de patógenos, y en una limitante para el crecimiento de este sector, tanto en el ámbito regional como nacional.

1. Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 2. Estudiante de Microbiología Industrial y Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 3. Docente Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 4. Docente Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. 5. Docente Universidad Pontificia Bolivariana. Contacto: microbiol30@gmail.com

TLP31. Descripción de la cinética de fermentación alcohólica empleada en la fabricación de alcoholes de consumo, utilizando melaza de caña como sustrato a nivel de reactores de 5 litros

Wilman Alcaraz Zapata¹, Carlos Eduardo Mejía²

Introducción. Las fábricas de licores producen bebidas a partir del alcohol obtenido por fermentación alcohólica utilizando sustratos como la melaza de caña. La mayoría de estos procesos siguen parámetros operacionales sencillos, pero estos no permiten una descripción detallada del comportamiento cinético del proceso, lo cual es necesario para su mejoramiento.

Objetivo general. Describir el comportamiento cinético de una fermentación alcohólica, en términos de los parámetros cinéticos de crecimiento de la levadura, variando la concentración de melaza como sustrato.

Metodología. Se establecieron condiciones operacionales en reactores de 5L similares a las de un proceso real, luego se evaluaron concentraciones de sustrato de 100, 140, 160, 180 y 220 g/L y se determinó parámetros cinéticos ajustando modelos matemáticos.

Resultados. La producción de etanol es continua durante la fase exponencial y estacionaria de crecimiento. La mayor conversión de azúcar a etanol (84.9%) se obtuvo a una concentración inicial de azúcar de 160g/L. Las μ_{max} obtenidas sugieren un efecto de inhibición por sustrato a concentraciones mayores de 160g/L. El modelo que mejor se ajustó a los parámetros experimentales fue el logístico, mostrando valores de μ_{max} y X_{max} (0.3873 h⁻¹ y 5.035 g/L respectivamente cercanos a los obtenidos experimentalmente (0.289 h⁻¹ y 5.06 g/L).

Conclusiones. La producción de etanol es continua durante la fase exponencial y estacionaria de crecimiento atribuyéndose a una posible disponibilidad de nitrógeno en el medio durante ambas fases, mostrando la importancia de este compuesto para la producción continua de etanol. La cinética sugiere inhibición por sustrato a más de 160g/L.

1. Microbiólogo Industrial y Ambiental, Universidad de Antioquia. 2. Magister en Biotecnología Universidad Nacional. 3. Ingeniero químico y Bacteriólogo Universidad de Antioquia, Coordinador y Docente grupo de investigación Biotransformación Universidad de Antioquia.

TLP32. Prevalencia de sífilis, Chagas, VIH, VHB y VHC en un banco de sangre, Colombia 2007-2010

Jaiberth Cardona Arias¹, Mónica Cortés Márquez², Jair Patiño Bedoya³

Introducción. La hepatitis B, C, el VIH, sífilis y Chagas son un problema de salud pública mundial, por lo que se debe evitar su transmisión a través de la transfusión. La legislación regula aspectos técnico-científicos de los procesos de donación para ofrecer hemocomponentes seguros. En Colombia son pocos los estudios que determinan la prevalencia de estas infecciones en bancos de sangre.

Objetivo general. Determinar la seroprevalencia de marcadores de infecciones transmisibles vía transfusional en donantes de un Banco de sangre de Medellín Colombia 2007-2010.

Metodología. Estudio descriptivo transversal con fuente de información secundaria. Se determinó la seroprevalencia de los marcadores de infección, comparándolos según sexo y tipo de donante mediante análisis de frecuencias, chi cuadrado, Fisher y razones de prevalencia.

Resultados. Se estudiaron 65535 donantes, 3,3% presentó al menos una prueba biológica positiva, la pruebas tamiz más prevalente fue sífilis (1,2%), seguido de Tripanosomiasis (1,0), VHC (0,6), VIH (0,5%) y VHB (0,2), mientras por confirmatorias la prevalencia fue de 0,6% para sífilis, 0,1% para VHB y 0 para VHC, VIH y Chagas; hallándose diferencias estadísticas en la prevalencia de VHB y sífilis según sexo y tipo de donante.

Conclusiones. Los resultados son coherentes con las prevalencias dadas por la OPS y se pueden correlacionar con la prevalencia mundial para las infecciones transmisibles por vía transfusional. Los resultados hallados en las pruebas del Banco de sangre posibilitan la disminución del riesgo transfusional, pero limitan la optimización de recursos al excluir donantes clasificados como falsos positivos.

1. Microbiólogo, MSc Epidemiología. 2. Bacterióloga, Especialista en hematología, MSc en educación. 3. Médico, Especialista en Ciencias Básicas Biomedicas, Est. Maestría Microbiología.

TLP33. La HDL degrada los cristales de colesterol, contrarresta su actividad pro-inflamatoria y modula la respuesta inmune innata

Juan C. Hernández¹, Eicke Latz², Silvio Urcuqui¹

Introducción. La aterosclerosis se caracteriza por la acumulación anormal de lípidos en la pared vascular, acompañado de una fuerte respuesta inflamatoria. Dicho proceso inflamatorio es inducido, entre otros factores, por la presencia de cristales de colesterol, los cuales activan el inflammasoma NLRP3, un complejo citoplasmático encargado de la maduración proteolítica de la IL-1beta, un potente mediador pro-inflamatorio.

Objetivo general. Evaluar en células humanas y murinas, el efecto de la HDL sobre la estructura de los cristales de colesterol y la activación del inflammasoma NLRP3.

Metodología. La degradación de los cristales de colesterol fue evaluada por citometría de flujo. La activación del inflammasoma NLRP3 se determinó por la producción de IL-1beta (ELISA), y la expresión de los receptores de la inmunidad innata, se realizó por RT-PCR.

Resultados. Los resultados indican que la degradación de los cristales de colesterol por la HDL es dependiente de la dosis y del tiempo de incubación. Además, esta degradación afecta la capacidad de los cristales de colesterol para activar el inflammasoma NLRP3. Dicho efecto inmunomodulador se extiende a otros componentes de la inmunidad innata, sin alterar su nivel de expresión; esto probablemente involucra el secuestro del colesterol intracelular, afectando las balsas de lípidos y las vías de señalización intracelular.

Conclusiones. El amplio efecto inmunomodulador de la HDL sugiere su participación en el control y/o la patogénesis de enfermedades con un componente inflamatorio, de origen infeccioso o metabólico, como el caso de la aterosclerosis; lo que podría orientar próximos estudios en el campo de la inmunoterapia.

1. Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 2. Institute of Innate Immunity, University Hospitals, University of Bonn, Bonn, Germany.

TLP34. Caracterización de mutantes de *Staphylococcus aureus* con sensibilidad disminuida a vancomicina

Sabrina Di Gregorio¹, Arabela Cuirolo¹, Gardella Noella¹,
Silvina Fernández¹, Angela Famiglietti², Marta Mollerach¹

Introducción. La emergencia de *Staphylococcus aureus* con sensibilidad intermedia a vancomicina (VISA) y con sensibilidad heterogénea (hVISA) ha sido descrita en diversas partes del mundo. El mecanismo responsable no se conoce completamente.

Objetivo general. Elucidar factores relacionados con la resistencia intermedia a vancomicina

Metodología. Un aislamiento clínico hVISA (D2) fue sometido a pasajes seriados en caldo BHI con concentraciones crecientes de vancomicina. Se seleccionaron 2 mutantes para su caracterización fenotípica y genotípica. Se realizaron las pruebas de susceptibilidad según CLSI y confirmación del fenotipo VISA por el método PAP-AUC (área bajo la curva del análisis poblacional). El análisis de clonalidad se realizó mediante PFGE. La funcionalidad del locus *agr* se evaluó mediante la producción de δ -hemolisina en agar sangre de carnero.

Resultados. Dos mutantes fueron seleccionadas en pasajes independientes con vancomicina, hasta 9 μ g/mL (D23C9) y 11 μ g/mL (D2P11). Ambos fueron catalogados como VISA mediante CIM por microdilución y por el método PAP-AUC. Se demostró la clonalidad de los mismos por PFGE. D2P11 presenta locus *agr* funcional, a diferencia de D23C9, que no presenta ningún tipo de hemólisis en el ensayo de funcionalidad del locus *agr*, y además forma acúmulos al crecer en medio líquido.

Conclusiones. Si bien la reducida funcionalidad del *agr* ha sido asociada al desarrollo de resistencia a vancomicina, estos resultados muestran que a partir de una misma cepa parental pueden obtenerse mutantes con niveles de resistencia a vancomicina comparables independientemente de la funcionalidad del *agr*. Se deberán realizar más estudios para comprender este fenómeno.

1. Laboratorio de Resistencia Bacteriana, Cátedra de Microbiología, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires, Argentina. 2. Laboratorio de Bacteriología Clínica, Hospital de Clínicas, FFyB, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

TLP35. Evaluación de parámetros físico-químicos en la biorremediación de cromo (VI) por bacterias aisladas de aguas residuales de curtiembres

Ana Carolina Lemos¹, Enrique Bravo Montaño², Neyla Benítez Campo²

Introducción. El uso de los metales pesados por diversas industrias que vierten sus efluentes a suelos o fuentes de agua ha contribuido al deterioro del medio ambiente y un riesgo para la salud humana.

Objetivo general. El propósito del presente trabajo fue evaluar el efecto del pH, la temperatura y la concentración de glucosa en la eficiencia de remoción del Cr (VI) por microorganismos aislados de aguas residuales de curtiembre (El Cerrito – Valle del Cauca).

Metodología. Los microorganismos fueron seleccionados utilizando el método de concentración mínima inhibitoria en el rango de 7.8 a 1000 mg/L de Cr (VI). Los microorganismos seleccionados fueron identificados con el kit BBL-crystal, y sometidos a bioensayos con 50 mg/L de Cr (VI), a tres temperaturas (30°C, 35°C y 40°C), cinco pH (5, 6, 7, 8 y 9) y dos concentraciones de glucosa (0.1 y 0.2 g/L). Los resultados fueron analizados aplicando ANOVA factorial para cada parámetro.

Resultados. Los microorganismos seleccionados fueron identificados como C1a-*Klebsiella pneumoniae* y A1-*Bacillus cereus*. A las 72 h de incubación, pH 7.0, 30°C y 0.1g/L de glucosa, *K. pneumoniae* alcanzó una eficiencia del 100% de remoción del metal, mientras que *B. cereus* logró dicha eficiencia a las 36 h, pH 8.0, 35°C y 0.2 g/L de glucosa, con un p valor de 0.000 para ambas bacterias.

Conclusiones. Los parámetros evaluados fueron determinantes en el proceso de remoción del Cr (VI).

B. cereus mostró tiempos más cortos que *K. pneumoniae* para lograr el 100% de remoción, y una mayor capacidad de adaptación a los cambios físico-químicos evaluados.

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.

TLP36. Aplicación de *Trichoderma* spp. como control de *Rhizoctonia solani* en un cultivo de papa criolla (*Solanum tuberosum* Grupo phureja)

Yessica Arango Angarita¹, Jairo Leonardo Cuervo Andrade²

Introducción. La presente investigación financiada por la corporación PBA, se realizó en el municipio de Granada – Cundinamarca, en un lote de papa criolla con historial de infección por *Rhizoctonia solani*.

Objetivo general. Evaluar el efecto aplicaciones de *Trichoderma* spp. como controlador del hongo *Rhizoctonia solani* en un cultivo de papa criolla.

Metodología. En laboratorio se reprodujo *Trichoderma harzianum* (cepa comercial) y *Trichoderma viride* (cepa UNAL) a través del crecimiento en un medio de cultivo a base de arroz, peptona (1%) y celulosa (0,5%). En campo se estableció un diseño de bloques al azar con 8 tratamientos y tres repeticiones, basados en las dos cepas de 1X10⁹ esporas/mL, en 3 tiempos de aplicación: a) siembra, b) siembra y aporque y c) siembra, aporque y floración; un tratamiento químico con Carbendazim y un tratamiento testigo (sin control). Se realizó una evaluación en campo del porcentaje de cobertura de lesión por *R. solani* en tallos. La cosecha se evaluó en laboratorio; calculando el nivel de daño con la escala de severidad de C. James y midiendo peso total, número de tubérculos y diámetro.

Resultados. Se presentaron diferencias significativas en el porcentaje de tallos infectados, evidenciando el nivel de infección, más no el efecto de los tratamientos pues aún no se culminaban las aplicaciones. En laboratorio no se evidencian diferencias en el nivel de infección.

Conclusiones. Teniendo en cuenta la infección inicial, el tratamiento que logró controlar los daños por *Rhizoctonia solani* es la aplicación de *Trichoderma harzianum* en siembra, aporque y floración, que inicialmente presentaba el mayor porcentaje de lesión en tallos con un 60%.

1. Estudiante Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia Colombia – Sede Bogotá. 2. Profesor asociado Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia – Sede Bogotá. Contacto: yarangoa@bt.unal

TLP37. Desarrollo de una bebida de panela fermentada por kéfir de agua con capacidad antioxidante y potencial probiótico

Laura Jassiel Muñoz Puerta¹, Paula Andrea Zapata¹,
Karina Edith Motato Rocha¹, Lisett Vanesa Wilches Lopez^{1,2}

Introducción. El granulo de kéfir es una estructura exopolisacárida donde conviven en simbiosis diversos microorganismos (Bacterias Ácido Lácticas, Acéticas y Levaduras) que cuentan con la batería genética, proteica y enzimática para fermentar diferentes sustratos. La panela es el segundo producto de la agroindustria rural que soporta la economía colombiana, que cuenta con características como: edulcorante de bajo costo, aportes de minerales, vitaminas y otros micronutrientes. Este estudio es pionero en desarrollar alimentos funcionales con kéfir de agua, que poseen nutrientes biodisponibles y que eviten enfermedades por su capacidad antioxidante.

Objetivo general. Estandarizar la técnica de fermentación de kéfir de agua en panela y determinar capacidad antioxidante y presencia de microorganismos potencialmente probióticos.

Metodología. El kéfir se inoculó en una solución de panela en agua (83g/L), las condiciones de operación fueron: Temperatura ambiente y anaerobiosis, se determinó durante la fermentación acidez, °Brix y pH, y al finalizar el proceso se obtuvo %alcohol (destilación directa) y capacidad antioxidante (método ABTS-TEAC). Del fermentado se realizaron siembras en agar MRS y OGY para comprobar presencia de Lactobacilos y Levaduras.

Resultados. A partir de una solución de panela en agua con condiciones iniciales de pH 5.47; °Brix 6.0 y acidez 0.093%, se obtiene una bebida fermentada de acidez 0.7%; pH 3.18, °Brix 2.7; alcohol 6%, capacidad antioxidante 1,86 µmol/mL (trolox equivalente) con desarrollo de bacterias lácticas y levaduras.

Conclusiones. Con fermentaciones seriadas se logró estandarizar el proceso obteniéndose una bebida fermentada ligeramente alcohólica, refrescante con potencial probiótico y capacidad antioxidante.

1. Grupo BioAli. Facultad de Química Farmacéutica, Universidad de Antioquia. 2. Grupo Biotransformación. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Contacto: laurajassiel1583@gmail.com

TLP38. Diferenciación morfométrica de dos poblaciones colombianas de *Anopheles calderoni* Wilkerson, 1991 (Diptera: Culicidae)

Julián Rodríguez, Margarita Correa, Giovan Gómez

Introducción. La especie *Anopheles calderoni* constituye un vector potencial de malaria y dado su reciente registro en Colombia, poco conocemos de su diversidad genética y fenotípica.

Objetivo general. Comparar la variación en el tamaño y la conformación alar en dos poblaciones naturales de esta especie (Buga y Tumaco), como una aproximación al reconocimiento de su diversidad fenotípica.

Metodología. Para los análisis de morfometría geométrica, se emplearon 18 puntos de referencia en el ala derecha de 40 hembras de cada población previamente identificadas con las claves taxonómicas disponibles. Se tomaron fotografías y se seleccionaron los puntos de referencia para el análisis morfométrico empleando el paquete CLIC (Dujardin JP).

Resultados. Se encontró un mayor tamaño alar en la población de Buga, siendo esta diferencia estadísticamente significativa ($t=13,92$; $p<0,0001$). El análisis multivariado de la conformación alar también reveló diferencias estadísticamente significativas entre las poblaciones ($p<0,0001$). Este último resultado fue soportado por el análisis discriminante que a partir de las variables de conformación, permitió clasificar correctamente más del 80% de los individuos a cada población geográfica.

Conclusiones. Los resultados sugieren diferencias fenotípicas en tamaño y conformación alar entre las dos poblaciones de *An. calderoni* evaluadas y demuestran el potencial de la morfometría geométrica como una herramienta para el estudio de la variabilidad intraespecífica de esta especie de importancia médica.

Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLP39. Estandarización de una PCR para la amplificación del marcador timeless en especímenes *Anopheles triannulatus* s.l. de Colombia

Lina M. Ortiz, Luz M. Jaramillo, Doris A. Rosero, Margarita M. Correa

Introducción. El Complejo Triannulatus está conformado por al menos tres especies, *Anopheles triannulatus* s.s., *Anopheles halophylus* y *Anopheles triannulatus* C. Estas especies solo pueden ser diferenciadas revisando estadios inmaduros, la genitalia del macho o marcadores moleculares. Secuencias del gen *timeless* han sido utilizadas para resolver problemas de taxonomía molecular y analizar la variabilidad genética y divergencia en complejos de especies.

Objetivo general. Estandarizar una PCR basada en un fragmento del gen *timeless* con el fin de realizar estudios de variabilidad genética en especímenes *An. triannulatus* s.l. colectados en varias localidades de Colombia.

Metodología. Los especímenes *An. triannulatus* s.l. utilizados que hacen parte de la colección, habían sido identificados por morfología y se confirmaron por PCR-RFLP-ITS2 como *An. triannulatus* s.l. Para la estandarización de la PCR-*timeless*, se utilizaron los primers y condiciones descritas en la literatura científica.

Resultados. Se estandarizó y optimizaron los resultados de la PCR al usar una combinación de primers diseñados para dos especies diferentes, *Anopheles darlingi* y *An. triannulatus* s.l., se obtuvo un producto de aproximadamente 400 pares de bases.

Conclusiones. La estandarización de la PCR-*timeless* permitirá dar continuidad a trabajos en que se analiza la variabilidad genética de *An. triannulatus* s.l. recolectados en diferentes localidades de zonas endémicas para malaria de Colombia, como una aproximación a la existencia de diferentes especies del Complejo Triannulatus en el país.

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

TLP40. Infectividad natural por *Plasmodium* spp. en dos vectores primarios de Antioquia y Córdoba, Colombia

Natalí Álvarez, Doris A. Rosero, Mariano Altamiranda, Juan C. Marín, Margarita M. Correa

Introducción. Antioquia y Córdoba son los departamentos que contribuyen con el mayor número de casos de malaria en Colombia. La determinación de la infectividad natural por *Plasmodium* spp. en especies de *Anopheles* en áreas endémicas es importante para conocer su papel en la transmisión.

Objetivo general. Determinar las tasas de infección natural-TI por *Plasmodium* spp. en *Anopheles* spp. recolectados en El Bagre-BAG y Vigía del Fuerte-VIF, Antioquia y Puerto libertador-PLT, Córdoba.

Metodología. Se evaluó la infectividad natural por *Plasmodium vivax* VK210, *Plasmodium vivax* VK247 y *Plasmodium falciparum* por ELISA y PCR anidada.

Resultados. Se evaluaron 3.520 especímenes de PLT y se encontró un *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *nuneztovari* s.l. positivo para *P. vivax* VK247 (TI: 0,04%). En BAG se procesaron 2.441 especímenes y se encontró un *An. nuneztovari* s.l. (TI: 0,1%) y un *Anopheles* (*Nys.*) *darlingi* positivos para *P. vivax* VK247 y VK210 (TI: 0,08%), respectivamente. Para VIF, se evaluaron 2.772 especímenes y se obtuvo un *An. darlingi* positivo para *P. falciparum* (TI: 0,04%).

Conclusiones. *An. nuneztovari* y *An. darlingi*, vectores primarios de malaria en el país, son importantes en la transmisión de la malaria en estas zonas endémicas; esta información contribuye al diseño e implementación de medidas de control dirigidas a estos dos vectores.

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

TLP41. Evaluación de la susceptibilidad de la línea celular CAD-R1 a la infección por Virus Dengue: Modelo para el estudio de la patogenia viral en sistema nervioso central

Xiomara Gutierrez Cadavid¹, Marlén Martínez-Gutiérrez^{1,2}

Introducción. Una de las manifestaciones atípicas producidas durante el Dengue (enfermedad viral transmitida por artrópodos más importante en el mundo) es el daño neurológico. Aun cuando no se conoce con exactitud si el virus presenta características neurotrópicas, día a día se están reportando más casos de afecciones neurológicas relacionadas con esta enfermedad. La línea celular CAD-R1 por ser una línea neuronal reúne muchas características que pueden ser aprovechadas para estudiar el comportamiento del virus en el sistema nervioso central.

Objetivo general. Verificar la susceptibilidad de la línea celular CAD-R1 a la infección por DENV serotipo 2.

Metodología. La línea celular CAD-R1 (Donada por la Dra. Esperanza Recio-Pinto, University of New York) fue infectada con una de DENV-2 asociada a Dengue grave (16681) a una Multiplicidad de Infección de 2. A las 48 horas post-infección se extrajo RNA del sobrenadante (utilizando el kit para RNA viral QIAamp) y de la monocapa utilizando la técnica de trizol. Finalmente se realizó una retrotranscripción para verificar la presencia de genoma viral por RT-qPCR.

Resultados. La RT-qPCR fue positiva para infección con DENV-2 (16681) en la línea celular CAD-R1 tanto en el análisis de monocapa como en el de sobrenadante, lo que demuestra la susceptibilidad de esta línea a la infección.

Conclusiones. Este es el primer reporte de una línea neuronal adulta de sistema nervioso central que es susceptible a la infección por DENV, lo que la convierte en un buen modelo de estudio para evaluar el efecto del virus sobre el Sistema Nervioso Central.

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

TLP42. Identificación de lactonasas y acilasas a partir de aislamientos de microorganismos de suelo colombiano

Nohora Juliana Rueda Forero¹, Arleth Paola Guerra Beleño¹, Tatiana Sánchez¹, Sergio Orduz², Álvaro Mauricio Flórez Escobar¹

Introducción. Las lactonasas son moléculas de señalización ampliamente distribuidas en bacterias que determinan la interacción entre estas y el hospedero mediante la expresión génica de factores de virulencia. Estas moléculas pueden ser inhibidas por enzimas microbianas conocidas como lactonasas y acilasas. La identificación de enzimas microbianas es importante para el descubrimiento de nuevos antimicrobianos.

Objetivo general. Aislar y caracterizar genes que codifican para lactonasas o acilasas. Determinar la actividad lactonasa y acilasa. Aislar los genes *aiiA* y *aiiD* de microorganismos con actividad lactonasa o acilasa. Analizar diferencias filogenéticas en los genes que codifican para acilasas y lactonasas.

Metodología. A partir de 103 aislamientos identificados por 16S ARN se seleccionaron 40 pertenecientes a los géneros *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas*, *Burkholderia*, *Ochrobactrum* y *Bacillus*. Se emplearon Biosensores CV026 y NTL4 y lactonasas sintéticas. Se usaron cebadores para *aiiA* y *aiiD* para la obtención de los genes por PCR. Los amplicones se analizaron por secuencia y filogenia.

Resultados. Se identificaron 5 cepas con gen homólogo *aiiD* con actividad acilasa y 11 cepas con gen homólogo *aiiA* con actividad lactonasa. El análisis de secuencia reveló identidades desde 99% con *aiiA* y *quiP* (*aiiD*). Sin embargo, el análisis filogenético mostró una acilasa perteneciente al género *Stenotrophomonas* que no se asocia con el clado *quiP*.

Conclusiones. Se confirmó la actividad lactonasa y acilasa en 16 cepas con presencia del gen. La actividad de una nueva acilasa perteneciente al género *Stenotrophomonas* abre el espectro de nuevos antimicrobianos.

1. Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología. 2. Director del laboratorio de Sistemática de Insectos, UNALMED. *Contacto: amflores@udec.edu.co

TLP43. Efecto microbicida de la radiación solar (SODIS) combinado con *Artemisia annua*

María Cecilia Escobar¹, Yamilet Arcos², Néstor Jaime Aguirre¹, Pierre Lutgen³, Carlos Neftaly Lozano⁴,
Diana Carolina Muñoz⁴, Mariana Muñoz Restrepo⁴, Viviana Orrego Mejía⁴

Introducción. El acceso a agua potable para buena parte de la población mundial es cada vez menor, se estima que 1.1 billón de personas en el mundo no tiene acceso a agua segura, por lo que la implementación de tecnologías para desinfectar el agua de bajo costo, accesibles y ambientalmente sostenibles debe ser la prioridad para los gobernantes y personal encargado de la protección de la salud pública en cada comunidad.

Objetivo general. Se evaluó el método SODIS y SODIS combinado con *Artemisia annua* como una alternativa eficiente y de bajo costo para la remoción de *E. coli* y *S. typhimurium*.

Metodología. Se utilizaron botellas PET con 400 mL de agua estéril y 10% (v/v) de una infusión de *A. annua*, se inocularon con una concentración inicial de cada bacteria de 106/mL, las botellas fueron expuestas al sol durante 6 horas; durante la exposición se midieron las variables temperatura del agua, radiación solar, turbidez y recuento en placa de *E. coli* y *S. typhimurium*.

Resultados. Se encontró que en general la temperatura no tuvo una correlación directa con la reducción de la carga bacteriana; la radiación solar promedio y la turbidez del agua para todos los días de muestreo no presentaron diferencias estadísticamente significativas ($p=0.4$).

Conclusiones. El tratamiento SODIS fue más eficiente en la remoción de las bacterias que el tratamiento SODIS + *A. annua*. Se evidenció una mayor resistencia de *S. typhimurium* a la radiación solar que *E. coli* necesitándose en promedio 2.18h y 1.14h respectivamente.

1. Grupo GALA, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia. 2. Grupo BIOMICRO, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. 3. ONG "IvertiwenfürbedreteVolleker" Luxemburgo. 4. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

TLP44. Levantamiento y descripción de Digenea (*Platyhelminthes: Trematoda*) asociados a *Pomacea* de las cuencas del río Magdalena y del mar Caribe en el departamento de Antioquia

Diana Escobar Ciro¹, Jhon Vallejo Casanova¹, Claudia Milena Guzmán B.²,
Jessika López Martínez², Luz Elena Velásquez Trujillo^{1,2}

Introducción. Los Digenea (*Platyhelminthes: Trematoda*) requieren un molusco como primer hospedador intermediario, donde llevar a cabo la reproducción asexual. Esta asociación presenta gran especificidad. Algunos Digenea tienen gran importancia sanitaria a nivel mundial, como *Schistosoma mansoni*, *Paragonimus* sp. y *Fasciola hepatica*. En Colombia la megabiodiversidad cubre a especies parásitas y hospedadas. En cuanto a estas últimas se quiere evaluar el desempeño de los moluscos dulciacuícolas *Pomacea*, como hospedadores intermediarios, por su amplia distribución geográfica. Estos caracoles hacen parte de la dieta alimentaria de las personas y de innumerables especies de vertebrados que habitan en las zonas inundables de las cuencas de los grandes ríos colombianos. En *Pomacea* de Argentina y Asia se han registrado varias especies de digeneos patógenos para las personas y animales. Hasta el presente en Antioquia no se ha evaluado.

Objetivo general. Realiza el primer inventario sobre trematodos asociados a *Pomacea* recolectados en Urabá y cuenca del Magdalena, Antioquia.

Metodología. Entre junio y julio de 2011 se recolectaron 337 *Pomacea* en 5 localidades. Bajo condiciones de laboratorio, se estimuló la emisión cercariana cada 15 días, en cinco ocasiones. Se observaron bajo microscopio y se ilustraron bajo cámara lúcida. Los ejemplares infectados se sacrificaron y se describieron las formas intramolusco.

Resultados y conclusiones. Se encontraron dos morfotipos de cercarias. Los dos morfotipos fueron identificados en la misma especie de *Pomacea*, encontrándose ambos en el Magdalena y uno en el Urabá. Esto nos permite ampliar el rango de distribución de caracoles hospedados en el país.

1. Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 2. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales – PECET, Sede de Investigación Universitaria – SIU, Medellín, Colombia. Contacto: luzelena333@yahoo.com

TLP45. Evaluación de la producción de azúcares extracelulares bajo diferentes condiciones de luz y fotoperíodo en las microalgas *Chlorella* sp. y *Botryococcus braunii*

Sara Torres¹, Daniela Erazo¹, Jazmín Vanessa Pérez¹, Guido Villtoá², Pablo Fernández Izquierdo³

Introducción. Las microalgas son organismos con capacidad de realizar fotosíntesis bajo diferentes condiciones, su versatilidad metabólica les permite adaptarse a diferentes condiciones y como respuesta se favorecen rutas metabólicas que implican la síntesis de metabolitos de interés industrial y biotecnológico como los azúcares. Los azúcares producidos, presenta múltiples aplicaciones como formación de soluciones viscosas, gelificantes, emulsificantes, mejoran propiedades de los alimentos y en la industria farmacéutica, entre otras aplicaciones.

Objetivo general. Evaluar la producción de azúcares extracelulares bajo diferentes condiciones de luz y fotoperíodo en *Chlorella* sp. y *Botryococcus braunii*.

Metodología. Se evaluó la producción de azúcares extracelulares en *Chlorella* sp., y *Botryococcus braunii* bajo condiciones de estrés lumínico. Para este objetivo se realizó un diseño factorial 22 siendo los factores, longitud de onda de luz de 700 nm (azul) y 400 nm (roja) y fotoperíodo de 18:6 (luz:oscuridad) y 6:18. Para determinar la producción de azúcares extracelulares en el medio se utilizó el método de Antrona.

Resultados. Se obtuvo que en luz roja y fotoperíodo 18:6 favorece el crecimiento, para *Chlorella* sp., un crecimiento de 0,071 y para *B. braunii* un crecimiento de 0,097, mientras que la producción de azúcares (mg/L) es favorecida en luz azul y un fotoperíodo 18:6, alcanzando para *Chlorella* sp., una producción de 4,665 y para *B. braunii* 3,755.

Conclusiones. Se observó una mayor producción de azúcares en la microalga *Chlorella* sp. y *Botryococcus braunii* en luz azul y fotoperíodo 18:6. Esta respuesta la atribuimos a que probablemente la luz azul activa los criptocromos, los cuales están implicados en la síntesis de azúcares.

1. Estudiante Investigador Grupo de Biotecnología microbiana Universidad de Nariño. 2. Estudiante Investigador Grupo de Biotecnología microbiana Universidad de Nariño. 3. Director Grupo de investigación Biotecnología microbiana Universidad de Nariño.

TLP46. Estudio coparásitológico de monos aulladores (*Alouatta seniculus*) mantenidos en cautiverio en el Centro de Conservación de la biodiversidad de Colombia ECOSANTAFE, Jericó, Antioquia

Carolina Montoya-Martínez¹, Nelfy Oyola², Martha Ocampo², Diana Polanco¹,
Sandra Ríos-Tobón¹, Paola Molina-Guzman¹, Lina Gutierrez-Builes¹

Introducción. El parasitismo es un tipo de asociación biológica donde un organismo se beneficia y el otro se perjudica. En este sentido, los parásitos intestinales son un factor de riesgo para la conservación de primates neotropicales, como los monos aulladores.

Objetivo general. Determinar la composición y frecuencia de parásitos intestinales en monos aulladores (*Alouatta seniculus*) mantenidos en cautiverio en ECOSANTAFE.

Metodología. Estudio descriptivo con tres muestreos por conveniencia, se recolectaron muestras de materia fecal en Junio (n=12), Septiembre (n=11) y Diciembre (n=15) de 2011. Se realizó el análisis de cada muestra mediante análisis microscópico directo (examen en fresco y coloraciones: Ziehl Neelsen modificada y Gram cromotropo), técnica de concentración Mini Parasep[®], cultivo en agar y separación de larvas (Harada Mori).

Resultados. Los parásitos intestinales detectados en los tres muestreos fueron *Trichomonas* spp. (Frecuencia de 67% en el primer muestreo, 64% en el segundo y 100% en el tercer muestreo) y *Blastocystis* spp., (50, 36 y 20%, respectivamente). *Entamoeba coli* detectado en el primer muestreo (17%), *Giardia* spp., detectado en el segundo (91%) y tercer muestreo (40%) y *Strongyloides* spp. detectado en el tercer muestreo (27%).

Conclusiones. Algunas de las parasitosis detectadas en este estudio se consideran Anfixenosis, por ende se recomienda determinar el perfil epidemiológico de estos primates en cautiverio y los factores de riesgo asociados con el contacto con humanos, para diseñar estrategias adecuadas de manejo y traslado de los animales, minimizar los riesgos de transmisión de infecciones parasitarias y contribuir a la conservación exitosa de estos animales silvestres.

1. Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. 2. Zoológico Santafé, Medellín, Colombia.

TLP47. Efecto de dos inhibidores de anhidrasa carbónica en algunas variables biológicas de *Anopheles albimanus*

María Fernanda Flórez González¹, Esteban Marín Restrepo¹, Catalina Marín Echeverri¹,
María Alejandra Duque Bolívar¹, Raúl Leonardo Rocha², Carlos Daniel Agudelo²,
Carolina Torres², Sara María Robledo²

Introducción. La malaria es considerada un problema de salud pública por causar alta morbilidad y mortalidad en países tropicales. Ante esta problemática, se desarrollan diferentes alternativas de control, entre éstas, el uso de sustancias químicas capaces de bloquear la transmisión de parásito.

Objetivo general. Evaluar el efecto de dos inhibidores de anhidrasa carbónica en variables biológicas de la especie *Anopheles albimanus*.

Metodología. Se realizó un estudio experimental con mosquitos *Anopheles albimanus* (Cepa Cartagena) mantenidos en condiciones de laboratorio, los cuales fueron alimentados con dos inhibidores de anhidrasa carbónica a diferentes concentraciones, evaluando los indicadores de fertilidad, viabilidad y supervivencia de mosquitos hembra.

Resultados. En la alimentación con Etoxolamida no se encontraron diferencias significativas entre los tratamientos para todas las variables, pero si se observó un mayor número de huevos en la concentración 3, mayor viabilidad en la concentración 2 y mayor supervivencia cuando los mosquitos fueron alimentados 2 veces con el compuesto. En la alimentación con Dorzolamida, si se encontraron diferencias significativas para todas las variables, obteniéndose menor número de huevos y de larvas, y menor supervivencia en las concentraciones 2 y 3, cuando se alimentaron una sola vez, pero obteniéndose mayor número cuando se alimentaron dos veces.

Conclusiones. Los resultados señalan que es recomendable utilizar la dosis efectiva 50 en ambos compuestos (Etoxolamida=24,2 µg/mL, Dorzolamida=7,1 µg/mL), ya que al evaluar su efecto sobre la fertilidad, la viabilidad y la supervivencia de los mosquitos *Anopheles albimanus*, no se encontraron alteraciones en estas variables.

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

TLP48. Susceptibilidad *in vitro* a infección por *Leishmania* y sensibilidad a medicamentos difiere según tipo de macrófagos

Carol V. Mesa¹, Diana L. Muñoz¹, Mónica Echeverry¹, Iván D. Velez^{1,2}, Sara M. Robledo^{1,2}

Introducción. Los sistemas *in vitro* son útiles en la evaluación de compuestos con actividad biológica, permitiendo por ejemplo, determinar el potencial citotóxico y leishmanicida de un compuesto.

Objetivo general. Identificar el tipo de célula mamífera que permita una óptima infección *in vitro* por *Leishmania* y que constituya el sistema adecuado para el tamizaje *in vitro* de compuestos con actividad anti-*Leishmania*.

Metodología. La susceptibilidad de las células a infección por *L. panamensis* se evaluó según la Concentración Infecciosa 50 determinada por microscopía de luz y citometría de flujo; la supervivencia intracelular de los amastigotes se evaluó por microscopía de fluorescencia y la sensibilidad de las células a anfotericina B y antimonio de meglumina se evaluó por espectrofotometría.

Resultados. Los cultivos primarios son más susceptibles a la infección por *L. panamensis in vitro*. Sin embargo, la supervivencia intracelular del parásito fue mejor en U-937. Por su parte, la sensibilidad de las células a anfotericina B y antimonio de meglumina vario según el tipo de célula.

Conclusiones. Las células U-937 son las adecuadas para la infección por *Leishmania* porque: a) presentan crecimiento ilimitado y se les puede inducir transformación a macrófagos. b) la susceptibilidad a la infección por *Leishmania* es similar a la observada en cultivos primarios de macrófagos y c) permiten mayor supervivencia de los amastigotes luego de la infección. Adicionalmente, las células U-937 son menos sensibles a la acción de los fármacos comúnmente utilizados como control en la detección de compuestos con actividad leishmanicida.

1. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET. 2. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

TLP49. Procesos de transformación de cromo (VI) en la asociación alga-bacteria (Consortio bacteriano CR3) asociado a *Bostrychia calliptera* (Rodomelaceae)

Ana Lucia Rengifo-Gallego*, Enrique Javier Peña-Salamanca, Neyla Benitez-Campo

Introducción. La contaminación marítima en la Bahía de Buenaventura por cromo, excede los niveles ambientales permitidos para aguas costeras, convirtiéndose en fuente de bioaugmentación y enfermedades para la población expuesta.

Objetivo general. Evaluar los procesos de transformación de cromo por parte de la asociación alga-bacteria (consorcio bacteriano Cr3) y su potencial aplicación en mecanismos de biorremediación de metales pesados en aguas costeras.

Metodología. Se elaboraron bioensayos con las cepas del consorcio Cr3 en cámara ambiental con fotoperíodo controlado, expuestos a 8,5 mg/L Cr(VI) en agua de mar sintética, con y sin aditivos orgánicos, determinando su efectividad en procesos de transformación/adsorción de Cr(VI) a Cr(III).

Resultados. Cada cepa posee la capacidad de adsorber/transformar un máximo de 60% a 8.5 mg/L de Cr(VI) con patrón adaptativo de crecimiento de 3 días. Su patrón de crecimiento permitió sugerir que se comportan como quimio-litótrofas, mostrando poca selectividad a sustancias orgánicas, p ej., glucosa. Respecto al efecto de la luz, no hubo diferencias significativas entre el fotoperíodo 12h:12h Luz/oscuridad y 24h/oscuridad.

Conclusiones. Se concluye que las cepas del Consorcio Cr3, por separado, tienen capacidades limitadas de absorción/transformación de Cr(VI) en contraste a un consorcio que en conjunto presenta una mayor efectividad. Por su patrón de crecimiento podría requerir del acompañamiento de *B. calliptera* en su ambiente natural. Al no requerir fuentes de energía exógena, ni períodos de exposición a la Luz, el consorcio Cr3 se convierte en una alternativa biotecnológica a explorar metabólicamente cómo un posible mecanismo de descontaminación de metales pesados en aguas costeras.

1. Grupo Biología Vegetal y Aplicada, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle. *Proyecto Joven Investigador - Convocatoria 510 de 2010 COLCIENCIAS.

TLP50. Evaluación del efecto de *Beauveria bassiana* en el control biológico de *Varroa destructor*, parásito de la abeja melífera (*Apis mellifera*) en la finca Felisa en el municipio de Los Patios, Norte de Santander

Chacín C.¹, Duarte F.², Reyes L.³

Introducción. La Varroasis es una enfermedad, producida por el ácaro *Varroa destructor*, que parasita externamente a las abejas en todos los estadios de su desarrollo, y que actualmente es considerada como una de las enfermedades más graves que causa una alta mortandad en las colonias de abejas.

Objetivo general. Evaluar la incidencia del Hongo *B. bassiana* en las poblaciones de *V. destructor* mediante pruebas de patogenicidad a nivel de laboratorio.

Metodología. Preparación e inoculación de *B. bassiana* al sustrato a base de arroz en el Laboratorio. Se utilizó 50 g de arroz en una botella de vidrio con 50 mL de agua, sembrando el hongo e incubando a una temperatura de 25°C. Recolección del material biológico y realización de Bioensayos *in vitro* del Hongo. Se realizó la determinación de pureza, concentración de esporas, patogenicidad y germinación. Evaluación en campo del biocontrolador a la *V. destructor*. Se aplicó el hongo a una muestra intencionada de 10 colonias y partes del panal, abejas vivas, larvas, propóleo.

Resultados. El porcentaje de pureza del hongo tuvo un rango entre 89 % a 100%, el rango de germinación fue entre 76% y 96% y la concentración con mayor número de esporas fue la de 100 con un 60% equivalente a 6,10 x 10⁷ esporas/mL. La concentración que obtuvo una respuesta mayor en la mortalidad fue 6.10 x 10⁷ alcanzando el 100% de efectividad.

Conclusiones. En general el nivel de infestación de *V. destructor* en las colmenas de la finca Felisa muestreadas es mayor en estado de cría (11%) con respecto a la infestación en adulto (5,4%). Las pruebas a nivel de campo realizadas al hongo para el control de la *V. destructor* se evidenció que el biocontrolador no generaba acción negativa a la colmena, a la miel y al propóleo.

1. Docente del Programa de Microbiología Industrial, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia. 2. Programa de Licenciatura Biología y Química, Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia. 3. Programa de Licenciatura Biología y Química, Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia. Contacto: echacin@udes.edu.co

TLP51. Aislamiento y caracterización molecular de bacterias oxalotróficas productoras de biopolímeros

Roger David Castillo Arteaga¹, Edith Mariela Burbano Rosero¹,
Daniel Bravo Benavides^{1,2}, Pablo Fernández Izquierdo¹

Introducción. Las asimilación microbiana de metabolitos secundarios en suelos son parte de un mecanismo de secuestro de carbono en ecosistemas terrestres, ciertas comunidades microbianas han cobrado interés debido a su alta capacidad de bioconversión y de liberación de iones para la síntesis de carbonato. Las plantas oxalogénicas, como algunas *Oxalis* sp., se han descrito como convertoras de CO₂ atmosférico en ácido oxálico y oxalatos, estos compuestos finales pueden ser utilizados por bacterias oxalotróficas, las cuales pueden estar implicadas en mecanismos de reserva de carbono como también en la síntesis de biopolímeros.

Objetivo general. El objetivo de este trabajo fue aislar a partir de plantas de 5 especies de *Oxalis* sp., de la zona altoandina de Nariño, bacterias oxalotróficas con capacidad de síntesis de biopolímeros y caracterizarlas mediante secuenciación del gen 16S rRNA.

Metodología. Para el aislamiento bacteriano se usó el medio selectivo Schlegel+Rojo Nilo, la presencia de biopolímero se verificó por fluorescencia, tinción con Sudan Negro, y extracción por fermentación. Los aislados obtenidos se caracterizaron mediante pruebas bioquímicas y secuenciación del gen 16S rRNA.

Resultados. Se obtuvieron siete aislados de bacterias oxalotróficas productoras de biopolímero. Los géneros *Bacillus* sp., *Serratia* sp., y *Pseudomonas* sp., fueron los más representativos de las comunidades oxalato-oxidantes con capacidad de sintetizar biopolímero.

Conclusiones. Tanto las pruebas bioquímicas como moleculares permitieron establecer que los aislados pertenecen al género *Serratia*, *Pseudomonas* y *Bacillus*, sin embargo se considera factible un análisis minucioso de estos aislados para poder realizar una caracterización completa de los aislados y del biopolímero.

1. Grupo de investigación en Biotecnología Microbiana, Departamento de Biología, Universidad de Nariño, Colombia. 2. Laboratory of Microbiology, Institute of Biology, University of Neuchâtel, Switzerland.

TLP52. La kinasa de colina de *Leishmania infantum* como un potencial blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis

Sergio A. Pulido¹, Jon Friesen², Juan Alzate³, David Cedeño²,
Marjorie Jones², Sandra Duque⁴, Luz Ríos⁴, Sara M. Robledo¹

Introducción. La inhibición de la síntesis de fosfatidilcolina (PC) se perfila como un promisorio blanco terapéutico para el desarrollo de compuestos con actividad leishmanicida. La kinasa de colina/etanolamina, primera enzima de la vía, podría ser un blanco terapéutico identificable en la misma. Se presenta la descripción molecular y bioquímica de la kinasa de colina/etanolamina de *Leishmania infantum* y el efecto leishmanicida de inhibidores sintéticos de esta enzima proponiéndola como un promisorio blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis.

Objetivo general. Caracterizar a nivel molecular y bioquímico la kinasa de colina de *Leishmania infantum* y proponerla como un nuevo blanco terapéutico para el tratamiento de la Leishmaniasis.

Metodología. Se clonó y se purificó la kinasa de colina/etanolamina de *L. infantum* y se realizó la determinación de los parámetros cinéticos de la enzima. Paralelamente se evaluó la actividad leishmanicida de compuestos sintéticos inhibidores de la enzima sobre amastigotes intracelulares.

Resultados. La enzima tiene una marcada actividad kinasa de colina. La secuencia de aminoácidos difiere de las enzimas homólogas en otros organismos incluyendo la humana. La actividad enzimática es inhibida por compuestos análogos del sustrato colina que muestran efectos leishmanicidas sobre amastigotes intracelulares *in vitro*.

Conclusiones. Primera evidencia experimental de la existencia de una kinasa de colina y de la existencia de la ruta clásica de biosíntesis de PC en *Leishmania* sp. Finalmente se describe una nueva familia de compuestos con actividad leishmanicida que actúan probablemente a través de la inhibición de la kinasa de colina en el parásito.

1. Programa de estudio y control de enfermedades tropicales-PECET, Universidad de Antioquia (Colombia). 2. Chemistry Department, Illinois State University (U.S.A). 3. Grupo de parasitología, escuela de medicina, Universidad de Antioquia (Colombia). 4. Universidad de Manizales (Colombia).

TLP53. Producción de biomasa de la microalga *Chlorella* sp., a partir de aguas residuales

Jazmín Vanessa Pérez Pazos¹, Pablo Fernández Izquierdo²

Introducción. Las microalgas son microorganismos fotoautótrofos que presentan una alta eficiencia fotosintética, velocidad de crecimiento, capacidad de crecer en diferentes condiciones de cultivo y sintetizar diversas biomoléculas como polisacáridos, ácidos grasos, proteínas entre otras, importantes en la industria alimenticia, farmacológica, cosmética y biocombustible. Con el propósito de reducir los costos de producción se han empleado diferentes fuentes minerales; en este sentido, el agua marina o residual puede aportar muchos nutrientes necesarios para la producción de biomasa microalgal.

Objetivo general. Por lo anterior el objetivo de la investigación fue evaluar la producción de biomasa de la microalga *Chlorella* sp., utilizando aguas residuales de la ciudad de San Juan de Pasto.

Metodología. Se realizó un diseño experimental factorial 23 en donde se determinaron los efectos de diferentes concentraciones de los nutrientes, nitrógeno, hierro y fósforo, suplementados en las aguas residuales para obtener el mejor y óptimo tratamiento.

Resultados. Los resultados indican que se obtiene 0,38g.L⁻¹ de biomasa de *Chlorella* sp con aguas residuales del río Pasto, aunque para incrementar la producción de biomasa hasta 0,76g.L⁻¹ es necesario suplementar el agua residual con 0,03 g.L⁻¹ de fósforo, 20,94355 mL.L⁻¹ de hierro y no hay necesidad de agregar nitrógeno.

Conclusiones. A partir de estos resultados se puede concluir que es factible obtener biomasa microalgal utilizando aguas residuales con lo cual se reducen los costos de producción.

1. Estudiante Investigador Grupo de Biotecnología microbiana Universidad de Nariño. 2. Director Grupo de investigación Biotecnología microbiana Universidad de Nariño.

TLP54. Correlación entre vacunación y presencia protectora de anticuerpos anti virus de la Hepatitis B en un grupo de alto riesgo de Medellín, 2011

Claudia Marcela Álvarez Flórez¹, Ana Claudia Ossa Giraldo²,
Jaiberth Antonio Cardona Arias³, Lina María Pérez G.⁴

Introducción. El VHB presenta distribución mundial, afecta a todos los grupos poblacionales, siendo de mayor riesgo las personas entre 15 y 44 años, con vida sexual activa y personal de la salud. La infección puede prevenirse por inmunización con vacuna HBsAg recombinante producido en levadura. Diversos estudios han demostrado una respuesta deficiente en relación al título de anticuerpos protectores a pesar de poseerse un esquema de vacunación completo.

Objetivo general. Determinar la relación entre los títulos de anticuerpos anti-Hepatitis B y el número de dosis de vacuna contra la Hepatitis B, en estudiantes de Medicina, Medellín, 2011.

Metodología. Estudio descriptivo transversal en una muestra probabilística de 162 personas. Recolección de información con fuente primaria. El análisis estadístico se realizó con proporciones, medidas de resumen, correlación de Spearman, prueba U de Mann Whitney, ANOVA, HSD de Tukey y chi cuadrado, en SPSS 19.0.

Resultados. El 79,6% del grupo de estudio presentó anticuerpos en un nivel protector; el promedio del título de anticuerpos fue 396, con una mediana de 129,0 y un rango intercuartil entre 15 y 1000; el título de anticuerpos presentó asociación estadística con el número de dosis y no se observó asociación estadística con el sexo ni la edad.

Conclusiones. Se halló un porcentaje elevado de personas que, a pesar de presentar el esquema de vacunación, no desarrolla una respuesta inmunológica protectora, esto se podría atribuir a la inclusión de personas con pobre respuesta inmunológica como hombres, individuos con alto índice de masa corporal, edad adulta, presencia de tabaquismo o individuos con HLA DR3-DQ2.

1. BS: MS: Ciencias Básicas Biomédicas, Docente Facultad de Medicina, Grupo de Investigación INFETTARE, Universidad Cooperativa de Colombia. 2. MB Esp Microbiología, Docente Facultad de Medicina, Grupo de Investigación INFETTARE, Universidad Cooperativa de Colombia. 3. MB MS: Epidemiología, Docente Escuela de Microbiología – Universidad de Antioquia, Docente Facultad de Medicina - Universidad Cooperativa de Colombia. 4. MD, Grupo de Investigación INFETTARE, Universidad Cooperativa de Colombia.

TLP55. Efecto de la variación en la fuente de carbohidratos sobre las cinéticas de crecimiento en cultivo de diferentes especies de *Leishmania*

Carlos Valencia, Alejandra Franco, Karina Mondragon-Shem, Carol Mesa, Sergio A. Pulido, Sara M. Robledo.

Introducción. La leishmaniosis abarca un grupo de enfermedades que afectan a millones de personas en regiones tropicales y subtropicales de todo el mundo. El estudio de la fisiología de *Leishmania* sp. es una valiosa herramienta para el entendimiento de las relaciones parásito-hospedero y parásito-vector. Ya se ha demostrado desde 1948 que las formas flageladas *Leishmania* realizan una oxidación parcial de la glucosa y la fructosa. Los medios utilizados para el cultivo del parásito generalmente poseen glucosa, pero no se ha determinado en un estudio controlado si las variaciones en la dieta de carbohidratos en cultivo pueden tener efectos sobre las cinéticas de crecimiento y sobre el desarrollo *in vitro* del parásito.

Objetivo general. Determinar el efecto biológico de seis distintas fuentes de carbohidratos sobre el crecimiento de cepas de *Leishmania* sp. *in vitro*.

Metodología. Se evaluaron las cinéticas de crecimiento de las cepas Mhom/CO/87/UA140 ePirGFP, Mhom/CO/88/UA 301 ePirGFP, IFLA/BR/67/PH8 ePirGFP y Mhom/CO/2001/UA1853 eN medio bifásico NNN modificado conteniendo cinco composiciones de azúcares diferentes.

Resultados. Todas las cepas crecieron en presencia de las distintas fuentes de carbohidratos, no obstante las cinéticas de crecimiento de las cepas mostraron tener una dependencia por la fuente de carbohidratos principalmente a nivel de la prolongación de los picos de crecimiento.

Conclusiones. Los resultados obtenidos demuestran que *Leishmania* sp. puede utilizar diversos carbohidratos en cultivo y que el efecto de los mismos sobre el comportamiento *in vitro* de los parásitos puede estar relacionado con modificaciones en la fisiología que deben ser analizadas con más detalle.

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia, Medellín-Colombia.

TLP56. Caracterización molecular mediante rep-PCR de aislados nativos de *Bacillus thuringiensis*, obtenidos de muestras de suelo

Fabián Galvis Serrano¹, Laura Moreno Rozo²

Introducción. *Bacillus thuringiensis* (Bt) produce durante la esporulación un cuerpo paraesporal cristalino de naturaleza proteínica y con propiedades insecticidas.

Objetivo general. Aislar Bt de muestras de suelo utilizando el método de medios selectivos. Identificar bioquímicamente los aislados de Bt. Caracterizar mediante rep-PCR los aislados de Bt y analizar la variabilidad genética mediante un estudio filogenético.

Metodología. Se aisló Bt utilizando el protocolo propuesto por Travers. Se hizo una determinación bioquímica con BBL CRYSTAL. Los aislados se caracterizaron mediante rep-PCR y los perfiles de ADN fueron analizados con el Software NTSYS2.0.

Resultados. Se obtuvieron 10 aislados de Bt. El análisis filogenético mostró diferencias significativas en los agrupamientos con los cebadores BcRep y MB1. Los resultados con MB1 concluyen que los aislados se agrupan con los controles positivos de la siguiente forma: BtNS3, BtNS4, BtNS5 y BtNS7 como posibles Bt var. *darmsi*, por el porcentaje de similitud (91%). Los aislados BtNS2, BtNS9 y BtNS11, muestran una similitud de 78% con el control Bt var. *israeliensis*, los aislados BtNS1 y BtNS8 se agrupan con los controles Bt var. *berliner* y Bt var. *san diego*, con una similitud del 89 y 87%, respectivamente; el aislado BtNS6 presenta un 72% de similitud con el control Bt var. *aizawai*.

Conclusiones. Con esta investigación se obtuvieron aislados de *B. thuringiensis* identificados y caracterizados fenotípicamente, bioquímicamente y molecularmente, como una alternativa en la búsqueda de nuevos bioinsecticidas para control de plagas que ocasionan un impacto negativo en la agricultura de la región y del país.

1. Biólogo, Universidad Industrial de Santander, Colombia. Magister Producción Vegetal, Universidad Experimental del Táchira, Venezuela. Profesor e investigador de la Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia. 2. Microbióloga, Universidad de Pamplona, Colombia. Magister Biotecnología de Microorganismos, Universidad de los Andes, Venezuela. Docente investigadora Universidad Francisco de Paula Santander, Cúcuta, Colombia. Grupo de Investigación en Ciencias Biológicas "Majumba".

TLP57. Blanqueamiento de un Talco Colombiano usando Bacterias

Lilliana Isaza Jaramillo

Introducción. El talco es uno de los minerales más importantes dentro de la industria por sus usos. Este se encuentra en varias partes del país, donde se tienen limitaciones en cuanto a la calidad de este, lo que hace necesario la búsqueda de herramientas tecnológicas que permitan mejorar los talcos del país.

Objetivo general. Mejorar el color del talco Colombiano.

Metodología. Talco molido (0,025 mm) de composición mineralógica y química conocida de la región de Yarumal (Antioquia), Caldo Bromfield modificado (con diferentes fuentes de carbono) ó agua destilada, una agitación 150-300 rpm y un conglomerado bacteriano (eran dos tipos de conglomerados bacterianos aislados de los suelos del Camerún: S₉ y S₆₁₁) con características metabólicas reductoras inoculadas en una cantidad de 10⁶ a 10⁸ UFC/mL. Se realizó una lixiviación en condiciones reductoras, haciendo seguimiento de la cantidad de hierro liberado hasta la estabilización. La cuantificación de hierro se realizó por colorimetría.

Resultados. Una elevación en el índice de blanco del 8,6% y una disminución del índice de amarillo en un 40% se obtuvieron con el medio consistente en agua destilada. 2% de spp fue la densidad de la solución de talco. Requirió 10 g/l de glucosa y densidad de inculo de 106 UFC/mL.

Conclusiones. Se obtiene una mejora del color del mineral, usando un conglomerado bacteriano S9.

Ingeniera de Minas y Metalurgia-UN. Magister en Preparación de Minerales (Institut National Polytechnique de Lorraine). Estudiante de Biología-U. de A.