

The image shows a large, modern conference hall. On the stage, there is a large projection screen displaying a presentation. Several people are seated at a long table on the stage, and one person is standing at a podium on the left. The audience is seated in rows of chairs, facing the stage. The room has a high ceiling with a grid of lights. A large purple decorative shape is on the left side of the image.

Resúmenes -Simposios-

CL-1. Biología de las células β del páncreas: relaciones entre el metabolismo mitocondrial y la activación de señales celulares que estimulan la proliferación celular y la secreción de insulina

Norman Balcázar*

La diabetes mellitus tipo 2 (DT2) alcanzó proporciones endémicas, se calcula que 350 millones de personas alrededor del mundo padecerán esta enfermedad para el año 2025. La DT2 se desarrolla cuando las células β del páncreas no pueden responder apropiadamente a la demanda metabólica de los tejidos periféricos. Dado el papel central de la mitocondria en el metabolismo de la glucosa y su acoplamiento con la secreción de insulina, es posible que la disminución en la función y masa mitocondrial sea un factor que predisponga al desarrollo de DT2. La regulación del metabolismo energético mitocondrial requiere vías de señalización que conecten el núcleo y el citosol con la mitocondria. En levaduras y en células de mamífero la vía de señalización de la proteína blanco de rapamicina (TOR, por su sigla en inglés) parece comunicarse directamente con la mitocondria. Esta señal es parte de un programa censor de nutrientes y energía que permite a la célula adaptar procesos fisiológicos, tales como crecimiento y proliferación, con la capacidad y disponibilidad de nutrientes. La mitocondria es la principal fuente de energía presente en forma de ATP y se requiere para llevar a cabo diferentes procesos biológicos vitales para la célula. Adicionalmente, en las células β del páncreas, el ATP y otros factores mitocondriales están asociados a la secreción de insulina estimulada por glucosa. El papel de la mitocondria en las células β es evidente en ciertos desórdenes hereditarios de origen mitocondrial, en donde el mal funcionamiento de estas células y el posterior desarrollo de diabetes está ligado a mutaciones en el genoma mitocondrial. Evidencia en la relación de mTORC1 con el metabolismo mitocondrial proviene de estudios *in vitro* realizados en células *Jurkat*. La desintegración de mTORC1 mediante el empleo de rapamicina resulta en una disminución del potencial de membrana, consumo de oxígeno y producción de ATP por parte de la mitocondria. Activación de mTORC1 por depleción de TSC2, exhibe el efecto contrario. Recientes estudios realizados en células de músculo esquelético, demostraron que mTORC1 regula la función oxidativa de la mitocondria. mTORC1 regula la expresión transcripcional de genes involucrados en la función mitocondrial mediante la interacción física con el factor de transcripción YY1 (yin-yang 1) y el coactivador PGC-1. La disminución en los niveles de expresión de estos últimos genes disminuyen la biogénesis de mitocondrias y su función oxidativa. Aunque se hay importantes avances en el conocimiento de la comunicación de la mitocondria con otras organelas, las señales hacia y desde la mitocondria que regulan la secreción de la insulina en células β no son completamente entendidas. Se necesitan más estudios para esclarecer la comunicación en la tríada mTORC1 - Mitocondria - Secreción de insulina.

*MSc., Ph.D., Departamento de Fisiología y Bioquímica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Colombia.

CL-2. Patología molecular de la leucemia mieloide aguda

Angélica Jiménez-Mejía*

La leucemia mieloide aguda (LMA) es una enfermedad fenotípica y genéticamente heterogénea que se caracteriza por la acumulación de células inmaduras (blastos) de una o varias líneas celulares (entre ellas, la eritroide, la mieloide y la megacariocítica). La clasificación de la LMA, según la Organización Mundial de la Salud (OMS), involucra las características clínicas, morfológicas, inmunofenotípicas y citogenéticas, lo cual permite aplicar el tratamiento a cada subtipo de esta patología, como entidades independientes. Las técnicas citogenéticas se aplican para el diagnóstico diferencial en algunos subtipos de la LMA, pero la determinación de las alteraciones cromosómicas se utilizan principalmente para evaluar las características pronósticas de estos pacientes, clasificándolos en tres grupos de riesgo (favorable, intermedio y desfavorable), según las alteraciones del cariotipo que presenten en el momento del diagnóstico. Al transcurrir el tiempo esta categorización evidenció la necesidad de incluir marcadores moleculares más específicos que permitieran evaluar, de manera más precisa, el pronóstico de aquellos pacientes con cariotipo normal. Es así como el avance de las técnicas de la biología molecular permitió entender, de forma más clara, la biología de la enfermedad y el mecanismo de la leucemogénesis. Las investigaciones actuales sugieren como hipótesis la existencia una célula madre (*stem cell*, en inglés) hematopoyética primitiva transformada llamada célula madre leucémica, la cual tiene la capacidad de autorrenovarse. Esta célula surge por la acumulación de alteraciones genéticas que afectan la proliferación, apoptosis y la diferenciación controlada propia de las células progenitoras hematopoyéticas normales. Estos eventos oncogénicos se dividen en dos clases: la tipo I le confiere a las células la ventaja de proliferación y supervivencia, entre éstas encontramos mutaciones en los receptores tirosina cinasa y los mediadores de la señal de transducción como FLT-3 ITD, c-KIT y RAS; las mutaciones tipo II, bloquean la diferenciación mieloide y les provee a los blastos características de autorrenovación. Entre estos encontramos alteraciones en los genes AML1, CEBPA y otros que controlan el ciclo celular y la apoptosis como NPM1 y p53. Es ahora bien establecido que las mutaciones más frecuentes en la LMA se presentan en los genes FLT3 (25% a 45%) y NPM1 (30%), el primero se relaciona a peor pronóstico y el segundo se asocia a una mejor evolución de los pacientes. La identificación recurrente de algunas de estas mutaciones en la LMA, convirtió a estos genes en candidatos para el desarrollo de terapias dirigidas a blancos moleculares específicos, con resultados prometedores que permitirían aplicar tratamientos de forma individual a cada paciente. Sin embargo, la heterogeneidad genética propia de esta patología sugiere que son necesarias investigaciones adicionales que permitan el desarrollo de moléculas más efectivas, que tal vez puedan bloquear a la vez las múltiples vías de señalización que se afectan durante el desarrollo de la enfermedad.

*Bacterióloga, Estudiante de Maestría, Hospital San Vicente de Paúl, Colombia.

CL-3. Análisis de genes posicionalmente candidatos en diabetes mellitus tipo 1 en familias antioqueñas

Javier Gutiérrez*

La diabetes mellitus tipo 1 (DT1) es una enfermedad que se caracteriza por la destrucción autoinmune de las células β del páncreas. Son muchos los factores genéticos y ambientales que se asocian a la enfermedad. Algunos de los factores genéticos involucrados presentan asociaciones específicas de población. En Colombia, muy pocos estudios se han llevado a cabo acerca de esta enfermedad y, por ende, los factores genéticos asociados en esta población son desconocidos. En este estudio se realizó progreso en el mapeo fino de una región ubicada en el cromosoma 2p25, la cual previamente se identificó en una gran familia de origen antioqueño. Se analizaron cien familias nucleares, también de origen antioqueño, en las que al menos un hijo está afectado por DT1. En sueros de los casos se evaluaron los autoanticuerpos anti-GAD, anti-IA2 y anti-TPO. Adicionalmente, se analizaron marcadores genéticos del tipo SNPs (polimorfismos de un solo nucleótido) en genes localizados en la región candidata. Los análisis de asociación se basaron en la prueba de desequilibrio de la transmisión. Se encontró que 86% de los casos presentaron al menos un autoanticuerpo positivo. Los análisis de asociación genética indicaron que el marcador rs10186193 ($p=0,005$) ubicado en el gen RNASEH1 confiere riesgo para desarrollar la enfermedad en la muestra analizada. Adicionalmente, se pudo identificar un haplotipo que refuerza la implicación de este gen en la etiología de DT1. Nuestros hallazgos sugieren la identificación de un nuevo gen asociado con la susceptibilidad a DT1. Actualmente está en proceso la colección de una muestra independiente, también de la misma población, con el fin de verificar la replicación de estos hallazgos y de caracterizar molecularmente aún más la variante o variantes de susceptibilidad en pacientes antioqueños con DT1.

*Investigador, Grupo Genética Molecular, Universidad de Antioquia, Colombia.

AM-1. Caracterización de las cinasas del sistema de transducción de señales que regulan el inicio de la esporulación en *B. thuringiensis*

Laura M. Castañeda*

Bacillus thuringiensis es una bacteria esporulada ampliamente utilizada como bioinsecticida, debido a que durante la esporulación produce la mayoría de protoxinas Cry, las cuales presentan actividad letal específica contra insectos plaga. En *B. subtilis*, el inicio de la esporulación es regulado por un sistema de transferencia secuencial de fosfatos, cuya función fisiológica es integrar las señales nutricionales, metabólicas, de ciclo celular y densidad celular para desencadenar este proceso. Este sistema está formado por proteínas sensoras histidina cinasas (HC) que detectan y transmiten las señales al interior de la célula para alcanzar niveles de fosforilación del regulador transcripcional Spo0A. Esta proteína, en forma fosforilada, reprime la expresión del gen *abrB* y activa la expresión de genes específicos de inicio de esporulación, como *spoIIA*, *spoIIG* y *spoIIE*, para así culminar con la formación de una espora. Debido a la cercanía filogenética entre *B. thuringiensis* y *B. subtilis*, la regulación del inicio de la esporulación se asume que es similar en ambas bacterias. Sin embargo, análisis comparativos entre sus genomas, identificaron que *B. thuringiensis* presenta un mayor número de HC que podrían regular de forma diferente el inicio de la esporulación y, por ende, la producción de la protoxina Cry. Con el objetivo de evaluar la función de algunas HC en el inicio de la esporulación de *B. thuringiensis* serovar. kurstaki se generaron dos cepas mutantes nulas en dos genes que codifican para proteínas HC (*hc1* y *hc2*). Mediante mutagénesis sitio dirigida, se integró una construcción mutagénica dentro del marco de lectura del respectivo gen para interrumpir la expresión del mismo. Se evaluó la morfología colonial y se detectó un marcado retraso en el inicio de la esporulación en las cepas mutantes con respecto a la cepa silvestre después de 48 h de incubación. Las cinéticas de crecimiento mostraron una frecuencia de esporulación alrededor del 2% en las cepas mutantes comparadas a un 100% en la cepa silvestre. Finalmente, se evaluó la expresión de los genes *abrB* y *spoIIG* en la cepa silvestre y en las cepas mutantes mediante QRT-PCR en tiempo real. A las 2 horas, la expresión del gen *abrB* fue similar en las tres cepas. Mientras que a las 4 h se detectó el máximo nivel de expresión del gen *abrB* en ambas cepas mutantes comparada con la cepa silvestre. A partir de la hora 5 en la cepa silvestre se estabilizó la expresión del gen *abrB* y se detectó el máximo nivel de expresión del gen *spoIIG*. Sin embargo, en ambas cepas mutantes, a pesar de que la expresión de gen *abrB*, disminuyó o se mantuvo constante, continuó siendo alta comparada con la cepa silvestre y no se detectó la expresión del gen *spoIIG* durante los tiempos evaluados. Por lo anterior, se concluye que las proteínas HC1 y HC2 son necesarias para el inicio de la esporulación en *B. thuringiensis* serovar. Kurstaki.

*MSc. en Biotecnología. Pb.D. en Ciencias, CIAD México. Profesora Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia.

AM-2. Aquatic microbial ecology: metagenomics as a tool for the prospection of genes with biotechnological interest

Sara Cuadros-Orellana*

One of the major challenges for understanding prokaryotic diversity and evolution is the notable heterogeneity of genomes that can be found within a single species or operational taxonomic unit. In addition to that, genomes have been shown to be highly dynamic. An approach to study the so-called pan-genome is to compare one reference strain genome with metagenomic sequences from the environment. This has been traditionally performed by comparative genomics of multiple isolates from a single species. However, this approach has limitations: the sequenced strains may not represent the actual diversity of the species. For example, clinical isolates are representatives of highly virulent lineages selected by the defense systems of the host or by antibiotic resistance. Free-living cells are selected during cultivation by their ability to grow in the artificial environment of the laboratory and may not accurately depict the environmental population. An alternative approach for studying the pan-genome is to use metagenomic sequence data obtained directly from an environment in which a species is known to be well represented. At least one reference strain genome has to be available to identify the metagenomic fragments as belonging to the species under study. We have applied this approach to one extreme aquatic habitat, saturated brines in a solar saltern. The genome of *Haloquadratum walsbyi* strain DSM 16790 was compared to an environmental metagenome obtained from the exact site of its isolation. This approach revealed that some regions of the strain genome were scarcely represented in the metagenome. Here we have analyzed these genomic islands (GI) in the genome of DSM 16790 and compared them with the complete sequence of some fosmid clones from the environmental library. Two of the islands, GI 2 and GI 4, overlapped with two large guanine and cytosine (GC)-rich regions that showed evidence of high variability through mobile elements. GI 3 seemed to be a phage or phage-remnant acquired by the reference genome, but not present in most environmental lineages. Most differential gene content was related to small molecule transport and detection, probably reflecting adaptation to different pools of organic nutrients. GI 1 did not possess traces of mobile elements and had normal GC content. This island contained the main cluster of cell envelope glycoproteins and the variability found was different from the other GIs. Rather than containing different genes it consisted of homologs with low similarity. This variation might reflect a phage evasion strategy. We show that such a comparative genomics approach allows for the identification of adaptive traits of microorganisms, including those that are of biotechnological interest.

*Professor Adjunto at Universidade Federal do Pará, Brasil.

AM-3. Evaluación molecular de poblaciones bacterianas asociadas a la rizósfera de *Bidens pilosa* y *Lepidium virginicum* en un suelo contaminado por metales pesados

Moisés Posada*, Gloria E. Cadavid†, Claudia X. Moreno†

La evaluación de diversas especies vegetales para usarse en procesos de remediación representa un reto en la investigación actual. Plantas como *Bidens pilosa* y *Lepidium virginicum* se constituyen en especies de estudio para la revegetalización, resistencia a herbicidas y la acumulación de metales en sus tejidos. Estas plantas son una fuente directa de estudios para conocer la interacción de la rizósfera, especialmente de bacterias asociadas que puedan tener un potencial de remediación de suelos. En este estudio se analizaron las poblaciones bacterianas en muestras de suelo del morro de basuras de Moravia, un lugar que presenta concentraciones altas de contaminantes y metales pesados que sobrepasaban los límites permisibles, lo cual indica la necesidad inminente de recuperar y remediar su suelo. En nuestro trabajo analizamos las bacterias asociadas a la rizósfera de *Bidens pilosa* y *Lepidium virginicum* mediante el uso de técnicas moleculares. Los patrones de restricción del gen ribosomal 16S (RFLP's) de los diferentes clones analizados con el programa GelCompar II®, indicaron que hay variaciones en las poblaciones bacterianas asociada a la rizósfera, con respecto a las encontradas en el suelo. Los resultados contribuirán al estudio de las interacciones contaminante-suelo y de sus procesos de biodegradación que tienen lugar de forma natural asociados a las raíces de las plantas.

*Estudiante de pregrado en Ingeniería Biológica, Facultad de Ciencias. †Profesora, Escuela de Biociencias, Facultad de Ciencias, Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección. Laboratorio de Biología Celular y Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Colombia. Contacto: ccmoreno@unal.edu.co

AM-4. Fitorremediación, realidad y utopía

Juan Barceló-Coll*

El creciente desarrollo científico y tecnológico, junto al modelo industrial, cada vez más intenso y extenso, ha producido cambios ambientales generalizados que son motivo de preocupación creciente dentro del marco global de la sostenibilidad, protección y conservación del medio ambiente. En este marco creciente de contaminación ambiental, aguda y difusa, de los suelos y del agua, recientemente emergió una nueva alternativa, la fitorremediación, como técnica efectiva en costos y sostenible ambientalmente. En nuestra exposición, tras una breve presentación de las características de la nutrición de las plantas, se considera el concepto de la fitorremediación y se exponen los diversos modelos con sus particularidades más específicas. Sobre todo, se centra la importancia en las modalidades de la fitoextracción y fitoestabilización, con especial consideración de las plantas hiperacumuladoras y sus peculiares características. Por la importancia de los modelos y de su posibilidad de aplicación, se hace especial hincapié en los mecanismos de las plantas hiperacumuladoras de metales, considerando las interrelaciones en rizosfera y en planta. Asimismo, dado el carácter restringido de estas especies hiperacumuladoras y sus limitaciones en la producción, se tratan las aportaciones por hibridación convencional y de ingeniería genética para una fitoextracción eficiente. Finalmente, a modo de corolario, se concluye con los aspectos más esenciales en la aplicación de la fitorremediación dentro del contexto del cariz teórico y práctico de su realidad, utopía, o ambas.

*Unidad de Fisiología Vegetal, Facultad de Biociencias, Universidad Autónoma de Barcelona. E-08193, España. Contacto: juan.barcelo@uab.es

AM-5. Sistemas de secreción en *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270

Andrés F. Villa*†, Fernando Pagliai*, Carlos A. Jerez*

La secreción de macromoléculas a través de la envoltura celular bacteriana es necesaria para diversos aspectos fisiológicos bacterianos como la biogénesis de organelas –pili y flagelo–, la adquisición de nutrientes, la virulencia y el eflujo de drogas, toxinas y otras proteínas. Para esto, las bacterias disponen de varias vías para transportar sus proteínas desde el citoplasma hacia el periplasma o al medio extracelular. *Acidithiobacillus ferrooxidans* es una γ -proteobacteria quimiolitotoautotrófica que obtiene su energía a partir de la oxidación del ión ferroso, azufre elemental y sulfuros metálicos, por lo que es ampliamente usada en biominería. Debido a su importancia en la biolixiviación de metales, identificar los mecanismos de secreción en esta bacteria ayudará a comprender diferentes aspectos fisiológicos que la relacionen con su entorno. Para la identificación y caracterización de los sistemas de secreción en esta bacteria se emplearon herramientas bioinformáticas y bases de datos con las proteínas conservadas para cada uno de los sistemas actualmente descritos en bacterias gramnegativas. Se encontraron componentes para los sistemas de tipo I, II, IV, V, la vía Usher y proteínas que seguirían la vía no-clásica. Dado el importante papel que tiene el sistema de secreción tipo IV (SSIV) en el transporte de proteínas y de ácidos nucleicos a través de la membrana celular bacteriana hacia el medio extracelular, se analizaron los componentes de este sistema y se realizaron ensayos que permiten corroborar su presencia y posible funcionalidad. Nuestros resultados permiten sugerir la posible existencia de un SSIV en *A. ferrooxidans*, el cual sería un hallazgo importante debido a que este sistema participa en importantes y diversos eventos celulares como la conjugación, la competencia y el transporte de proteínas efectoras. Identificar y caracterizar la presencia de un SSIV funcional en *A. ferrooxidans*, ayudará a comprender, no sólo algunos procesos fisiológicos de la bacteria, sino que permitirá, más adelante, explorar la transferencia conjugativa de ADN en este microorganismo acidófilo.

*Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias e Instituto Milenio ICDB, Universidad de Chile, Chile. †Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia.

AM-6. Mecanismos de resistencia al cobre de las bacterias y arqueas empleadas en la biolixiviación industrial de minerales

Carlos A. Jerez*

La solubilización de metales, mediante el empleo de microorganismos, es amplia y exitosamente utilizada en procesos industriales conocidos como biolixiviación de minerales o biominería para la extracción de cobre, uranio y oro entre otros metales.^{1,2} Los microorganismos empleados pertenecen al grupo de los extremófilos quimiolitotoautótrofos que viven en ambientes muy ácidos (pH 1 a 3) y en la presencia de altas concentraciones de metales tóxicos.^{1,2} Algunos de estos extremófilos son bacterias como el *Acidithiobacillus ferrooxidans* o arqueas como *Sulfolobus metallicus*, los cuales, junto a otros microorganismos, sobreviven a concentraciones de cobre (Cu) mayores a 100 mM. Esta gran tolerancia a metales sugiere que estos microorganismos presentarían mecanismos eficientes de resistencia al Cu. Recientemente, hemos estudiado los determinantes de resistencia a Cu de estos microorganismos y encontramos que *A. ferrooxidans* posee varios genes que codifican ATPasas y cuya expresión aumenta en presencia de Cu. Estas proteínas probablemente participarían en el eflujo del metal tóxico al exterior de la célula. A altas concentraciones de Cu, se observó la expresión aumentada de otros genes que codifican sistemas de eflujo de Cu empleando la fuerza protón-motriz.³ Por su parte, *S. metallicus* posee al menos dos genes para chaperonas de cobre y dos para ATPasas, los que se expresan a mayores niveles en presencia del metal. La información actual sugiere que los extremófilos biomineros responden a las concentraciones extremadamente altas de Cu empleando, simultáneamente, todos o la mayor parte de los siguientes elementos claves: a) Un amplio repertorio de determinantes de resistencia a Cu; b) La duplicación de algunos de estos determinantes; c) La existencia de nuevas chaperonas de Cu; d) Un sistema de resistencia a Cu basado en los polifosfatos inorgánicos⁴ y e) un sistema de defensa contra el estrés oxidativo. El estudio detallado de los miembros del consorcio microbiano y sus respuestas individuales al Cu y otros metales es altamente relevante, ya que proveerá conocimiento clave para la industria minera. Esta información se podrá emplear para seleccionar aquellos microorganismos más adecuados para lograr procesos industriales más eficientes.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Jerez CA. Metal extraction and biomining. Encyclopedia of Microbiology. Moselio Schaechter, Editor. pp. 407-[420]Oxford: Elsevier; 2009.
2. Jerez CA. Biomining microorganisms: molecular aspects and applications in biotechnology and bioremediation. In Advances in Applied Bioremediation, Soil Biology 17. A. Singh et al., (eds.). DOI: 10. 1007/978-3-540-89621-0_13, pp. 239-256. Springer-Verlag Berlin Heidelberg; 2009.
3. Navarro CA, Orellana LH, Mauriaca C, and Jerez CA. Transcriptional and functional studies of *Acidithiobacillus ferrooxidans* genes related to survival in the presence of copper. Appl. Environ. Microbiol. 2009; 75: 6102-9.
4. Remonsellez F, Orell A, and Jerez CA. Copper tolerance of the thermoacidophilic archaeon *Sulfolobus metallicus*: possible role of polyphosphate metabolism. Microbiology. 2006; 152: 59-66.

*Laboratorio de Microbiología Molecular y Biotecnología, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias e Instituto Milenio ICDB, Universidad de Chile, Chile.

AM-7. Biodegradación de hidrocarburos aromáticos policíclicos de la creosota en microcosmos slurries (agua/suelo): acumulación de productos de oxidación

Lida Arias-Marín*, José L. Niqui-Arroyo†, José J. Ortega-Calvo‡, Magdalena Grifoll#

La inapropiada disposición de residuos de mezclas de hidrocarburos ha derivado en el incremento progresivo del número de sitios contaminados, lo cual generó una problemática ambiental a la que se suma la dificultad de establecer estrategias efectivas para restablecer la transformación ecosistémica. Los hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP), pueden formarse en la naturaleza como resultado de procesos biogénicos, geoquímicos o antropogénicos. En estos últimos se incluye la licuefacción y gasificación de combustibles fósiles que generan, entre otros productos, el aceite de creosota (ATSDR, 2002), un derivado enriquecido en HAP frecuentemente utilizado en la preservación de maderas. Grifoll *et al.*, (1995) y López (2003), han evidenciado que bacterias como *Bulkholderia cepacia* F297 (1995) y *Mycobacterium* CP1, respectivamente, tienen la capacidad de degradar mezclas de HAP en medios líquidos y de acumular productos metabólicos como ácido naftoico, cetonas aromáticas, ácido difénico y ácidos dicarboxílicos. Debido a que algunos de los metabolitos acumulados pueden alcanzar niveles de toxicidad cercanos o equivalentes a aquellos de los compuestos parentales, se requiere entonces fortalecer la comprensión del proceso involucrado en la producción y eliminación de dichos productos de oxidación en el suelo. En este sentido, en el presente trabajo se determinaron: a) Los porcentajes de biodegradación de los HAP de la creosota por *Mycobacterium* CP1 en slurries; b) La acumulación de productos metabólicos, así como c) Las tasas de mineralización de HAP -fenantreno, antraceno, fluoranteno y pireno- marcados con ¹⁴C. Los resultados encontrados evidencian un 74% de degradación de fenantreno, 54% de antraceno, 62% de fluoranteno y aproximadamente un 60% de degradación de pireno por *Mycobacterium* CP1. Asimismo, se detectó la acumulación de productos de biodegradación (9-fluorenona, ácido difénico y 1,8-naftaleno dicarboxílico) recuperados previamente en cultivos líquidos. Se validaron los procesos de extracción, fraccionamiento y *clean-up*, y se comprobó su efectividad en la detección de productos metabólicos bacterianos resultantes de la degradación de los HAP parentales en muestras de suelo. Para fenantreno, pireno y fluoranteno se encontró que la dinámica de mineralización inició rápidamente, mientras que antraceno no mostró una curva evidente de mineralización durante el período de incubación. Como conclusión, *Mycobacterium* CP1 probó ser eficiente para la degradación de HAP de la creosota en microcosmos slurries, utilizando compuestos de dos, tres y cuatro anillos y generando productos metabólicos que se acumulan durante el proceso, y presentan valor potencial como bioindicadores para la monitorización de procesos de atenuación natural y de otras estrategias de biorremediación.

*Profesora, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia. †Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, CSIC, España. ‡Departamento de Microbiología, Universidad de Barcelona, España.

AM-8. Biodegradación de hidrocarburos totales del petróleo en suelos y acuíferos: proceso tecnológico, parámetros de diseño y criterios de aplicación

Santiago Cardona-Gallo*

El siguiente trabajo presenta la síntesis para la biodegradación y biorremediación de suelos y acuíferos contaminados con hidrocarburos totales del petróleo como un problema complejo, su proceso tecnológico, parámetros de diseño y criterios de aplicación. La presentación de la biodegradación como herramienta de la biorremediación a manera de tecnología para remediar sitios contaminados. Determinación del modelo conceptual del sitio impactado como un reactor bioquímico. Se describen los procesos biológicos desarrollados a nivel de laboratorio por medio de protocolos de tratabilidad desde escala de microcosmos a escala real. Enfatizando acerca de la caracterización del suelo por medio de sus unidades microbiológicas, físicas y químicas, obtención de las rutas metabólicas teóricas y el estudio de la molécula química del contaminante como limitante de la biorremediación. Para, posteriormente, obtener la cinética biodegradativa del contaminante original y los cometabolitos generados en función de la peligrosidad o toxicidad del compuesto para poder predecir comportamientos de los contaminantes en el suelo. Análisis de la caracterización del suelo, cinéticas obtenidas, ecosistema microbiano, inhibiciones y bioquímica del contaminante. Cosustratos aplicados y demás herramientas para acelerar la velocidad del metabolismo microbiano como aceptores finales de electrones, nutrientes y catalizadores. Exposición genérica del proceso de diseño para un sistema biorremediador. Escalamiento del proceso, aplicación a escala real y comercial. Presentación de proyectos desarrollados desde laboratorio y a escala real y comercial.

*Profesor, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Facultad de Minas, Escuela de Geociencias y Medio Ambiente, Pregrado en Ingeniería Ambiental. Contacto: scardona@unal.edu.co, sancardonagallo@gmail.com

IN-1. Desarrollo de procesos de producción de biocombustibles por métodos biológicos menos contaminantes

Francisco G. Acien-Fernández*

El actual consumo de combustibles fósiles resulta insostenible a largo plazo debido al agotamiento de las reservas. Además, está provocando serios problemas debido al cambio climático derivado de la movilización del dióxido de carbono acumulado en dicho combustibles, a la atmósfera, mediante su combustión. La alternativa a este problema pasa por una disminución en el consumo de energía, así como por la sustitución de las actuales fuentes fósiles de energía por energías renovables. Entre las diferentes energías renovables existentes, la biomasa es una de las más interesantes, ya que es una fuente de energía almacenable y disponible a demanda. De estas, la biomasa rica en carbohidratos, lípidos, o ambos, es especialmente valiosa por la posibilidad de obtener, a partir de la misma, biocombustibles como el bioetanol o el biodiesel, utilizables por la actual flota de vehículos de transporte. Dentro de las biomásas propuestas como fuente de biocombustibles se enmarcan los microorganismos fotosintéticos, microalgas y cianobacterias, principalmente. La ventaja de este tipo de microorganismos frente a otros cultivos energéticos como la soja, colza, palma, etc., es que no constituyen una fuente de alimentos, enmarcándose en lo que se denomina biocombustibles de segunda generación. Además, las microalgas y cianobacterias presentan ventajas frente a estos cultivos como el que no requieren suelo fértil para su desarrollo, así como pueden utilizar agua de mar, aguas procedentes de otros usos (urbanos o industriales), o ambas, contribuyendo así a su depuración; además, consumen grandes cantidades de dióxido de carbono por lo que también permiten depurar gases industriales. Todo ello hace de la producción de biocombustibles a partir de microalgas y cianobacterias una alternativa altamente sostenible, por lo que en los últimos años grandes expectativas se han despertado a este respecto. A pesar de estas premisas, la producción de biocombustibles a partir de microalgas y cianobacterias es hoy día sólo una hipótesis científica y técnica apenas soportada por algunos ejemplos de demostración a escala piloto. La mayor parte de las experiencias actuales se derivan de plantas de producción de pequeña escala que en los últimos años han producido biomasa de microalgas para aplicaciones de valor como alimentación animal-humana y productos nutracéuticos. La producción de biocombustibles a partir de estas experiencias es inviable por dificultades de costo y escala, por lo cual necesario desarrollar una reingeniería de todo el proceso, desde la célula a la obtención del biocombustible. Las expectativas para alcanzar este objetivo son buenas, ya que actualmente numerosos equipos multidisciplinares financiados por organismos públicos y privados están trabajando simultáneamente en este tema, lo que, sin duda, favorecerá el desarrollo de la biotecnología en general y la de microalgas en particular como fuente de riqueza y progreso.

*Profesor, Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Almería, España.

IN-2. Challenges of bio-process development using immobilized cell cultures: bio-ethanol production from cheese whey and continuous production of beer

José A. Teixeira*

The development of advanced and efficient fermentation systems is one of the main objectives in Industrial Biotechnology. Among the several existing possibilities, the use of bioreactors operating with immobilized cells presents several advantages, namely: a) An increased productivity, b) An easier separation of the biomass from the fermentation product, c) A long term operation stability (in the case of continuous bioreactors), d) Prevention of contamination. The application of these systems is of particular relevance when dealing with high volume low added value fermentation products, as is the case of bioethanol production and beer fermentation. It is also required that bio-reactors better adapted to the culture conditions of immobilized microorganisms are used, gas-lift systems being an interesting alternative due to their simple construction and a better control of the applied shear stress. The use of a simple and inexpensive immobilization procedure is also a main concern. Results will be presented on the development of fermentation processes for the production of bioethanol using as substrate cheese whey, a high pollutant effluent of the dairy industry, and on the continuous production of beer. In the case of cheese whey, cells were immobilized by taking advantage of its flocculation ability, while for beer production a different immobilization principle was applied, as cells were immobilized using brewer's yeast spent grains as a support material. The obtained results clearly demonstrate the advantages associated with the use of bioreactors with immobilized cells. For cheese whey alcoholic fermentation, a long term operating system was developed, operating either continuously or in repeated batch, that allowed for ethanol productivities significantly larger than in conventional processes. In the case of brewing, a system was established that allowed for the main fermentation to be completed in 24 hours and the overall brewing process to end after 72 hours while maintaining the main organoleptic properties of the beer.

*Institute for Biotechnology and Bioengineering, Centre of Biological Engineering, Universidade do Minho, Campus de Guallar, 4710-057 Braga, Portugal. "Utilization of an external loop bioreactor for the isolation of a flocculating strain of *Kluyveromyces marxianus*". Mota M, Teixeira J. *Current Antbropology*. 1981; 20(2): 159-62"

IN-3. Producción de alcohol carburante a partir de harina de yuca en un sistema de hidrólisis enzimática y fermentación simultánea

Mariana Cardona*, Carlos Mejía*, Hader Castaño*, Lina Agudelo*, Alejandro Acosta*

La acelerada disminución de las reservas mundiales de hidrocarburos, los precios internacionales del petróleo, la tensa situación política internacional en las más grandes áreas de producción y exportación de petróleo y la alta preocupación por los niveles de contaminación y el calentamiento global han desencadenado una fiebre mundial por la producción de biocombustibles, por lo cual, durante las dos últimas décadas se han desarrollando e implementado diferentes metodologías para optimizar la producción de este hidrocarburo. Por esta razón, en esta investigación se estudió la producción de alcohol carburante empleando la enzima STARGENT™ 001 desarrollada por Genencor® Internacional que permite hidrolizar almidón granular a glucosa sin la necesidad de gelatinizarlo o licuarlo, lo que implica reducir a una etapa el proceso de producción de etanol, acoplado, de este modo, los procesos de licuefacción, sacarificación y fermentación etanólica, hecho que permite la unión de tres metodologías antes trabajadas independientemente, lo que representa grandes ventajas con relación a los procesos convencionales de obtención de bioetanol. En esta investigación se analizó el efecto de la velocidad de agitación y de la temperatura de prelicuado necesaria para el proceso de hidrólisis enzimática de harina de yuca, por medio de un modelo de superficie de respuesta con punto central sobre la producción de alcohol carburante empleando la metodología de hidrólisis enzimática y fermentación simultánea (HEFS), el proceso fermentativo se llevo a cabo en un reactor de 5L durante 72 horas, y se realizaron 11 experimentos de los cuales la concentración máxima de etanol obtenida fue de 14,6% v/v y la productividad fue de 1,6 g/Lh. Ambas factores evaluados presentaron un efecto significativo en el diseño experimental, del cual se pudo concluir que al aumentar la temperatura de hidrólisis enzimática (prelicuado) aumentó la producción de etanol al igual que al aumentar la velocidad de agitación, aunque a partir de 64°C (temperatura de gelatinización) la cantidad de etanol obtenido comenzó a ser constante. Además, por medio de los resultados encontrados se pudo establecer que la metodología (HEFS) permite obtener mayores rendimientos por unidad de grano, reduce gastos energéticos y de producción por unidad de etanol producido y además reduce la cantidad de unidades de operación requeridas durante el proceso.

*Grupo Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia.

IN-4. Diversidad microbiana y bioprospección

Carolina Díaz-Cárdenas*

Aunque no se puede predecir con exactitud el número de procariotas presentes en la biosfera, se ha aceptado generalmente que a la fecha los microorganismos aislados, caracterizados y descritos representan menos del 1% de la diversidad presente, lo cual sugiere que existiría una increíble diversidad de enzimas, metabolitos y productos naturales por descubrir a partir de este reservorio de diversidad.

El reconocimiento del potencial uso de los microorganismos como fuentes de nuevos compuestos bioactivos, incrementó el desarrollo de estrategias de bioprospección, la cual puede definirse como “la búsqueda sistemática, clasificación e investigación de nuevas fuentes de compuestos químicos, genes, proteínas y otros productos que posean un valor económico actual o potencial y que se encuentran en los componentes de la diversidad biológica”.

La bioprospección basada en los recursos genéticos microbianos es una buena opción teniendo en cuenta: a) La gran cantidad de compuestos bioactivos encontrados en microorganismos; b) Su alta diversidad genética; c) La habilidad de los microorganismos para colonizar diversos ambientes; y d) La relativa facilidad para manipular los genotipos y fenotipos en el laboratorio.

Muchos estudios de bioprospección se han centrado en el estudio de un grupo particular de microorganismos de los cuales se conoce su capacidad para la producción de compuestos de interés, tal es el caso de los *Actinomicetes*, los cuales han sido ampliamente estudiados debido a su importancia en la producción de compuestos antimicrobianos; sin embargo, Bull (2000) ha sugerido que nuevas estrategias de búsqueda para realizar estudios de bioprospección, deberían incluir el estudio de taxones nuevos y taxones de ecosistemas poco explorados, los cuales pueden ser un reservorio importante de genes o compuestos de interés comercial.

La Unidad de Saneamiento y Biotecnología Ambiental (USBA) a través de la línea de investigación en diversidad biológica aplicada a la biotecnología ambiental, trabaja desde el año 2002 en el análisis de la composición, estructura y función de las comunidades microbianas de ambientes acuáticos extremos. Para esto, en la Unidad se han trabajado técnicas dependientes de cultivo para el aislamiento de microorganismos extremófilos y técnicas de biología molecular para la exploración de la diversidad microbiana.

Las evaluaciones fenotípicas y genotípicas de los microorganismos aislados se complementan con caracterizaciones quimiotaconómicas y moleculares para la descripción de nuevas especies, géneros, o ambos. Los proyectos de investigación están orientados hacia la evaluación del potencial de los microorganismos aislados mediante el estudio de sus metabolitos secundarios y actividades enzimáticas.

Los resultados obtenidos indican que la diversidad microbiana de ambientes extremos en nuestro país representa un gran reservorio de diversidad genética inexplorado, y una fuente importante de enzimas y metabolitos.

*Microbióloga Industrial. MSc., Pb.D.(c), Pontificia Universidad Javeriana, Colombia.

IN-5. Identificación molecular de *Listeria monocytogenes* en matrices cárnicas

Lina M. López-de-Ávila*

Listeria monocytogenes es un importante patógeno asociado a enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), que produce una infección llamada listeriosis, adquirida por el consumo de alimentos contaminados: carnes, leches, queso, frutas, ensaladas y pescado. Dentro de la población más susceptible a adquirir esta infección están los ancianos, recién nacidos, mujeres en embarazo y, en general, pacientes con compromiso de la inmunidad celular.

Este microorganismo posee características que lo convierten en un importante contaminante de alimentos; su hábitat es el suelo donde permanece de manera saprofita y pueden llegar a los alimentos. Los métodos que actualmente se utilizan para la tamización se basan en técnicas de ausencia/presencia que involucran varios pasos de enriquecimiento y confirmación con pruebas bioquímicas que tardan 15 días en arrojar resultados. Este método no permite tomar decisiones rápidas en la industria de alimentos, lo cual causa incrementos en el tiempo de liberación de productos. Es por esto que el control microbiológico de los alimentos exige técnicas que sean altamente sensibles y específicas, pero que, además, sean rápidas y permitan ejercer un seguimiento en la línea de producción de todo tipo de alimento. Las técnicas moleculares han cobrado gran fuerza en los últimos años como alternativa a los métodos convencionales de detección, aportando una mayor sensibilidad y especificidad; una de las técnicas más utilizadas es la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). La implementación de la PCR como herramienta de detección elimina las ambigüedades en los resultados de un estudio microbiológico, reportando específicamente el género y especie bacteriana presente en la muestra. La estandarización de técnicas moleculares para la detección de microorganismos a partir de matrices alimenticias exige la evaluación de diferentes métodos de extracción del ADN bacteriano para determinar el mejor desempeño en la realización de la PCR de acuerdo a cada alimento evaluado.

Para matrices cárnicas se han evaluado diferentes métodos de extracción de ADN que involucran lisis celular por choque térmico, purificación con solventes orgánicos y concentración del material extraído. Luego de analizar los resultados de la evaluación de los diferentes protocolos de extracción de ADN y su influencia sobre la reacción de PCR múltiple para la identificación de *Listeria* spp. y específicamente *L. monocytogenes*, basada en la identificación de una región conservada del gen de la subunidad 16S rRNA y el gen hlyA, se determinó que cualquiera de los métodos de extracción de ADN evaluados puede ser aplicado al protocolo de identificación molecular, todos los métodos arrojaron muestras de calidad adecuada para permitir la amplificación de los dos fragmentos esperados. En dirección a reducir tiempo de procesamiento, uso de reactivos costosos y potencialmente tóxicos, se adoptó el método de extracción simple con PBS + Tween 20 como el método de extracción de ADN óptimo para el desarrollo de un protocolo de identificación de rutina de alimentos contaminados con *Listeria* spp. y *Listeria monocytogenes*. Este método es fácilmente aplicable, no se requiere una disposición especial del material de descarte, además el tiempo de procesamiento de las muestras se reduce considerablemente a solo una hora.

*Microbióloga y Bioanalista, Estudiante de Maestría, Universidad de Antioquia, Colombia.

IF-1. Approaches to identification of anaerobic bacteria

Diane M. Citron*

Anaerobic bacteria are capable of causing almost any type of infection. Some of the infections, such as osteomyelitis, chronic sinusitis, diabetic foot infection, are chronic while others, usually involving clostridia are acute and often life threatening. The distinct cell appearance of some of the species such as *Fusobacterium nucleatum* that has long slender pointed cells, allows for presumptive identification just from gram-stained smears of the clinical sample. Other species produce typical colonies on anaerobic blood agar or other selective agars that allow for rapid identification. Examples are brown-pigmented colonies of *Prevotella melaninogenica*, large colonies exhibiting a double zone of β -hemolysis seen with *Clostridium perfringens*, or "breadcrumb" colonies typical for *Fusobacterium nucleatum*. Special media include lysed blood agar with kanamycin and vancomycin (LKV), which is selective for *Bacteroides* and *Prevotella* species. The lysed blood enhances the pigmentation and the antibiotics exclude gram-positive and enteric species. Another medium is bile-esculin agar with gentamicin (BBE), which is selective and differential for the bile-resistant and esculin-positive *Bacteroides fragilis* group. The gram-negative anaerobes can be grouped into the main genera using susceptibility to special potency disks of vancomycin (5 μ g), colistin (10 μ g) and kanamycin (1.000 μ g), plus some rapid tests such as catalase, bile-resistance, and indole-production. Commercial kits for preformed enzymes or carbohydrate fermentation can identify the most common anaerobes to at least a genus level; however, species level identifications are not always accurate. Except for *Propionibacterium acnes*, which can be identified by positive reactions for catalase and indole, other non-sporforming gram-positive rods are difficult to identify even to the genus level. In recent years, with the advent of molecular techniques, the taxonomy of anaerobes has expanded dramatically resulting in numerous new genera and species. Often these are difficult to distinguish using phenotypic characteristics and can be identified only by sequencing the 16S rRNA gene. While this technique is still beyond the means of many clinical laboratories, the technology is improving and becoming less expensive and will undoubtedly be used more and more in the future. Currently, the most notorious anaerobe is *Clostridium difficile*, the cause of antimicrobial associated diarrhea, which in its more severe form can cause devastating pseudomembranous colitis, with multiple relapses in 25% of patients, sometimes requiring colectomy. While most strains appear susceptible in vitro to vancomycin and metronidazole, a "heteroresistance" has been identified with metronidazole using the E-test or metronidazole disks. Older hospitalized patients are at higher risk for severe infection, but increasingly, community acquired infections are being recognized, especially among pregnant and post delivery women. *C. difficile* infection is most often diagnosed by demonstrating the presence of toxins in stool supernatants, but toxigenic culture can also be done using ethanol-treated stool samples and culture onto a selective agar containing cycloserine and cefoxitin to inhibit the other enteric flora. Colonies of *C. difficile* are distinctive and have an odor of horses. Anaerobic bacteria are involved in many infections and laboratories should include procedures for their recovery and identification from clinical specimens.

*R.M. Alden Research Laboratory, CA 90404, Santa Monica, United States of America.

IF-2. Candida albicans: biofilms and antifungals

José L. López-Ribot*

In recent years there has been an increasing recognition that microbial biofilms are ubiquitous which has resulted in a number of studies on infectious diseases from a biofilm perspective. Biofilms are defined as structured microbial communities, attached to a surface and typically encased in a matrix of exopolymeric material. A wide range of biomaterials used in clinical practice have been shown to support colonization and biofilm formation by *Candida* spp. and the increase in *Candida* infections in the last decades has almost paralleled the increase and widespread use of a broad range of medical implant devices, mainly in populations with impaired host defenses. In particular, *Candida* is the third leading cause of catheter-associated nosocomial infections, with the second highest colonization to infection ratio and the absolute highest mortality. Formation of *Candida* biofilms carries important clinical implications. Most notably cells in biofilms display high levels of resistance against most clinically used antifungal agents. Our group has taken a prominent role in the development of models of *C. albicans* biofilm formation, both *in vitro* and *in vivo*, and in the study of their associated characteristics, including structural features and the examination of their susceptibility patterns to antifungal agents and resistance mechanisms. We have also used genomic and proteomic techniques to study gene and protein expression associated with the biofilm life-style. We have performed chemical genetics/small molecule screens to identify inhibitors of *C. albicans* biofilm formation. Results indicate that *C. albicans* biofilm formation occurs through different developmental phases that include initial attachment and colonization, followed by cell division, proliferation, maturation and dispersion. Mature *C. albicans* biofilms show a complex three-dimensional architecture and display extensive spatial heterogeneity, consisting of a dense network of yeasts and filamentous cells encased within a matrix of exopolymeric material. This structural complexity represents the optimal spatial arrangement to facilitate the influx of nutrients, disposal of waste products and the establishment of micro-niches throughout the biofilm. Recent studies at the molecular level have begun to shed light on the driving forces behind the transition to the biofilm mode of growth, including filamentation, quorum sensing, the composition of the extracellular matrix, and molecular mechanisms of drug resistance. Most recently, we have developed a *C. albicans* biofilm chip for true high throughput screening to allow for the identification of novel antifungal drugs with activity against fungal biofilms.

*Dept. Biology and South Texas Center for Emerging Infectious Diseases, The University of Texas at San Antonio, Texas, United States of America.

IF-3. Herramientas proteómicas aplicadas al estudio de infecciones de origen parasitario

Patricia Cuervo-Escobar*

En términos de morbilidad y mortalidad, las enfermedades parasitarias son devastadoras en las regiones tropicales y subtropicales del mundo y representan una de las principales amenazas para la salud y el bienestar humano. De acuerdo con los datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS), solamente malaria, leishmaniasis y tripanosomiasis suman cerca de un millón cuatrocientos mil muertes por año, y una pérdida de cerca de 50 millones de años de vida productiva en la población económicamente activa. Las herramientas diagnósticas para la gran mayoría de enfermedades parasitarias son limitadas y los medicamentos disponibles actualmente para el tratamiento de ellas son anticuados, tóxicos y requieren esquemas largos con baja adhesión por parte de los pacientes. A este cuadro se suma el surgimiento de resistencia a muchos de esos medicamentos en distintas regiones del mundo. El secuenciamiento completo o en progreso del genoma de cerca de 30 especies de protozoarios y 15 especies de helmintos representa un considerable avance para el entendimiento de la biología de los distintos parásitos y de la patogénesis de las enfermedades que ellos causan. En este contexto, la disponibilidad de las secuencias genómicas hace factible la aplicación de tecnologías proteómicas para estudios funcionales en esos organismos. Los estudios proteómicos buscan descripciones detalladas de la estructura, función y control de los sistemas biológicos, pasando del estudio de proteínas aisladas para un análisis del proteoma global. Los estudios globales de proteínas en parásitos comenzaron aproximadamente hace tres décadas, pero se vieron limitados por la falta de reproducibilidad e incapacidad para identificar las proteínas de interés. Gracias a los avances en técnicas analíticas de separación, espectrometría de masas (MS, por su sigla en inglés) aplicada a proteínas y a la disponibilidad de las secuencias genómicas, ha sido posible generar evidencia de la expresión génica al nivel de proteína para diversos parásitos bajo distintas condiciones experimentales, asignar funciones a proteínas hipotéticas, identificar nuevos marcadores diagnósticos, determinar potenciales blancos de medicamentos y de vacunas, y describir mecanismos específicos relacionados a la biología de cada especie de parásito estudiada hasta el momento.

*Laboratório de Pesquisa em Leishmaniose, Instituto Oswaldo Cruz, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brasil.

IF-4. Epidemiología clínica y molecular de *Staphylococcus aureus*, Medellín, Colombia

Judy N. Jiménez-Quiceno*, Ana M. Ocampo-Ríos, Erika A. Rodríguez-Tamayo, Carlos E. Muskus-López, Lázaro Vélez, Carlos Rojas, Carlos Garcés, Andrea V. Restrepo-Gouzy, Olga Molina, Sigifredo Ospina, Luz A. Patiño, Liliana Franco, Margarita Restrepo, Margarita M. Correa-Ochoa.

Staphylococcus aureus es responsable de altas tasas de morbilidad y mortalidad en la comunidad y en hospitales, en parte, debido a su capacidad de adaptación a los antimicrobianos. La presión antibiótica ha favorecido la evolución genética de *S. aureus*, con la consecuente aparición de cepas con diferentes determinantes de virulencia y patrones variables de susceptibilidad, que difieren epidemiológicamente; así, se reportan cepas de *S. aureus* sensibles a meticilina (MSSA, por su sigla en inglés), resistentes a meticilina asociadas al ambiente hospitalario o al cuidado de la salud (HA-MRSA, por su sigla en inglés) y cepas resistentes a meticilina asociadas a la comunidad (CA-MRSA, por su sigla en inglés).

La prevalencia de estas cepas de *S. aureus* varía considerablemente entre países y hospitales, incluso dentro de una misma región. En Colombia, desde la década de los años noventa, la incidencia de MRSA ha aumentado considerablemente en hospitales de mediana y alta complejidad. En Medellín, como en el resto del país, el uso no regulado de antibióticos, y con frecuencia inadecuado, favorece la aparición de estas cepas, sin embargo en el ámbito local no se han realizado estudios adecuados sobre la epidemiología de *S. aureus*.

Teniendo en cuenta este contexto, se propuso describir y comparar las características clínicas, epidemiológicas, moleculares y de susceptibilidad de los aislamientos de MSSA y MRSA provenientes de pacientes con infecciones adquiridas intrahospitalariamente o en la comunidad, que ingresaran a los Hospitales Universitario San Vicente de Paul (HUSVP), Pablo Tobón Uribe (HPTU) y la Clínica Cardiovascular, de la ciudad de Medellín, entre los años 2008 y 2010.

La población de referencia la conforman pacientes adultos y pediátricos hospitalizados con aislamientos de *S. aureus*, durante los años 2008, 2009 y 2010. El total de la muestra se calculó en 793 pacientes. Se realizó un muestreo aleatorio estratificado con asignación proporcional. A todos los pacientes se les solicita consentimiento informado, los datos clínico-epidemiológicos se obtienen de la historia clínica. La identificación fenotípica de los aislamientos MSSA y MRSA, y su perfil de susceptibilidad se realiza en las instituciones de origen. Los aislados de *S. aureus* y la resistencia a meticilina se confirman molecularmente, empleando los genes *nuc* y *mec*, respectivamente. La genotipificación de MSSA y MRSA se realiza empleando PFGE, *spa* y el SCCmec. Adicionalmente se determinan los genes de factores de virulencia: *pvl*, *sea*, *seb*, *sec*, *sed*, *set*, *eta*, *etb* y *tst*. El análisis de los datos se realiza en SPSS® versión 15.0.

Los resultados preliminares en 350 pacientes muestran diferencias en la presentación de las características clínico-epidemiológicas, lo cual confirma que la epidemiología de *S. aureus* no es extrapolable y depende de las condiciones particulares de cada institución.

La genotipificación evidencia que las cepas de MSSA son más variables que las MRSA, adicionalmente presentan mayor cantidad de factores de virulencia. Así mismo, se logró demostrar que en las instituciones de Medellín las cepas tipo IVc, tradicionalmente consideradas como CA-MRSA, son las principales responsables de infecciones HA-MRSA.

*Profesora Escuela de Microbiología, Grupo de Microbiología Molecular. Universidad de Antioquia. Contacto: judynatalia@yahoo.com

IF-5. Características epidemiológicas de pacientes colombianos con histoplasmosis y valor diagnóstico de las pruebas de laboratorio

Karen Arango*, Cesar Muñoz*, Ángela Restrepo*, Luz Elena Cano*†, Ángel González*†

La histoplasmosis se considera una de las micosis endémicas y sistémicas más comunes en Colombia y el mundo. Sin embargo, esta micosis no es una enfermedad de notificación obligatoria, lo que dificulta el conocimiento de la epidemiología y el comportamiento de esta enfermedad en el ámbito local. El diagnóstico de la histoplasmosis se realiza mediante el aislamiento del hongo en cultivo, identificación microscópica, por pruebas inmunológicas que permiten detectar antígenos, anticuerpos, o ambos, y, más recientemente, por pruebas moleculares.

El propósito de este estudio fue determinar el comportamiento y las características epidemiológicas de pacientes con histoplasmosis que fueron diagnosticados en la Unidad de Micología Médica y Experimental de la Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB) en la ciudad de Medellín durante un periodo de 20 años (1987-2007); así como evaluar el valor diagnóstico de las pruebas de laboratorio para esta micosis.

Las historias clínicas y los registros de laboratorio de 392 pacientes con diagnóstico de histoplasmosis, en quienes se determinaron los factores de riesgo y las pruebas de laboratorio realizadas para el diagnóstico [pruebas microbiológicas (cultivo) y serológicas (inmunodifusión y fijación de complemento)] fueron revisadas retrospectivamente. Adicionalmente, 146 muestras clínicas provenientes de un grupo de 135 pacientes con sospecha clínica de histoplasmosis fueron evaluadas por una prueba molecular (PCR-Hc100).

Se encontró que a partir del año 1999 la histoplasmosis presentó una tendencia al aumento en el número de casos. El 79,6% de las muestras provenían de hombres y el 20,4% de mujeres, con un rango de edad entre los 21 y 40 años. El principal factor de riesgo asociado a la histoplasmosis fue la infección con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). De un total de 392 pacientes el 46% (180) fue diagnosticado por pruebas serológicas, el 33% (129) por cultivo y el 21% (83) por ambos métodos diagnósticos. Solo en 218 pacientes fue posible determinar la forma clínica de la micosis; de un total de 218 pacientes el 72% (157) presentó una histoplasmosis diseminada y un 28% (61) la forma pulmonar. En el grupo de los pacientes VIH+ (184) la positividad con respecto a las pruebas diagnósticas mostraron que el 49% (90) de estos pacientes fueron positivos solamente por cultivo, mientras que un 25% (46) fueron positivos por serología y un 26% (48) fueron positivos tanto por cultivo como por serología. Adicionalmente, en 61 pacientes de este grupo se logró determinar el recuento de linfocitos T-CD4, el que se correlacionó significativamente con la prueba de inmunodifusión y con los cultivos (valor de P inversa = 0,1673 y 0,1625, respectivamente).

Del grupo de muestras provenientes de pacientes con sospecha clínica de histoplasmosis y analizadas por pruebas moleculares, el 45,9% (67) fueron positivas por cultivo y PCR, mientras nueve muestras negativas por cultivo fueron positivas por PCR. Esta prueba molecular presentó una sensibilidad del 100% y una especificidad del 95,2%, un valor predictivo y negativo del 83% y el 100%, respectivamente.

En este estudio, los casos de histoplasmosis diagnosticados en la CIB (centro de referencia para el diagnóstico de las micosis), representa una buena parte de los diagnósticos realizados en Colombia y, por consiguiente, los datos obtenidos contribuyen a un mejor conocimiento de esta micosis en el país. Adicionalmente, se logró validar e implementar la prueba molecular PCR-Hc100 para la detección de ADN de *H. capsulatum*, la cual debe considerarse como una prueba útil de laboratorio en las áreas endémicas para esta micosis.

*Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). †Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia.

IF-6. Avances en el diseño de vacunas contra el virus de la influenza

Gloria C. Ramírez-Nieto*

La influenza continúa siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en diferentes partes del mundo. La prevención de esta enfermedad tanto en humanos como animales radica en la disponibilidad de biológicos efectivos y eficientes que provean una inmunidad apropiada. El desarrollo de vacunas que cumplan con éstos requisitos representa un desafío para la comunidad científica. Lo anterior se deriva de características propias de su agente causal, un virus de tipo RNA que pertenece a la familia Orthomyxoviridae, cuyo genoma segmentado incrementa la oportunidad de rearrreglos genéticos, conduciendo a la generación de diferentes cepas. La alta variabilidad del virus, reflejada en la existencia de diferentes subtipos de la hemaglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA), proteínas de superficie del virus que son los principales determinantes antigénicos contra los cuales se producen anticuerpos de tipo neutralizante, hace el diseño de vacunas efectivas contra el virus de la influenza aún más complejo, ya que éstas pueden, además, presentar diferencias en la composición de aminoácidos dentro de los diferentes subtipos. Sumado a lo anterior el amplio rango de huéspedes susceptibles dificulta el diseño de estrategias de vacunación que sean tanto efectivas como disponibles en el momento adecuado. Para desarrollar un biológico apropiado es importante por lo tanto considerar aspectos tales como las interacciones entre el virus de influenza y su huésped, su rápida replicación, mecanismo de transmisión por vía aérea, desarrollo de inmunidad local frente a inmunidad sistémica, etc. En éste contexto las vacunas contra el virus de influenza han evolucionado desde aquellas a virus inactivado, las cuales se han usado por mas de 50 años mostrando seguridad y tolerancia. Sin embargo, la constante naturaleza evolutiva del virus y la emergencia de nuevas recombinaciones con características antigénicas únicas requiere permanente reformulación, lo cual aplica tanto para vacunas destinadas a uso en animales como en humanos. El desarrollo de técnicas de genética reversa ha abierto nuevas alternativas para el desarrollo de vacunas vivas atenuadas; en éste proceso se han estudiado alternativas para generación de vacunas para humanos usando recombinación entre virus de influenza A humanos y aviares. El uso de vacunas a DNA ha sido utilizado en diferentes especies animales. Experimentalmente vacunas de virosomas de influenza presentan inmunogenicidad comparable con vacunas convencionales. Vacunas de subunidad, basadas en la utilización del dominio extracelular de la proteína M2 del virus de influenza, el cual no es blanco de anticuerpos neutralizantes, pero anticuerpos dirigidos contra M2 restringen la replicación del virus tanto *in vivo* como *in vitro*. Se ha evaluado igualmente la creación de vacunas vivas atenuadas basadas en la utilización de mutantes con delección del gen NS1, las cuales no son replicativas. En aves el desarrollo de vacunas a virus recombinante empleando como vectores de expresión viral virus de laringotraqueitis infecciosa, enfermedad de Newcastle y poxvirus, los cuales expresan la hemaglutinina y neuraminidasa. Otras aproximaciones incluyen la expresión de HA en retrovirus o baculovirus y DNA plasmídico o adenovirus defectivos.

*MV, MSc, PhD, Profesor Asociado. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá, Colombia.

IF-7. Candidatos vacunales para el virus dengue

Marlén Martínez-Gutiérrez*

Las enfermedades causadas por el virus dengue (DENV), conocidas comúnmente como "dengue", son consideradas como las más importantes transmitidas por artrópodos en términos de morbilidad y mortalidad. Durante los dos primeros meses de este año (2010), ocurrió un aumento en el número de casos en Centro y Suramérica, debido, principalmente, al Fenómeno del Niño. Colombia no ha sido ajena a esta realidad, lo que ha provocado una alerta epidemiológica en todo el territorio nacional. Infortunadamente, hasta el momento no existe una vacuna licenciada para prevenir el desarrollo de la enfermedad ni una terapia específica para combatirla una vez se ha desarrollado. Existen cuatro serotipos de DENV (1 al 4) transmitidos principalmente por el mosquito *Aedes aegypti*. Cuando un paciente se infecta con uno de los cuatro serotipos los anticuerpos que se generan son serotipo-específicos, y son capaces de neutralizar el virus en el caso de una reinfección por el mismo serotipo; pero no neutralizan el virus si este pertenece a cualquiera de los otros tres serotipos. Por el contrario, estos mismos anticuerpos con capacidad subneutralizante para los demás serotipos, tienen la capacidad de potenciar la infección viral, fenómeno conocido como potenciación dependiente de anticuerpos, evento que es responsable en gran parte del desarrollo de casos de dengue hemorrágico durante una reinfección. Teniendo en cuenta entonces que la inmunidad adquirida es serotipo específica y que el desarrollo de anticuerpos subneutralizantes puede potenciar la enfermedad en lugar de prevenirla, un candidato vacunal ideal debe proteger contra los cuatro serotipos virales (tetavalente) simultáneamente. Actualmente, hay cinco candidatos vacunales que se encuentran en estudio. El primero es una vacuna tetavalente viva atenuada desarrollada por la compañía GlaxoSmithKline. El segundo es una vacuna quimérica tetavalente que combina antígenos de los cuatro serotipos del DENV en la base genética del virus de fiebre amarilla, desarrollada por Sanofi-Pasteur. El tercero es una vacuna desarrollada por la compañía Hawaii Biotech basada en subunidades proteicas recombinantes, una por cada serotipo viral, combinadas en una sola vacuna. El cuarto, desarrollado por el Instituto Butantan, es una vacuna quimérica tetavalente formada por los cuatro serotipos virales cada uno de los cuales tienen delecciones génicas puntuales que llevan a su atenuación. Finalmente, el quinto candidato ha sido desarrollado por la compañía Inviragen y es una vacuna tetavalente formada por una cepa de DENV atenuada serotipo 2 y tres quimeras que expresan proteínas estructurales de los otros tres serotipos. Los dos primeros de estos candidatos están siendo evaluados en ensayos clínicos de fase II (evaluación en voluntarios expuestos naturalmente al virus) y los otros tres se encuentran en ensayos clínicos de fase I (evaluación de la seguridad e inmunogenicidad en voluntarios sanos). En nuestro país se está realizando el ensayo clínico fase II del candidato vacunal de la compañía Sanofi y se iniciará el ensayo clínico fase I del candidato de la compañía Inviragen. Este último lo ejecutará el programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET de la Universidad de Antioquia con voluntarios del Valle de San Nicolás.

*Coordinadora, Unidad Virosis Tropicales, Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

VE-1. Una mirada al ecosistema ruminal, métodos de estudio y aplicaciones

Néstor E. Obispo*

Los rumiantes son fuentes importantes de proteínas y otros productos de alto valor para los seres humanos. Estas especies transforman la fibra vegetal y hacen uso de los compuestos nitrogenados no proteínicos, en ácidos grasos volátiles y proteína microbiana, a través de los procesos fermentativos de la microbiota presente en el estómago del animal, "el ecosistema ruminal". La ausencia de las enzimas que rompen los enlaces β 1-4 de la fibra vegetal en los mamíferos es una limitante; sin embargo, a través de su evolución, estas especies han establecido una relación de vida con la microbiota ruminal que los capacita para degradar y utilizar estos sustratos. Desde los inicios de la Microbiología, este ecosistema ha sido ampliamente estudiado y, en él, se han identificado una variada gama de microorganismos, bacterias, hongos, protozoarios, con predominancia de los anaerobios. El ecosistema es complejo en su naturaleza, variable en géneros y especies, dependiendo de la especie animal, localidad geográfica, tipo y cantidad de dieta, entre otras. En intentos por mejorar su eficiencia hacia la producción animal, se han desarrollado diversos métodos de estudio para identificar, caracterizar, evaluar los procesos y la dinámica de las poblaciones microbianas y sus relaciones con la actividad productiva animal. Diferentes técnicas, *in vitro* e *in vivo*, han permitido conocer las rutas y mecanismos de la transferencia energética y de sobrevivencia de los microorganismos ruminales más conocidos. Sin embargo, es muy probable que todavía no se hayan cultivado e identificado la mayoría de los organismos que lo habitan. Muchas de las dificultades han gravitado sobre las técnicas microbiológicas y en la dificultad de cubrir las condiciones de crecimiento de estos organismos. No obstante, se han logrado muchos avances en el conocimiento de las vías metabólicas más relevantes, en la identificación y cuantificación de los productos finales de la fermentación (ácidos grasos volátiles), la síntesis de proteína microbiana, identificación de algunos de los organismos y conocimientos sobre la naturaleza de las arqueobacterias. La literatura sobre estos logros es extensa y sus efectos en el desarrollo de la ganadería es indiscutible. El estado del conocimiento y las prácticas modernas de alimentación animal señalan que a través de la manipulación del ecosistema ruminal se puede mejorar substancialmente la producción de los rumiantes. El futuro es aún más promisorio, ya que con las nuevas herramientas biotecnológicas se han de sobreponer las dificultades para identificar y cuantificar los organismos con mayor precisión. La información sobre la microbiota del rumen comienza a acumularse en las bases de secuencias de nucleótidos, y con ellas, se están realizando reajustes en la taxonomía de algunos organismos. El desarrollo de las nuevas opciones metodológicas y tecnologías abrirá nuevas avenidas para conocer mejor este ecosistema.

*PhD, INIA, Venezuela. Contacto: nobispo@gmail.com

VE-2. Virología veterinaria - herpesvirus bovino-1 y herpesvirus equinos 1/4 en Colombia

Julián Ruiz-Sáenz*

Los herpesvirus bovino-1 (BHV-1) y Equinos 1 y 4 (EHV-1/4) son agentes de distribución mundial causantes de graves pérdidas económicas. El BHV-1 ha sido reportado en Colombia desde los años setenta como la principal causa de aborto en bovinos; aunque se han realizado diversos estudios serológicos, en la actualidad no hay confirmación del estatus serológico de la población ganadera. Por otra parte, el EHV-1/4 se reportó por primera vez en 2001; sin embargo, hasta la fecha no se habían realizado estudios serológicos o moleculares que establezcan la presencia del virus en la población equina nacional.

Mediante el uso de la prueba de seroneutralización en cultivo celular, se demostró una prevalencia para el BHV-1 por hatos del 100% y una prevalencia por individuos del 75,63% en un rango de 69,84 a 85,51%, dependiendo de la zona evaluada. Para el EHV-1 mediante un ELISA indirecto se encontró una prevalencia en un rango del 1,92% al 33,3% dependiendo de la exposición a factores de riesgo tales como ferias y exhibiciones. Para el EHV-4 la prevalencia fue mayor del 95% sin diferencia entre sexos o edad de los animales. Teniendo en cuenta que estos herpesvirus tienen la capacidad de hacer latencia durante toda la vida del animal, se evaluó la presencia de reservorios en diferentes poblaciones de equinos y bovinos. Para el BHV-1, usando aislamiento en cultivo celular y confirmación por PCR, se obtuvieron 13 virus de animales seropositivos (tanto toros como vacas) bajo tratamiento inmunosupresivo, confirmando así la presencia de reservorios en la población bovina. Para los EHV-1/4 se realizó PCR y confirmación por secuenciación a partir de muestras mononucleares de sangre periférica y ganglios trigéminos de animales seropositivos, demostrando la presencia de genoma viral en las muestras evaluadas, indicando la presencia de equinos reservorios.

La alta prevalencia serológica de estos agentes en poblaciones no vacunadas y la confirmación de la presencia de latencia viral indica la presencia de una infección enzootica e indica que los planes de prevención y control deben encaminarse a establecer un balance estable entre la infección y las reactivaciones virales para tratar de disminuir las pérdidas económicas debidas a estas enfermedades.

*Grupo de Microbiología y Epidemiología, Universidad Nacional, Colombia.

VE-3. Uso de cepas nativas en el desarrollo de vacunas para bovinos

Julián Ruiz-Sáenz*, Jairo Jaime*, Víctor J. Vera*

La producción de ganado, tanto para carne como para lácteos, en Colombia es uno de los principales renglones de la economía agropecuaria nacional; representando el 53% del total de producción pecuaria nacional, con un inventario Bovino de 23.500.000 cabezas las cuales ubican a Colombia en el tercer puesto en número de animales en América Latina. Sin embargo, los indicadores de sanidad no son tan alentadores como quisiéramos. Existe en nuestro país una amplia diversidad de enfermedades virales que afectan la población bovina y aunque existen algunos planes de control y vacunación, estos no abarcan la totalidad de agentes presentes, ni están correctamente enfocados para la epidemiología de cada uno de ellos. Adicionalmente, desconocemos en gran magnitud las cepas de la mayoría de agentes virales que circulan en Colombia, hecho que nos lleva a vacunar con las cepas extranjeras o cepas de referencia que nos ofrecen las casas comerciales, las cuales no sabemos si son útiles para proteger contra las cepas locales o si son suficientemente inmunogénicas para prevenir o controlar la presentación de enfermedad en nuestro país.

Dos de las principales enfermedades virales que afectan la población ganadera nacional son la Rinotraqueitis infecciosa bovina causada por el herpesvirus bovino-1 y la diarrea viral bovina causada por un flavivirus, que lleva el mismo nombre. Las dos enfermedades ocasionan graves pérdidas económicas debidas principalmente a abortos, muertes embrionarias tempranas, entre otras, manejándose las dos como un complejo reproductivo junto a algunos agentes bacterianos. Existen múltiples alternativas vacunales para la prevención de estos; sin embargo, hasta la fecha, no se ha realizado ninguna evaluación real de la eficacia para proteger o controlar contra las cepas circulantes; con el agravante que no existen vacunas monovalentes sino que, por el contrario, hay una tendencia a usar vacunas polivalentes con múltiple cantidad de agentes tanto virales como bacterianos, algunos incluso con más de 10 antígenos simultáneamente.

Ante esta problemática, la cual es común a otros países del continente como Brasil y Argentina, distintos grupos de investigación en sanidad animal se han encaminado a la tarea de aislar y caracterizar las cepas actuantes en cada país, para generar, a partir de éstas, biológicos que sean óptimos para cada uno. En Colombia, nuestro grupo de investigación ha logrado el aislamiento y caracterización *in vitro* de múltiples cepas del herpesvirus bovino-1 y está trabajando en el aislamiento de cepas del virus de la diarrea viral bovina, para generar, a partir de estas cepas, vacunas nacionales que sean un referente de las cepas circulantes y que sean óptimas para las condiciones nacionales. Adicionalmente, se han desarrollado algunos estudios preliminares de evaluación de biológicos los comerciales, los cuales han demostrado que éstos no son lo suficientemente inmunogénicos para evitar la presentación de la infección en nuestro medio.

*Grupo de Microbiología y Epidemiología, Universidad Nacional de Colombia, Colombia.

VE-4. Importancia de la microbiología veterinaria, aplicaciones y perspectivas

Lina A. Gutiérrez-Builes*

La Microbiología Veterinaria es un área de la Microbiología concebida para estudiar particularmente a los microorganismos, procariotes, eucariotes y virus, involucrados como agentes causales de enfermedades de diversas especies de animales, y tiene como énfasis especial el análisis de la estructura microbiana, fisiología, patogenicidad, diversidad genética y ecológica de los microorganismos, así como la implementación de metodologías para su aislamiento, identificación y control. Colombia se caracteriza por presentar una actividad pecuaria que impulsa de forma significativa la economía del país, lo que ha hecho indispensable la implementación y el sostenimiento de estrategias sólidas para garantizar la estructura sanitaria en las regiones productoras. En el país se han identificado diferentes enfermedades, cuyo agente etiológico es, en su mayoría, de origen viral o bacteriano, que han cobrado importancia en el ámbito nacional y que afectan a muchas especies animales, entre las que se encuentran bovinos, equinos, porcinos, aves y especies acuícolas, entre otras. Las acciones de erradicación dirigidas sobre enfermedades como la tuberculosis bovina, leptospirosis y brucelosis, revisten especial importancia por sus características de zoonosis, lo que ha justificado aún más su estudio, vigilancia epidemiológica y el direccionamiento de políticas sanitarias que propenden por su control. En este sentido, la Microbiología Veterinaria plantea un primer reto para los profesionales de la Microbiología de nuestro país, consistente en la ampliación del conocimiento de las enfermedades infectocontagiosas de importancia médica veterinaria y la participación activa en espacios interdisciplinarios con los profesionales del sector pecuario, que le permita a Colombia seguir los lineamientos de la OIE (Organización Mundial de Sanidad Animal), el fortalecimiento de las medidas de control en cada uno de los casos y prevenir el impacto zoonótico de estas enfermedades en nuestra sociedad. Finalmente y no menos significativo, es el segundo reto que impone actualmente la Microbiología Veterinaria para el profesional de la Microbiología: el estudio de la microbiota no patógena propia de los animales. Los resultados de investigaciones científicas realizadas en esta área han sugerido el potencial que presentan desde el punto de vista ecológico, industrial y biotecnológico, diferentes microorganismos que conforman los consorcios microbianos establecidos en ecosistemas como el ruminal e intestinal de diversos animales. En la actualidad es de especial interés el estudio de aspectos que permitan optimizar la producción de carne y leche derivada de animales rumiantes, tales como los bovinos, proceso en el cual está demostrada la participación activa y significativa de la microbiota ruminal. Sin embargo, se estima que la diversidad de microorganismos presentes en el ecosistema ruminal es mayor a la descrita hasta el momento, y por lo tanto su potencial está aún subvalorado. A este respecto, es necesario resaltar que será una tarea prioritaria del microbiólogo la implementación de las metodologías necesarias para lograr las condiciones óptimas que permitan el estudio de estos microorganismos, para lograr el aprovechamiento adecuado de su potencial biotecnológico.

*PbD, Docente de la Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia.