

Volumen 7, Número 1, Suplemento 1, Abril, 2016

Hechos Microbiológicos

Memorias

**IX Jornadas de Investigación y Extensión
de la Escuela de Microbiología**

“Conociendo la Investigación y la Extensión hecha en casa”

28 Y 29 Abril - Edificio de Extensión - Medellín, Colombia



**UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA**

Escuela de Microbiología

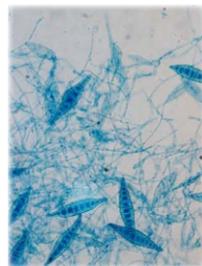


IMAGEN ORIGINAL DE LA PORTADA

Morfología microscópica a partir de cultivo de *Microsporium canis* con azul de lactofenol. Hifas septadas hialinas y macroconidias (aumento 40x). Fotografía tomada de la colección de placas del Laboratorio Docente de Microbiología. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia.

CORTESÍA

Diana Marcela González Gil, Microbióloga y Bioanalista MSc. Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada - MICROBA. Coordinadora del Laboratorio Docente de Microbiología. Programa Microbiología y Bioanálisis. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

Revista **HECHOS** **Microbiológicos**

Suplemento

IX Jornadas de Investigación y Extensión
de la Escuela de Microbiología.
"Conociendo la Investigación y
la Extensión hecha en casa"

Publicación Científica Oficial
Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia
Volumen 7 – Número 1 – Suplemento 1 – Abril – 2016
<http://www.udea.edu.co/hm>



RECTOR

Mauricio Alviar Ramírez

VICERRECTOR GENERAL

Carlos Vásquez Tamayo

VICERRECTORA DE DOCENCIA

Luz Stella Isaza Mesa

VICERRECTOR ADMINISTRATIVO

Fernando Tobón Bernal

VICERRECTORA DE INVESTIGACIÓN

María Patricia Arbeláez

VICERRECTOR DE EXTENSIÓN

José Edinson Aedo Cobo

SECRETARIO GENERAL

Robert August Uribe Álvarez

DIRECTORA

Liliana Marcela Ochoa Galeano

SUBDIRECTOR

Ricardo Velasco Vélez

JEFE DEL CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y EXTENSIÓN

Ángel González Marín

JEFE DEL DEPARTAMENTO DE FORMACIÓN ACADÉMICA

Lida Arias Marín

COORDINADOR DE EXTENSIÓN

María Eugenia Mejía Mejía

COORDINADORA DEL SISTEMA DE GESTIÓN DE LA CALIDAD

María Esperanza Arenas Hernández

COORDINADOR DEL LABORATORIO DOCENTE ASISTENCIAL E INVESTIGATIVO

Julio César Fernández Chica

COORDINADOR DEL LABORATORIO CLÍNICO SEDE CLÍNICA LEÓN XIII

Óscar Omar Gaviria Cortés

COORDINADORA DEL BANCO DE SANGRE SEDE CLÍNICA LEÓN XIII

María Elena Toro Montoya

COORDINADOR DE POSGRADOS

Juan Álvaro López Quintero

COORDINADORA DE BIENESTAR UNIVERSITARIO

Paula Andrea Ríos Munera

COORDINADOR DE RELACIONES INTERNACIONALES

Gustavo Adolfo Gámez de Armas

COORDINADORA DE PRÁCTICAS DE MICROBIOLOGÍA Y BIOANÁLISIS

Victoria Eugenia González Cárdenas

COORDINADORA DE PRÁCTICAS DE MICROBIOLOGÍA INDUSTRIAL Y AMBIENTAL

Yamilet Arcos Arango

COORDINADORA DE LA OFICINA ADMINISTRATIVA, FINANCIERA Y DE APOYO LOGÍSTICO

Eliana María Ocampo Lopera

PROFESORA ENLACE DEL PROGRAMA DE EGRESADOS

Paola Andrea Acevedo Toro



COMITÉ ORGANIZADOR Y CIENTÍFICO DE LAS IX JORNADAS DE INVESTIGACIÓN Y EXTENSIÓN DE LA ESCUELA DE MICROBIOLOGÍA

Ángel González Marín, MSc., PhD.

Margarita María Correa Ochoa, PhD.

María Eugenia Mejía Mejía, MSc.

Andrés Felipe Villa Restrepo, PhD.

©2016 por la Universidad de Antioquia. Reservados todos los derechos. Los conceptos y las opiniones expresadas en cada artículo son responsabilidad exclusiva del autor. Ni la Universidad de Antioquia, ni el equipo editorial, se hacen responsables del uso de la información aquí publicada, ni de los resultados que se obtenga con ella.

La revista Hechos Microbiológicos es la publicación científica oficial de la Escuela de Microbiología de la Universidad de Antioquia. Se publica en formato digital e impreso con periodicidad semestral. Su misión es difundir los conocimientos científicos relacionados con la práctica y los procesos en Microbiología y Bioanálisis, y de otras disciplinas afines con las áreas de la salud, la industria, el ambiente y la educación en Microbiología. Busca mantener una vía de intercambio de conocimientos y experiencias con disciplinas que tengan su centro de acción en la investigación básica y aplicada.

PÚBLICO OBJETIVO

Esta publicación está dirigida a todos los profesionales de la salud con interés en la Microbiología, el bioanálisis y sus aplicaciones básicas, clínicas, ambientales e industriales. Adicionalmente, sirve a los estudiantes y profesionales de la salud cuya formación involucre, directa o indirectamente, conceptos de la Microbiología.

OBTENCIÓN Y REPRODUCCIÓN DE LOS ARTÍCULOS PUBLICADOS EN HECHOS MICROBIOLÓGICOS

Los artículos pueden obtenerse mediante la suscripción a la versión impresa o de manera gratuita, con previo registro, a través de la versión digital en: <http://www.udea.edu.co/hm/>

REVISTA HECHOS MICROBIOLÓGICOS

Publicación semestral
Escuela de Microbiología
Universidad de Antioquia
Volumen 5 - Número 1 - Enero - Junio - 2014

ISSN

2145-8898

NOMBRE ABREVIADO

Hechos Microbiol.

IMPRESIÓN Y TERMINACIÓN

Legis S.A.

CANJES

Universidad de Antioquia, Biblioteca Central
Calle 67 #53-108, Bloque 8, Teléfono +57(4) 2195992
Selección y adquisición, canje y donación
Contacto: Nubia Valencia Álvarez
nubia.valencia@udea.edu.co
canjeydonacionbiblioteca@udea.edu.co

CORRESPONDENCIA

Universidad de Antioquia, Escuela de Microbiología
Calle 70 #52-72, Piso 6, Oficina 606, Teléfono: 2198490
Centro de Investigación y Extensión
revistahechosmicrobiologicos@udea.edu.co
<http://www.udea.edu.co/hm>
Medellín, Colombia

CONTENIDO

EDITORIAL / EDITORIAL

IX Jornadas de Investigación y Extensión de la Escuela de Microbiología
“Conociendo la Investigación y la Extensión hecha en casa”

1

Helena del Corral L.

CONFERENCIAS MAGISTRALES / CENTRAL CONFERENCES

2

Comité Organizador

PRESENTACIONES ORALES / ORAL PRESENTATIONS

4

Comité Organizador

PRESENTACIONES EN PÓSTER / POSTER PRESENTATIONS

25

Comité Organizador

IX Jornadas de Investigación y Extensión de la Escuela de Microbiología “Conociendo la Investigación y la Extensión hecha en casa”

María Eugenia Mejía Mejía*

La Escuela de Microbiología ampliamente reconocida como unidad académica de excelencia, se ha venido posicionando cada vez con más fuerza, en los ámbitos locales nacionales e internacionales debido a la calidad indiscutible de sus productos en investigación, extensión, y de sus programas académicos.

Los grupos de investigación dirigidos por investigadores convencidos de la importancia de formar a sus estudiantes con altos estándares éticos, académicos y humanos; han escalado posiciones de reconocimiento, lo que se ve reflejado en la producción de artículos publicados en revistas nacionales e internacionales de gran reconocimiento, aportando así a enriquecer los indicadores institucionales.

En el caso de la extensión, es necesario resaltar la importancia que han cobrado las diferentes estrategias empleadas para cumplir con uno de los objetivos principales como es el de permitir la transferencia y apropiación del conocimiento. Entre éstas caben mencionar:

Actualicémonos. Se ha convertido en un referente en la ciudad y en el país, por la pertinencia y calidad de los temas y de los conferencistas, que en su mayoría son los profesores de nuestra Escuela. Esta actividad ha impactado en promedio 780 personas por año.

Prácticas académicas. que han contribuido al proceso formativo de más de 900 estudiantes en instituciones locales, nacionales e internacionales, en el último trienio.

La **Prestación de Servicios** de laboratorio clínico básico y especializado y de banco de sangre, así como de medicina transfusional, todos con calidad certificada

La Consultoría Profesional en cabeza de docentes, investigadores y otros profesionales, que también integran y realimentan la investigación y la docencia, y responden a necesidades del medio con transferencia del conocimiento desde actividades intelectuales, han sido más de 5318

La Escuela además le ha apostado a la cultura con **actividades, artísticas y recreativas, con el entendido de la integralidad en la formación de sus estudiantes.**

Los programas radiales: Encuentros con la Naturaleza y De la sexualidad también se habla, se han convertido en el espacio en que la Escuela conversa con la comunidad, alrededor de temas que aporten a mejorar su calidad de vida.

Es claro que aún tenemos un largo camino que recorrer lleno de retos, que con seguridad vamos a asumir y a superar, en la medida de que nuestro trabajo siga siendo de excelencia.

Desde esta perspectiva, y a través de las IX Jornadas de Investigación y Extensión bajo el lema “ **Conociendo la investigación y extensión hecha en casa** ” se pretende socializar la producción académica que en materia de investigación y extensión, la Escuela de Microbiología de la Universidad de Antioquia, ha generado en el último año; posibilitando no solo la visibilidad de la dependencia, sino también la integración de los conocimientos y saberes entre los diferentes grupos de trabajo que conforman la Escuela de Microbiología con miras a promover la proyección, la transferencia del conocimiento y el trabajo en equipo con sentido de “unidad” académica.

*Coordinadora de Extensión, Escuela de Microbiología.

CM01. Interacción Microbiota-Hospedero: La teoría del “Súper organismo”

Yadira Galeano-Castañeda*, Stefani A. Piedrahita*, Paula A. Urrea*, Juan D. Sánchez-Rodríguez*, Priscila Bascuñán*, Margarita M. Correa*.

Introducción. Las comunidades bacterianas juegan un papel importante en procesos vitales para sus anfitriones como el mantenimiento del sistema inmune, regulación del metabolismo y del sistema nervioso. El conjunto de bacterias y su hospedero se designa como holobionte y las relaciones sinérgicas beneficiosas que se originan de dicho conjunto, se denominan como la teoría del súper organismo. En vectores de enfermedades, se ha encontrado en su intestino bacterias que pueden interferir con el desarrollo de los parásitos que transmiten. Particularmente, en vectores de malaria, los mosquitos del género *Anopheles*, se han aislado bacterias que bloquean el desarrollo del *Plasmodium*. Aunque se ha descrito la microbiota intestinal en algunos vectores de Asia y África, en Colombia aún no se conoce su composición.

Objetivo. Describir los avances en el estudio de la interacción microbiota-hospedero y argumentar el fundamento de la teoría de “Un Súper organismo”, con énfasis en vectores de malaria.

Metodología. Se realizó una revisión bibliográfica sobre la microbiota en diferentes modelos y metodologías empleadas para su caracterización, como son los métodos dependientes de cultivo y la secuenciación masiva. Se utiliza como modelo mosquitos *Anopheles*, vectores de malaria y su microbiota.

Resultados. La revisión bibliográfica permitió conocer especies de bacterias asociadas a diferentes modelos biológicos. En el modelo de estudio, mosquitos *Anopheles*, se caracterizó la microbiota intestinal por métodos dependientes de cultivo y secuenciación por Illumina Mi-Seq. Se encontró mayor riqueza en la composición de las comunidades bacterianas en estadios inmaduros de mosquitos y una posible transmisión trans-estadio.

Conclusiones. La relación microbiota-hospedero obedece a procesos co-evolutivos y tiene impacto en funciones vitales del organismo, como la regulación del evento salud-enfermedad. El estudio del holobionte, permitirá entender los principios de las interacciones, y ofrece oportunidades para el diseño de soluciones y aplicaciones relevantes para el control y/o manejo de enfermedades. sobre microbiología.

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

CM02. Levaduras nativas: en búsqueda de aplicaciones industriales

Lina López de Ávila*.

Introducción. La búsqueda de un desarrollo industrial sostenible y comprometido con la reducción del impacto ambiental ha redirigido todos los esfuerzos en la consolidación de paquetes biotecnológicos; y el desarrollo de nuevos procesos biotecnológicos siempre está acompañado del aislamiento y caracterización de microorganismos con capacidades superiores. Levaduras como *Saccharomyces cerevisiae* y otras especies se han convertido en importantes fábricas celulares de productos biotecnológicos de interés farmacéutico, agrícola, nutricional, biocombustibles, etc. Sin embargo, la diversidad de microorganismos disponibles comercialmente es considerablemente inferior a las necesidades industriales crecientes. El aislamiento de nuevas levaduras autóctonas puede representar ventajas por cuanto presentan mejor adaptación a sustratos complejos y mayor resistencia a compuestos tóxicos.

Objetivo. Aislar y caracterizar cepas nativas de *Saccharomyces cerevisiae* y otras levaduras relacionadas con potenciales aplicaciones biotecnológicas.

Materiales y métodos. Para el aislamiento de las levaduras se seleccionaron matrices con alta concentración de carbohidratos simples (azúcares). Se realizaron diluciones seriadas de las matrices evaluadas y estas fueron sembradas en agar YPD suplementado con cloranfenicol. Las cepas aisladas fueron descritas macro y microscópicamente y se identificaron con pruebas bioquímicas (Kit API – Biomerieux) y pruebas moleculares (PCR región ITS). Los ensayos fermentativos se realizaron a nivel de matraz de 250 mL con 100 y 200 g/L de glucosa. Se evaluó el consumo de glucosa y el rendimiento en la producción de etanol y biomasa bajo condiciones de alta osmolaridad. Los experimentos se realizaron por triplicado.

Conclusiones. Las cepas de *Saccharomyces cerevisiae* aisladas de ambientes con alta concentración de azúcares simples presentan una mayor tasa fermentativa que cepas comerciales usadas ampliamente en la industria. En las matrices evaluadas, se logró el aislamiento de otras levaduras con potencial biotecnológico ya descrito en la literatura y se convierten en una línea de investigación de gran proyección en la búsqueda de nuevas aplicaciones industriales.

*MSc. PhD(c). Investigadora Grupo Biotransformación. Docente Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: linam.lopez@udea.edu.co

TLO01. Análisis de la microbiota intestinal de larvas y adultos de *Anopheles albimanus* colectados en una localidad del Pacífico Colombiano

Paula A. Urrea*, Stefani A. Piedrahita*, Julián Rodríguez-Zabala*, Yadira Galeano-Castañeda*, Priscila Bascañán*, Margarita M. Correa*.

Introducción. La malaria es causada por parásitos *Plasmodium* y es transmitida a los humanos por mosquitos de algunas especies del género *Anopheles*. En Colombia existen tres vectores principales, entre ellos *Anopheles albimanus*. La caracterización de las bacterias del intestino medio de los vectores es de importancia porque puede contribuir a la comprensión de la interacción mosquito-*Plasmodium*. En Colombia no se han realizado trabajos para la caracterización de la microbiota intestinal de anofelinos y estos son importantes porque contribuyen a la identificación de bacterias candidatas para el control biológico o paratransgénico.

Objetivo. Analizar la microbiota intestinal de larvas y adultos del vector *Anopheles albimanus* colectados en una localidad del Pacífico Colombiano.

Metodología. Se colectaron adultos y larvas de cuarto estadio de *An. albimanus* en Bahía Solano, Departamento del Chocó. Para la determinación de la especie se usó una PCR-RFLP-ITS2. Cada intestino fue disectado y macerado en condiciones de esterilidad para cultivo y caracterización fenotípica.

Resultados. Se encontró mayor riqueza de morfotipos bacterianos en larvas con relación a los adultos, y el género *Bacillus* fue aislado en ambos estadios de *An. albimanus*.

Conclusiones. El análisis de aislados bacterianos de larvas y adultos permitió identificar morfotipos similares en ambos estadios; este hallazgo es importante debido a que la transmisión trans-estadial es una característica relevante en bacterias usadas para control paratransgénico. La secuenciación por Illumina Mi-Seq complementará la información obtenida por métodos dependientes de cultivo.

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

TLO02. Caracterización molecular y perfil de susceptibilidad antimicrobiana de aislamientos de *Clostridium difficile* provenientes de pacientes hospitalizados en tres instituciones de alta complejidad de Medellín

Clara Lina Salazar*, Catalina Reyes†, Walter Zea†, Santiago Atehortua‡, Patricia Sierra**, Margarita Correa†, Warren N. Fawley†*, Ángel González*‡.

Introducción. La Enfermedad Asociada a *Clostridium difficile* (EACD) ha incrementado en las últimas décadas. Hasta el momento, en Colombia, no se conocen reportes de la frecuencia y susceptibilidad a los antimicrobianos, como tampoco los genotipos circulantes de esta bacteria.

Objetivos. Describir el perfil de susceptibilidad a antimicrobianos y caracterizar a nivel molecular los aislamientos de *C. difficile* recuperados de pacientes hospitalizados con sospecha clínica de EACD en tres instituciones de alta complejidad de Medellín.

Metodología. Se recolectaron muestras de materia fecal de pacientes con sospecha de EACD, se determinó la presencia de toxinas A/B por ensayo inmunoenzimático, y se realizó cultivo en medio selectivo Cefoxitin-Cicloserina-Fructosa-Taurocolato. Se determinó la susceptibilidad para Metronidazol, Vancomicina, Moxifloxacina y Clindamicina. Adicionalmente, se realizó extracción del DNA de los aislamientos de *C. difficile* para la detección de los genes *tcdA* y *tcdB* y toxina binaria (*CDTa/CDTb*) por PCR, y ribotipificación utilizando un secuenciador basado en electroforesis capilar (ABI-3100) y analizados con el programa Bio-Numerics v.5.1.

Resultados. Un total de 913 muestras de materia fecal fueron evaluadas. La frecuencia de las toxinas A/B en materia fecal fue 9,7% (87/913), y un total de 143 aislamientos de *C. difficile* fueron recuperados en cultivo. De los 143 aislamientos, 104 (72,7%) fueron *tcdA+*/*tcdB+*, 17 (11,8%) *tcdA-*/*tcdB+* y 22 (15,4%) *tcdA-*/*tcdB-*. Al buscar la presencia de toxina binaria, se observó que 27 aislamientos (18,8%) además de ser *tcdA+*/*tcdB+* presentaron la toxina binaria *CDTa/CDTb*. Todos los aislamientos fueron susceptibles a Vancomicina y Metronidazol, mientras que el 7,7% y 85,5% presentaron resistencia a Moxifloxacina y Clindamicina, respectivamente. El ribotipo más frecuente fue el 591 (20,3%), seguido del 106 (9,1%), y 002 (7,7%); sólo un aislamiento fue ribotipo 027 considerado hipervirulento; así como tres aislamientos ribotipo 078 hipervirulentos documentado en animales.

Conclusiones. Estos resultados indican una baja frecuencia de EACD comparada con reportes de otros países. Los aislamientos evaluados permanecen susceptibles a los antimicrobianos de primera elección en Colombia (Metronidazol y Vancomicina); no obstante, se reportan los primeros casos de resistencia a Moxifloxacina en nuestro país. La presencia de genes *tcdA+*/*tcdB+* y *CDTa/CDTb* se correlacionan con ribotipos epidémicos encontrados en este estudio. Contrario a otros reportes, se encontraron pocos aislamientos considerados hipervirulentos. Interesantemente, se observa una alta frecuencia de circulación del ribotipo 591, poco frecuente en otros países, y la frecuencia de los ribotipos 106 y 002, considerados epidémicos en la década pasada en Europa, ocupan el segundo y tercer lugar en nuestro estudio, hallazgos que deben ser objeto de estudio para determinar la dinámica de transmisión en nuestros hospitales.

*Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias (GBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, †Hospital General de Medellín-Luz Castro de Gutiérrez, ‡Hospital Universitario San Vicente Fundación, Medellín, ** Clínica León XIII, IPS Universitaria, Universidad de Antioquia, ††Grupo de Investigación Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, †††Departament of Microbiology, Leeds Teaching Hospitals NHS Trust, Reino Unido, ††††Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLO03. Caracterización molecular de mecanismos de resistencia a carbapenémicos en aislados de *Pseudomonas aeruginosa* con diferentes perfiles de susceptibilidad fenotípica provenientes de hospitales de alta complejidad de Medellín

Sara Morales*, Marlon Gallego*, Johanna M. Vanegas*, J Natalia Jiménez*.

Introducción: La emergencia de la resistencia a carbapenémicos ha limitado sustancialmente las opciones terapéuticas. En *Pseudomonas aeruginosa* se han reportado diferentes mecanismos de resistencia que incluyen bombas de expulsión, alteración de porinas y carbapenemasas, lo que dificulta su inferencia a partir del antibiograma.

Objetivo: Caracterizar los mecanismos moleculares de resistencia a carbapenémicos en aislados de *Pseudomonas aeruginosa* con diferentes perfiles de susceptibilidad fenotípica a estos antibióticos.

Materiales y métodos: De una colección de aislados de *Pseudomonas aeruginosa* provenientes de pacientes infectados de cinco hospitales de Medellín, se seleccionaron 30 con diferentes perfiles de susceptibilidad a carbapenémicos. La caracterización molecular incluyó la detección de carbapenemasas por PCR múltiple (*bla*_{VIM}, *bla*_{IMP}, *bla*_{NDM}, *bla*_{OXA-48} y *bla*_{KPC}) y la medición de los niveles de expresión de la porina oprD, la bomba de expulsión MexAB-OprM y la beta-lactamasa AmpC mediante RT-PCR en tiempo real.

Resultados: Se incluyeron 20 aislados resistentes y 10 sensibles a carbapenémicos. De 15 aislados con resistencia simultánea a meropenem e imipenem, 4 presentaron las carbapenemasas VIM (n=4) y KPC (n=1) y en 3 se observó sobreexpresión de la bomba de expulsión MexAB-OprM. En 4 aislados con resistencia única a meropenem, solo uno presentó sobreexpresión de la beta-lactamasa AmpC. A pesar de que ningún aislamiento presentó alteración en la expresión de OprD, se confirmó la presencia de mutaciones en el gen que codifica para esta porina en un aislado con resistencia solamente a imipenem. En los 10 aislados sensibles la expresión de los mecanismos de resistencia fue basal.

Conclusión: Los mecanismos moleculares hallados no explican el fenotipo de resistencia a carbapenémicos en aislados de *P. aeruginosa* no productor de carbapenemasas; es posible que esta discordancia se dé por la complejidad de los sistemas de regulación de los mecanismos de resistencia en esta bacteria. Los aislados productores de carbapenemasas generan un fenotipo de multiresistencia.

Palabras Clave: *Pseudomonas aeruginosa*, Mecanismos de Resistencia, Expresión Génica.

*Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana, Grupo de Investigación en Microbiología Molecular, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLO04. Caracterización molecular de un paciente con enfermedad granulomatosa crónica ligada al cromosoma X: Reporte de una mutación en el gen CYBB.

Manuela Molina,*† Diana Marcela Arboleda*†, Marcela Moncada*, Gabriel Vélez*, Juan Fernando Alzate‡, Felipe Cabarcas‡, Jose Luis Franco*, Andrés Augusto Arias*†, Juan Álvaro López*†.

Introducción. La Enfermedad Granulomatosa Crónica (EGC) es una inmunodeficiencia primaria que afecta a 1 de 250.000 nacidos vivos y es producida por mutaciones en los genes que codifican para alguna de las cinco proteínas (gp91phox, p22phox, p40phox, p47phox y p67phox) que conforman el sistema NADPH Oxidasa. Este último es el encargado de destruir los microorganismos fagocitados mediante la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS). El patrón de herencia más frecuente de EGC es la ligada al cromosoma X (EGC-X), que se presenta en 75 % de los casos y es causada por mutaciones en el gen CYBB que codifica para la gp91phox.

El diagnóstico bioquímico y molecular de EGC se realiza mediante la prueba de Dihidrorodamina (DHR) 123 y cuando se evidencia que falta alguno de los componentes del sistema oxidasa, mediante secuenciación de los genes implicados.

Objetivo. Caracterizar el defecto molecular y genético de un paciente con sospecha de Enfermedad Granulomatosa Crónica remitido al grupo de Inmunodeficiencias Primarias de la Universidad de Antioquia.

Metodología. Al paciente se le realizó el análisis de explosión respiratoria a través de la prueba de dihidrorodamina (DHR) y extracción de ADNg para secuenciar el exoma.

Resultados. Mediante la secuenciación completa del exoma, encontramos una mutación sin sentido en el exón 8 del gen CYBB del cromosoma X, la cual se refiere a un cambio de una G por una A en la posición 809 y que induce un cambio a nivel proteico de un triptófano por un codón de paro prematuro en el aminoácido 270 (c.G809A:p.W270X).

Conclusiones. En el presente trabajo se reporta un paciente con EGC que posee una mutación que no ha sido reportada previamente en el gen CYBB. La definición de la mutación y su correlación con el fenotipo es importante para proveer una apropiada consejería genética al paciente y su familia.

*Grupo de Inmunodeficiencias Primarias, Universidad de Antioquia. †Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. ‡Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLO05. Comparación del desempeño entre de la citología convencional de rutina y la genotipificación de VPH16/18 para detectar lesiones de alto grado (NIC2+) en mujeres referidas a colposcopia, Medellín, 2015.

Castañeda Kelly Melisa, Ramírez Arianis Tatiana*,
Sánchez Gloria Inés†.*

Introducción: El cáncer de cérvix es un problema de salud pública a nivel mundial. Los programas de tamización utilizan la citología para la detección de lesiones preneoplásicas, que a pesar de tener especificidad, la sensibilidad y reproducibilidad son muy bajas. La prueba de VPH ha demostrado tener una alta sensibilidad y un alto VPN, por lo que puede ser realizada cada 5 años. Sin embargo, tiene muy baja especificidad. El 70% de los casos de cáncer de cérvix se deben a los genotipos VPH16/18, asimismo, son más persistentes y el riesgo de desarrollar lesiones de alto grado es mayor si se compara con los demás genotipos de alto riesgo.

Objetivo: Comparar el desempeño entre de la citología convencional y la genotipificación de VPH16/18 para detectar lesiones de alto grado (NIC2+) en mujeres referidas a colposcopia, Medellín, 2015.

Metodología: se incluyeron en el estudio un total de 427 mujeres que fueron remitidas a colposcopia por tener un resultado de citología anormal o una prueba de VPH positiva. Todas las muestras fueron evaluadas por la prueba de VPH COBAS 4800. Los resultados de la citología fueron recuperados de los registros de patología.

Resultados: El 51,5% de las mujeres fueron VPH positivas. En comparación con la citología convencional, la prueba del VPH tuvo mejor desempeño. Aunque la genotipificación HPV16/18 tiene baja sensibilidad, la especificidad y el VPP fueron 85,6% y 37,7%, respectivamente.

Conclusiones: La prueba de COBAS 4800 que detecta VPH-AR y a la vez genotipifica VPH16/18, tiene un mejor desempeño que la citología convencional y disminuiría drásticamente el número de mujeres que necesitan ser referidas a colposcopia. Estos resultados sugieren que esta prueba podría ser utilizada como una prueba adjunta a la prueba de VPH para la tamización primaria. Estos resultados deben ser validados en un escenario de tamización.

*Estudiante Escuela de microbiología. Grupo Infección y Cáncer. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. † Estudiante de doctorado Ciencias básicas biomédicas. Grupo Infección y Cáncer. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ‡Tutora-Coordinadora Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia Medellín, Colombia.

TLO06. Comportamiento de la hepcidina sérica en donantes de sangre y en pacientes con desordenes relacionados con el metabolismo del hierro, Medellín

*Alejandro Gómez Alvarez *†, Maria Isabel Villa Palacio*, Paola Andrea Acevedo Toro*.*

Introducción. la hepcidina es la proteína encargada de regular el metabolismo del hierro en el organismo. Este control lo realiza mediante un manejo entre la absorción y exportación de éste elemento de la célula. Lo anterior se lleva a cabo con el fin de mantener la homeóstasis entre el consumo, pérdida y reservas de hierro. La determinación de hepcidina ha ganado importancia, debido a que permite complementar el diagnóstico de patologías en las que se presenten alteraciones en el metabolismo del hierro, permitiendo tener información no sólo de los depósitos, sino de la absorción y disponibilidad de este elemento.

Metodología. Estudio descriptivo transversal. La población de estudio estuvo conformada por 85 donantes de sangre y 74 pacientes aplicando criterios de inclusión y exclusión. A estas poblaciones se les realizó hemograma automatizado y se evaluó ferritina, hierro total y transferrina mediante el método de quimioluminiscencia, colorimetría e inmunturbidimetría respectivamente. Se utilizó el software estadístico SPSS statistics versión 21®.

Resultados. Con respecto al género en la población de donantes de sangre, existe una diferencia estadísticamente significativa en los valores de hepcidina ($p < 0,01$), hemoglobina ($p = 1,725-2,584$) según prueba de t-student; ferritina ($p = 0,000$) y transferrina ($p = 0,01$) mediante prueba de U de Mann Whitney. Así mismo, se encontró que en la población de pacientes los valores de hepcidina ($p = 0,000$) transferrina ($p = 0,000$), ferritina ($p = 0,000$) y hemoglobina ($p = 0,000$) presentaron una diferencia estadísticamente significativa según el diagnóstico. En ambas poblaciones se encuentra una correlación positiva entre los valores de hepcidina y ferritina. Según el modelo de regresión, los valores de hepcidina ($p = 0,000$), ferritina ($p = 0,000$) y transferrina ($p = 0,000$), son exclusivos del diagnóstico.

Conclusión. La medición de hepcidina se propone como una prueba de gran utilidad para realizar diagnósticos diferenciales entre entidades que presenten alteraciones en el metabolismo del hierro.

*Grupo de Hematopatología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, †Estudiante de Maestría en Microbiología y Bioanálisis, Medellín, Colombia.

TLO07. Defecto de CARD9 asociado a infección por *Corynespora cassicola* en un paciente colombiano.

Carlos Andrés Arango*†, Marcela Moncada-Velez*, Sara Daniela Osorio*, Lorena Castro*, Lina Vanessa Gómez ‡, Ana María Muñoz ‡, Verónica Molina ‡**, Delsy Yurledy del Río Cobaleda**, Ana Cristina Ruiz Suárez**, Claudia Patricia Beltrán #†#, Rosalba Vivas †#, Indira Berrio††, Andrea Restrepo**, Mónica Trujillo**, Carlos Garcés**, Juan Fernando Alzate=#, Felipe Cabarcas=#, Julio Cesar Orrego*, Jean Laurent Casanova ††, Anne Puel ††, Jacinta Bustamante ††‡, Andrés Augusto Arias*†, José Luis Franco*.

Introducción. *Corynespora cassicola* es un fitopatógeno asociado a infección de hojas, tallos y raíces en plantas. Aunque *C. cassicola* raramente causa infecciones en humanos, recientemente se describió el caso de un paciente con defectos en la proteína CARD9 que poseía una feohifomicosis subcutánea causada por este hongo. La deficiencia autosómica recesiva de CARD9 se asocia con susceptibilidad a infecciones por hongos invasores y dermatofitosis profundas causados por *Candida* spp., *Phialophora* spp., *Trichophyton* spp., *Exophiala* spp., demostrándose así la importancia de CARD9 en la respuesta inmune frente a este tipo de hongos.

Objetivo. Caracterizar el defecto molecular y genético de un paciente colombiano que posee una feohifomicosis subcutánea causada por *C. cassicola*.

Metodología. Estudio descriptivo que busca caracterizar genética y molecularmente un paciente colombiano de 10 años que posee una feohifomicosis subcutánea causada por *C. cassicola*. Para lograrlo realizamos secuenciación completa del exoma (WES) a partir de ADNg del paciente. Las variantes genéticas encontradas en los genes candidatos se confirmaron por PCR y secuenciación utilizando el método de Sanger.

Resultados. durante el análisis del WES se encontraron dos variantes genéticas heterocigotas en el gen CARD9, en el exón 6 (c.C865T; p.Q289X) y en el exón 2 (c.21_27del; p.D7fs10X) que generan un compuesto heterocigótico responsable de fenotipo clínico de este paciente. Los estudios *in silico* de estas variantes predicen un puntaje alto CADD para la variante p.Q289X y para el caso del exón 2 la generación de un cambio en el marco de lectura y con un codón de paro prematuro. Estamos investigando el efecto a nivel funcional de estos cambios en la actividad del sistema inmune.

Conclusiones. en el presente trabajo se reporta el primer caso de un paciente colombiano que posee una feohifomicosis subcutánea causada por *C. cassicola* asociada a defectos genéticos en el gen CARD9.

*Grupo de Inmunodeficiencias Primarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, †Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, ‡Servicio de Dermatología, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia, **Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín, Colombia, #Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, †† Infección Pediátrica, Universidad CES, Medellín, Colombia, †† Clínica el Rosario, Medellín, Colombia, =#Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG, Universidad de Antioquia, Colombia, †† Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases, Necker Branch, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, INSERM-U1163, Paris, France, EU, †Paris Descartes University, Imagine Institute, Paris, France, EU, †Center for the Study of Primary Immunodeficiencies, Necker Hospital for Sick Children, Paris, France, EU.

TLO08. Descripción de mecanismos de resistencia a carbapenémicos en cepas de *Enterobacter cloacae* procedentes de instituciones de alta complejidad de Medellín, 2012-2014.

Ana María Ocampo R. †, Erika Arenas*, Judy Natalia Jiménez Q.†.

Introducción. En los últimos años la frecuencia creciente de patógenos causantes de infecciones asociadas a la atención en salud como *Enterobacter cloacae* resistente a carbapenémicos ha reducido las opciones terapéuticas causando mayor morbilidad y mortalidad.

Objetivo. Describir los mecanismos de resistencia a carbapenémicos en cepas de *E. cloacae* procedentes de hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín.

Metdología. Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, incluyendo 107 aislados de *E. cloacae* con sensibilidad intermedia o resistente a por lo menos un carbapenémico (CLSI 2012). La producción de carbapenemasas se evaluó empleando Test de Hodge Modificado, Test Tridimensional y PCR para los genes de las carbapenemasas KPC, VIM, IMP, NDM y OXA-48.

Resultados. Se encontró que el 36,6% de las cepas evaluadas producían carbapenemasas KPC, no se detectaron los demás genes evaluados. No obstante, el 63,4% de los aislamientos fueron positivos para el test tridimensional a pesar de no tener carbapenemasas; de estos, el 95% fueron resistentes únicamente a Ertapenem y sensibles a otros carbapenémicos.

Conclusiones. La resistencia a carbapenémicos en *E. cloacae*, estuvo mediada principalmente por mecanismos independientes de la producción de carbapenemasas. Una posible explicación es la hiperproducción de β -lactamasas AmpC y/o BLEEs combinada con defectos en la permeabilidad de la membrana externa, lo cual típicamente confiere resistencia a Ertapenem pero no a los demás carbapenémicos y puede generar resultados falsos positivos en las pruebas fenotípicas de detección de carbapenemasas. Se observó la necesidad de implementar pruebas que le permita a los laboratorios y al clínico diferenciar los mecanismos de resistencia de las bacterias productoras de carbapenemasas y las que expresan fenotipo AmpC.

*Microbióloga y Bioanalista, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, †Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana, Grupo de Microbiología Molecular - Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada-Microba, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLO09. Detección serológica de anticuerpos IgG e IgM específicos para *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia chaffensis* y *Rickettsia rickettsii* en personas con exposición ocupacional a la ganadería y en bovinos de las zonas Norte y Magdalena Medio de Antioquia

Marcela Patricia Eraso Cadena*, Licet Paola Molina Guzmán*†, Ximena Cardona‡, Luis Fernando Giraldo‡, Camilo Agudelo*, Jaiberth Antonio Cardona Arias‡, Leonardo Alberto Ríos Osorio‡, Lina Andrea Gutiérrez Builes*.

Introducción. *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia chaffensis* y *Rickettsia rickettsii* son bacterias zoonóticas transmitidas por garrapatas y consideradas como causantes de enfermedades infecciosas emergentes de importancia en salud pública.

Objetivo. Determinar la seropositividad de anticuerpos IgG e IgM específicos para *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia chaffensis* y *Rickettsia rickettsii* en personas con exposición ocupacional a la ganadería y en bovinos de algunos municipios del Norte y Magdalena Medio de Antioquia.

Metodología. Se realizó un estudio descriptivo transversal en 48 fincas ganaderas ubicadas en los municipios de Belmira, Entrerrios, San Pedro de los Milagros, Puerto Berrio, Puerto Nare y Puerto Triunfo. Mediante inmunofluorescencia indirecta (Fuller laboratories, CA, USA) se detectaron anticuerpos IgG e IgM específicos para *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia chaffensis* y *Rickettsia rickettsii*, tanto en muestras de bovinos como de humanos.

Resultados. se analizaron 332 personas y 384 bovinos. En la zona Norte, la frecuencia de IgG en personas fue 61.4% para *A. phagocytophilum*, para *E. chaffensis* 85.2% y 73.0% para *R. rickettsii*. En bovinos fue 32.8%, 58.3% y 51.1%, respectivamente. La frecuencia de IgM en humanos fue 74.1% para *A. phagocytophilum*, 96.8% para *E. chaffensis* y 99.5% para *R. rickettsii* y en bovinos fue 24.5%, 83.3% y 95.8%, respectivamente. En el Magdalena Medio, la frecuencia de IgG en personas fue 19.3% para *A. phagocytophilum*, para *E. chaffensis* 49.4 % y 35.7% para *R. rickettsii*. En bovinos fue 30.2%, 69.2% y 48.4%, respectivamente. La frecuencia de IgM en humanos fue 21.0% para *A. phagocytophilum*, 75.3% para *E. chaffensis* y 84.7% para *R. rickettsii* y en bovinos fue 38.5%, 58.9% y 62.5%, respectivamente.

Conclusión. Estos resultados sugieren exposición tanto previa como reciente a estas bacterias zoonóticas por parte de las personas y bovinos evaluados. Es pertinente continuar con estudios que determinen la dinámica de trasmisión de estos microorganismos en el contexto ganadero local y nacional.

*Grupo Biología de Sistemas, Escuela de Ciencias de la Salud, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana †Grupo de Investigación Salud y Sostenibilidad, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.
‡Departamento de Asistencia Técnica, COLANTA.

TLO10. Dilemas éticos en el profesional del Laboratorio Clínico Bacteriólogo/Microbiólogo/Químico clínico en México y Colombia

Jaramillo E. Patricia*, Lozano N. Jesús†, Correa L. Francisco‡.

Introducción. El código de ética y deontología constituyen preceptos de carácter moral que aseguran una buena práctica, conducta honorable de la profesión. En muchos de los países Latinoamericanos, no se cuenta con un código deontológico profesional del laboratorio clínico, o se acogen al de profesiones a fines como Medicina.

Objetivo. Conocer los dilemas éticos de los profesionales del laboratorio clínico de México, y Colombia desde la competencia, servicio al cliente y solidaridad.

Metodología. Estudio descriptivo cualitativo, fundamentado en los dilemas éticos desde el ejercicio de la profesión. Se incluyó al profesional egresado de bacteriología, microbiología o química clínica.

Para el análisis de los aspectos normativos, se tuvo en cuenta la literatura, la norma internacional sobre la calidad y la competencia en laboratorio clínico, y las normas y leyes de cada país. Para obtener la información sobre dilemas éticos, se realizó un cuestionario virtual.

Análisis de la información. Análisis por saturación de la información del cuestionario. El análisis se enfocó en las experiencias de los participantes, se realizó reducción y síntesis de la información por categorías.

Conclusiones. Para muchos profesionales del laboratorio clínico, el quehacer tiene fundamentadas diferencias prácticas y teóricas con la medicina, lo que hace que se desee incursionar en tener un código deontológico propio de la profesión. Igualmente se encontró alto desconocimiento de las normas éticas desde la educación superior y la en la vida profesional, hay dilemas éticos en el día a día, en la atención al paciente, entre colegas, directivos, personal de la salud, educación e investigación. Como perspectiva se quiere promover el conocimiento de la conducta ética de la profesión y de las normas para tener claridad en cuanto a la deontología de la profesión y se tomen las medidas y decisiones respectivas ante los dilemas éticos que se nos presentan.

Palabras clave. Código deontológico, dilema ético, moral.

*Bact. Esp. Hematología, MS. Hematología. MS Bioética. Docente Escuela de Microbiología U de Antioquia. †MS y PhD en Ciencias, Comisionado de Vinculación Internacional ante la IPCC, México. ‡Dr. Filosofía y letras, MS Bioética. Docente Facultad de Medicina U. Chile.

TLO11. Interacción entre espermatozoides y *Neisseria gonorrhoeae*: capacidad de transporte y efectos sobre la calidad espermática

Jennifer Puerta Suárez*, Walter D Cardona Maya*.

Introducción. *Neisseria gonorrhoeae* es una de las principales causas de uretritis, prostatitis y epididimitis en hombres. En el tracto urogenital masculino tanto la bacteria como los factores solubles producto de su metabolismo podrían interactuar con los espermatozoides.

Objetivos. Determinar la presencia de *N. gonorrhoeae* en muestras seminales de hombres asintomáticos para infecciones urogenitales y el efecto de la interacción sobre la calidad espermática *in vitro*.

Metodología. Se realizó la detección del ADN de *N. gonorrhoeae* en 84 muestras seminales de voluntarios asintomáticos para infecciones urogenitales empleado la reacción en cadena de la polimerasa. Posteriormente, se determinó la capacidad de interacción entre la bacteria y los espermatozoides humanos *in vitro* por microscopia. Finalmente, se evaluó el efecto de la interacción entre la bacteria y los factores solubles de su metabolismo sobre la calidad espermática cuantificando los parámetros espermáticos convencionales (movilidad y viabilidad) y funcionales (potencial de membrana mitocondrial, integridad y lipoperoxidación de la membrana espermática, detección de especies reactivas del oxígeno, integridad de la cromatina y expresión de Anexina V) empleando microscopía y citometría de flujo, respectivamente.

Resultados. Se detectó el ADN de *N. gonorrhoeae* en 3 de las 84 muestras de semen, se observó la bacteria unida a la cabeza, la pieza intermedia y la cola de los espermatozoide humanos, disminuyendo la viabilidad espermática después de 1,5 horas de incubación (84,5% vs 66,5%, $p < 0.05$) aunque sin afectar los parámetros espermáticos funcionales.

Conclusiones. El semen de los individuos asintomáticos para infecciones urogenitales puede albergar microorganismos como *N. gonorrhoeae* y esta bacteria interactúa con los espermatozoides humanos afectando la viabilidad espermática.

*Grupo Reproducción, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Trabajo financiado por Colciencias (111556933373) y Estrategia de Sostenibilidad.

TLO12. El trasplante de células madre mesenquimales derivadas de medula ósea no es efectivo en el control de la fibrosis pulmonar inducida por *Paracoccidioides brasiliensis*

Julián C. Arango*, Juan D. Puerta-Arias*, Paula A. Pino*, David Arboleda†, Lina Salazar‡, Angel Gonzalez‡*.

Introducción. La fibrosis pulmonar (FP) es una secuela importante que se presenta aproximadamente en el 50% de los pacientes con paracoccidioidomicosis (PCM), una micosis sistémica-endémica producida por *Paracoccidioides* spp. El tratamiento de la FP esta basado en el uso de agentes anti-inflamatorios pero sin ningún éxito. Recientemente, estrategias basadas en células madre mesenquimales derivadas de medula ósea (BM-MSC), a nivel experimental, han sido efectivas en el tratamiento de la FP (inducida por agentes químicos) gracias a su capacidad inmunomoduladora y regenerativa.

Objetivo. Evaluar el efecto del trasplante de BM-MSC en el desarrollo de la FP en un modelo experimental de PCM.

Metodología. Ratones BALB/c machos de 8 semanas de edad fueron infectados con 1.5×10^6 levaduras de *P. brasiliensis*; en la octava semana pos-infección los ratones fueron trasplantados vía intravenosa con 1×10^6 BM-MSC, las cuales se aislaron de fémur y tibias de ratones BALB/c hembras de 3 semanas de edad. Luego de cuatro semanas pos-trasplante los animales se sacrificaron y se evaluaron los siguientes parámetros: subpoblaciones celulares, carga fúngica y análisis histopatológico.

Resultados. Los ratones tratados con BM-MSC mostraron un aumento significativo de: i) carga fúngica en pulmones y bazo y ii) macrófagos M2, eosinófilos y linfocitos-Th1. Por el contrario los macrófagos M1, neutrófilos, células T-reg, linfocitos-Th17 y linfocitos-Th9 disminuyeron en comparación a los animales infectados no trasplantados. Finalmente, se observó en los ratones infectados-trasplantados un aumento en el número y tamaño de granulomas, así como una mayor deposición de fibras de colágeno.

Conclusiones. Contrario a reportes previos en modelos de FP inducida por agentes no infecciosos, nuestros resultados mostraron que el trasplante de BM-MSC exacerbó el proceso fibrótico e inflamatorio en los animales infectados con *P. brasiliensis*. Esto se podría explicar por un efecto inmunosupresor de las BM-MSC sobre la respuesta inmune contra el hongo lo cual no favoreció la reparación del tejido dañado.

Grupo Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, †Grupo de Investigación Clínica y Básica en Periodoncia y Osseointegración, Facultad de Odontología, Universidad de Antioquia; ‡Grupo Ciencias Básicas, Universidad CES, ‡ Grupo MICROBA, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

TLO13. Una nueva mutación autosómica recesiva en el gen *NCF4* de p40^{phox} en un paciente colombiano con Enfermedad Granulomatosa Crónica

Carlos Andrés Arango *, Marcela Moncada-Vélez *, Sara Daniela Osorio *, Lorena Castro *, Carlos Garcés †, Jesús Armando Álvarez *, Juan Fernando Alzate ‡, Felipe Cabarcas ‡, Julio Cesar Orrego *, Jean-Laurent Casanova **#†#, Jacinta Bustamante **#†#, José Luis Franco *, Andrés Augusto Arias *=#.

Introducción. La Enfermedad Granulomatosa Crónica (EGC) es una inmunodeficiencia primaria (IDP) causada por mutaciones en los genes que codifican para alguna de las cinco proteínas (gp91^{phox}, p22^{phox}, p40^{phox}, p47^{phox} y p67^{phox}) que conforman el sistema microbicida NADPH oxidasa de las células fagocíticas. La proteína p40^{phox} está codificada por el gen *NCF4* (Factor citosólico de los neutrófilos 4). Hasta la fecha, un solo paciente con Enfermedad Granulomatosa Crónica se ha reportado con defectos en esta proteína debido a una mutación heterocigota compuesta en el gen *NCF4*.

Objetivo. caracterizar el defecto molecular y genético de un paciente con defecto en la proteína p40^{phox} del sistema NADPH oxidasa que fue remitido al grupo de Inmunodeficiencias Primarias de la Universidad de Antioquia.

Metodología. El presente es un estudio descriptivo que busca caracterizar genética y molecularmente un paciente colombiano de 5 años que posee una histoplasmosis diseminada asociado a un defecto en p40^{phox}. Para lograrlo realizamos secuenciación completa del exoma (WES) a partir de ADN del paciente. Las variantes genéticas encontradas en los genes candidatos se confirmaron por PCR y secuenciación utilizando el método de Sanger.

Resultados. se encontró una variante genética homocigota y con cambio de sentido en el gen *NCF4* que anticipa una sustitución de un aminoácido por otro en el dominio de homología *phox* (PX) de la proteína p40^{phox}. Los estudios *in silico* de esta variante predicen un alto puntaje de CADD y una predicción deletérea por SIFT y Pholyphen. Actualmente estamos investigando el impacto en términos de expresión funcional y proteica en las células fagocíticas.

Conclusión. en el presente estudio se identifica una variante homocigótica en *NCF4* que confiere EGC, demostrándose así la importancia de esta proteína en la actividad del sistema oxidasa y pone de manifiesto un papel importante de la WES en el estudio genético de los pacientes con IDPs.

*Grupo de Inmunodeficiencias Primarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, †Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín, Colombia, ‡Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG, Universidad de Antioquia, Colombia, **Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases, Necker Branch, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, INSERM-U1163, Paris, France, EU #Paris Descartes University, Imagine Institute, Paris, France, EU †# Pediatric Hematology-Immunology Unit, Necker Hospital for Sick Children, Paris, France, EU ‡# Center for the Study of Primary Immunodeficiencies, Necker Hospital for Sick Children, Paris, France, EU =#Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLO14. Uso y percepción de los escolares de secundaria sobre los videojuegos con contenido sexual explícito; Medellín, Colombia, 2014

Lucía Stella Tamayo Acevedo*, Mónica Isabel Tamayo Acevedo†, María Guadalupe Chávez Méndez‡, Liliana Patricia Álvarez Osorio‡#.

Introducción. El bajo impacto de estrategias educativas tradicionales se refleja en altas tasas de embarazo, enfermedades y comportamientos de riesgo para la salud sexual del adolescente; que contrasta con el acceso cada vez mayor a nuevos productos culturales como los videojuegos con potencial para el aprendizaje significativo, la resolución de problemas y adquisición de valores. Los videojuegos comercialmente transmiten tramas, discursos, personajes y escenarios con contenido sexual que serán decodificados posteriormente en conocimientos actitudes y prácticas incorporadas a la sexualidad.

Objetivo. Caracterizar el uso y la percepción que tienen los escolares sobre los videojuegos comerciales con contenido sexual implícito.

Material y métodos. Estudio descriptivo transversal, en 1124 escolares de cuatro instituciones públicas. Se aplicó una encuesta estructurada, indagando características sociodemográficas, rendimiento académico, uso de videojuegos, comportamiento y conocimientos en salud sexual. El análisis incluyó el contraste de características de video-jugadores con no jugadores; y para el grupo de video-jugadores se caracterizó: uso, percepción, apropiación y control de éstos, tomando el sexo como indicador de diferencias de género.

Resultados. Los hombres iniciaron relaciones sexuales un año antes que las mujeres, 13,5 y 14,8 años. El 63,9% jugaban videojuegos, de ellos 64,7% hombres y 35,7% mujeres. El uso de videojuegos fue más frecuente en hombres, en el grado octavo, en niveles socioeconómicos bajos y en estudiantes con deficientes conocimientos en salud sexual. En promedio empezaron a jugar a la edad de 8,3 años. Para ambos sexos, lo más atractivo de los videojuegos era alcanzar metas. Los hombres consideran importante superar su propio record y el de los amigos y las mujeres vivir aventuras. Convertirse en el personaje y vivir romances no fue relevante; al igual que la apariencia de los personajes y el lenguaje verbal y no verbal. Para las mujeres, la forma de vestir de los personajes determina el contenido sexual del videojuego; mientras que para los hombres, son los escenarios. Identificaron relaciones de amistad, sexuales y de rivalidad. El control del tiempo de juego y contenidos del videojuego por parte de los adultos fue poco; evidenciando la falta de acompañamiento adecuado.

Conclusiones. Se encontró alta frecuencia de uso de videojuegos con contenido sexual implícito, con marcada diferencia de género; que unido al tipo de imágenes visuales utilizadas en el diseño de los personajes y escenografías trasladan estereotipos bajo los cuales los escolares vivirán la sexualidad, situación que lleva a replantear las estrategias educativas en salud sexual.

*Universidad de Antioquia-Colombia, †Universidad de Medellín-Colombia, ‡Universidad de Colima-México, ‡#Estudiante Escuela de Microbiología. Grupo de investigación Salud Sexual y Cáncer.

TLO15. Aislamiento de bacterias productoras de polihidroxicanoatos a partir de fuentes agrícolas

Jenifer Urán, Alejandro Acosta*, Mariana Cardona*, Andrés Villa-Restrepo*.*

Introducción. Los polihidroxicanoatos (PHA) son biopolímeros intracelulares sintetizados por una amplia variedad de bacterias, son biodegradables y biocompatibles con propiedades termoplásticas similares a los plásticos convencionales, además de que existe una gran variedad de biopolímeros con diversas aplicaciones. Por esta razón, es necesario explorar diferentes ambientes agrícolas con el propósito de encontrar bacterias productoras y seleccionar las cepas con potencial industrial.

Objetivo. Aislar bacterias productoras de PHA a partir de ambientes agrícolas y seleccionar los aislados con mayor potencial industrial a través de la caracterización del polímero.

Materiales y métodos. Se analizaron muestras de diferentes ambientes agrícolas. Mediante técnicas bioquímicas y de cultivo, se logró aislar y caracterizar los morfotipos obtenidos. Una vez se obtuvo aislados puros, se estimuló la producción de PHA en medio mínimo de sales suplementado con glucosa al 2 %. La presencia de gránulos compatibles con PHA se evaluó por medio de microscopía de fluorescencia luego de su tinción con rojo Nilo 0,1 %. Una vez se seleccionaron los aislados productores, se caracterizó y cuantificó el polímero por medio de cromatografía gaseosa.

Resultados. Se obtuvo 55 aislados bacterianos con características morfológicas diferentes, 15 de estos presentaron gránulos de PHA según las tinciones. Basados en las técnicas microscópicas y cromatográficas, se seleccionaron los aislados con mayor capacidad de acumular PHA para su caracterización molecular.

Conclusiones. Los aislados bacterianos obtenidos pueden acumular grandes cantidades del polímero, aunque la técnica de cultivo limita el potencial de muchas bacterias, ya que solo se implementó glucosa como única fuente de carbono y por esta razón se favoreció la producción de solo un tipo de PHA.

*Grupo de Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: andres.villa@udea.edu.co

TLO16. Caracterización de los tipos de investigación en sostenibilidad a partir de la definición de un objeto de estudio

Walter Salas, Leonardo Ríos*, Jaiberth Cardona*, Jorge A. Mejía†.*

Introducción. La emergencia de problemas socio-ambientales complejos de carácter global, y de difícil solución por métodos tradicionales de investigación, motivaron el surgimiento de un estilo de investigación llamado 'ciencia de la sostenibilidad'. Este se caracteriza por el uso de enfoques transdisciplinarios y de sistemas, aunque no se sabe si estas características son solo una propuesta o si realmente están siendo aplicadas, así como tampoco se conocen las tipologías de investigación que podrían emerger en este ámbito de investigación. Si se establecieran estas tipologías, la enseñanza de la investigación en sostenibilidad y su incorporación en otros ámbitos disciplinares como la microbiología serían más fáciles.

Objetivo. Caracterizar la investigación en sostenibilidad desde el punto de vista epistemológico y metodológico a partir de la definición de un objeto de estudio.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo dos revisiones sistemáticas, un análisis de contenido, y un ensayo filosófico.

Resultados y conclusiones. A pesar de que a nivel mundial parece haber consenso sobre la necesidad de utilizar enfoques transdisciplinarios y de sistemas, no se encontró evidencia de la aplicación de tales enfoques en las investigaciones. Cuando este análisis se hizo en las investigaciones en microbiología relacionadas con problemas de insostenibilidad también se encontraron resultados similares.

Las investigaciones en sostenibilidad no utilizan métodos propios sino métodos procedentes de otras disciplinas. No emergió ninguna tipología.

En el mundo, diversos autores han reportado que el concepto de sostenibilidad es ambiguo, polisémico y tiene cientos de definiciones. En esta investigación se encontraron cuatro significados que eliminarían tal ambigüedad y polisemia.

De este trabajo surge una nueva clasificación de la sostenibilidad, una propuesta de objeto de estudio y confirma la necesidad de construir métodos propios.

*Grupo de Investigación Salud y Sostenibilidad, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, †Grupo de Investigación Conocimiento, Filosofía, Ciencia, Historia y Sociedad, Instituto de Filosofía, Universidad de Antioquia. Contacto: walter.salas@udea.edu.co

TLO17. Construcción de una base de datos e imágenes obtenidas a partir de patrones generados por dispersión de luz y espectroscopia de absorción infrarroja como técnicas alternativas para la identificación microorganismos de importancia industrial y ambiental.

Yuliana Arango-Escudero*, Marcela Manrique-Moreno †, Alejandro Mira-Agudelo ‡, Javier Silva-Agredo**, Andrés Villa-Restrepo*.

Introducción. Los microorganismos han sido identificados y caracterizados por una variedad de técnicas bioquímicas y genéticas, sin embargo, estas traen limitaciones de confiabilidad y costos. Hoy en día, se buscan herramientas que sean fáciles, rápidas, no invasivas y sencillas de implementar en la identificación de microorganismos. Los nuevos enfoques fenotípicos y morfológicos basados en técnicas de espectroscopia de absorción infrarroja (FTIR) y un modelo de dispersión de la luz (DL) han sido usados para identificar microorganismos en distintas áreas: ambiental, clínico, alimentos, entre otros, de los cuales, se han generado patrones que pueden considerarse como la huella dactilar de los microorganismos.

Objetivo. Construir una base de datos a partir de los patrones de difracción de la luz y los perfiles vibracionales de colonias de microorganismos de importancia industrial y ambiental mediante un modelo de dispersión de la luz y espectroscopia infrarroja, respectivamente.

Materiales y métodos. Se seleccionaron patrones de difracción de la luz y los perfiles vibracionales de colonias de microorganismos de importancia industrial y ambiental reportados en la literatura y obtenidos por medio de modelos de DL y FTIR.

Resultados. Se construyó una base de datos con los patrones de difracción perfiles vibracionales y los patrones que podrá ser usada como referencia para la identificación de microorganismos no conocidos presentes en muestras ambientales.

Conclusiones. La base de datos podrá constituir una herramienta de identificación y caracterización de microorganismos más rápida, precisa y sensible.

*Grupo Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. †Grupo de Bioquímica Estructural de Macromoléculas, Instituto de Química, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ‡Grupo de Óptica, Instituto de Física, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. **Grupo de Investigación en Remediación Ambiental y Biotecnología, Instituto de Química, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: alexandromira@udea.edu.co

TLO18. Evaluación del consumo de xilosa como estrategia de respuesta a estrés de una cepa recombinante de *Saccharomyces cerevisiae*

Carolina Ramírez*, Lina López de Ávila*.

Introducción. La xilosa es el segundo azúcar más abundante del material lignocelulósico de desecho usado en la producción sostenible de compuestos de alto valor agregado, por tanto, su utilización es necesaria para el aprovechamiento completo de estas materias primas. La aplicación de estrategias de adaptación evolutiva en cepas recombinantes de *Saccharomyces cerevisiae* ha demostrado ser efectiva en el aumento de consumo de la xilosa.

Objetivo. Evaluar el aumento en el consumo de xilosa como estrategia de respuesta a estrés de una cepa recombinante de *S. cerevisiae*.

Materiales y métodos. Se usó la cepa *S. cerevisiae* TMB3001, que ha sido transformada genéticamente para la expresión de los genes *XYL1* y *XYL2* de la vía de asimilación de xilosa de la levadura *Scheffersomyces stipitis*. Se realizaron repiques sucesivos cada 24 h y posteriormente, cada 48 h en medio mínimo de sales y vitaminas (YNB) con dos fuentes de carbono, xilosa:glucosa, en una relación 20:4 y 20:1 g/L. Se cuantificó la concentración de sustratos y productos por HPLC y se determinó el aumento en el consumo de xilosa en el tiempo por parte de la cepa recombinante TMB3001.

Resultados. A partir de cinéticas realizadas con células aisladas de las diferentes etapas de adaptación, se observó una disminución en la xilosa residual del medio a través del tiempo.

Conclusiones. La estrategia de adaptación implementada induce cambios en la cepa recombinante TMB3001 que se ven traducidos en el consumo aumentado de xilosa en el tiempo.

*Grupo de Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia Medellín, Colombia. Contacto: linam.lopez@udea.edu.co

TLO19. Residuos vegetales como fuente de polifenoles totales

Nataly Botero Rivera*, Laura Victoria Londoño Sánchez*, Luisa F. Rojas*.

Objetivo. Identificar residuos potenciales para la obtención de extractos ricos en antioxidantes y proponer un método de extracción eficiente, económico, escalable, asequible y aplicable a la industria de alimentos.

Materiales y métodos. Se analizó el contenido de polifenoles totales (CPT), siguiendo un método de extracción con una mezcla isopropanol-agua como solvente, asistido por ultrasonido y el método analítico de Folin Ciocalteu, a 13 tipos de residuos y frutos vegetales. El mejor residuo fue seleccionado, siguiendo los criterios anteriormente descritos. Posteriormente, se evaluaron variables asociadas a la extracción, tales como tamaño de partícula (3 tamaños), tipo de solvente (dos solventes) y método de disrupción (dos niveles).

Resultados. De todos los residuos evaluados, se observó que las semillas de cacao, de acuerdo a los reportes de la literatura, son una buena fuente de antioxidantes, con un CPT de 85.3 ± 1.77 mgGAE/g. No obstante, hay otras matrices vegetales con un importante CPT como el jugo de mandarina, el tegumento de cacao y la pulpa de gulupa 19.90 ± 1.19 , 23.30 ± 0.24 , 23.30 ± 0.24 , 20.80 ± 0.12 mgGAE/g, respectivamente. Para los ensayos posteriores, se eligió el tegumento de cacao que, aunque no tiene el mayor CPT, si tiene una cantidad considerable, lo cual permitiría incrementar el valor agregado de este subproducto de la industria del chocolate. Otras variables asociadas a la extracción, como el área de contacto del sustrato, influyen sobre la extracción de CPT con valores de 15.34 ± 0.23 , 17.08 ± 0.59 y 22.76 ± 0.41 mgGAE/g para partículas entre 0.3-0.4; 0.7-0.9 y 1.0-1.2 μm , respectivamente. La extracción asistida con microondas presentó resultados similares a la extracción asistida por ultrasonido, con valores de 22.7 ± 0.5 mgGAE/g y 23.3 ± 0.3 mgGAE/g, respectivamente.

Conclusiones. Este trabajo permitió identificar residuos que podrían ser utilizados para la obtención, no solo de polifenoles, sino de otros compuestos bioactivos, siguiendo algunos criterios de sostenibilidad.

*Grupo de Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: lauravictorials@gmail.com

TLO20. La Microbiología sin microscopio

José Fernando Jaramillo Ramírez*.

Inmediatamente decidimos estudiar Microbiología o escuchamos de ella nos imaginamos el microscopio bajo el brazo del profesional, pero te has imaginado un Microbiólogo sin el microscopio?

Durante todo ese tiempo que pasamos estudiando en la Universidad nos imaginamos trabajando de bata larga, guantes y nuestro amigo el microscopio, pero existe una posibilidad infinita de lugares donde podemos ser muy buenos microbiólogos sin necesidad de utilizarlo, parece un poco extraño para algunos o hasta imposible, pero muchos profesionales se han desempeñado muy bien y han venido abriendo campos donde antes no los había.

Nosotros los Microbiólogos tenemos un conocimiento que fácilmente puede ser explotado fuera de esas cuatro paredes del laboratorio, ese conocimiento obtenido en la Universidad donde nos hablaban de Virus, bacterias, parásitos, enfermedades e infecciones, sensibilidad y especificidad de las pruebas y los equipos, ese conocimiento se requiere fuera del campo del laboratorio.

Pero en que otros campos podemos explotar este conocimiento se preguntarán muchos, y es allí donde la falta de empleo o la necesidad de algunas empresas nos muestra el camino; que mejor coordinador de calidad de una planta de alimentos que un Microbiólogo, quien conoce la patogenicidad de las bacterias y las consecuencias en la salud del consumidor, quien mejor que un Microbiólogo para asesorar en la compra o en la venta de un equipo de laboratorio sea cual sea su especialidad (laboratorio de humanos, animal o alimentos) o sección, nadie mejor que un Microbiólogo auditando o asesorando el desempeño o la construcción de un laboratorio, diseñando y evaluando programas de limpieza y desinfección o ser el Gerente del laboratorio.

Son muchas las posibilidades que tenemos fuera del Microscopio, es mucho lo que tenemos para ofrecer fuera del laboratorio, abramos nuestras mentes y nuestros horizontes que así como las bacterias están en todos los lugares así mismo está la Microbiología.

*MBA en administración de empresas, pregrado en Microbiología y experiencia como coordinador de calidad y ejecutivo comercial, Medellín, Colombia. Contacto: jfjd@hotmail.com

TLO21. Obvio microbio: Fortalecimiento de conocimientos sobre los microorganismos para la promoción de buenos hábitos de higiene en escolares de tercero y cuarto grados de la Institución Educativa Baltazar Salazar del área rural municipio de Rionegro, 2015

Johana Carolina Ossa Tabares*, Nancy Estela Gómez Gómez*, Dany Alexander Cardona Gomez*, Danna Yeslin Espinosa Muñoz*, Lina Maria grisales Franco†, Jose Ricardo Velasco Velez‡.

Introducción. Comparados con cualquier otro grupo etario, los niños son los más susceptibles a contraer enfermedades relacionadas con el agua, saneamiento e higiene. Algunos precedentes demuestran que cuando se practican hábitos de higiene como el lavado de manos de forma recurrente, se logra una reducción del 30% de los casos de enfermedades como la diarrea y si se realiza con jabón se contribuye a disminuir también las infecciones agudas de las vías respiratorias.

Objetivo. Promover prácticas de higiene orientadas hacia el autocuidado a través del fortalecimiento de conocimientos relacionados con los microorganismos en escolares de tercero y cuarto grado de primaria del área rural de Rionegro, 2015.

Metodología. Se realizaron 10 encuentros con 147 niños desarrollando actividades pedagógicas cuyo fundamento fue el “aprender haciendo” que fueron apoyadas con una cartilla como producto del proyecto, con los padres de familia o acudientes y profesores, se realizó un taller teórico-práctico.

Resultados. Los talleres proporcionaron un aprendizaje significativo sobre los microorganismos para la promoción de hábitos de higiene obteniéndose que el 93% de los niños intervenidos reconocen la existencia de microorganismos comensales y patógenos y su interacción con el cuerpo humano, el 78% reconocen los métodos de higiene adecuados para la conservación de la salud, todos los profesores reconocen la importancia de promover desde el colegio y de manera continua los hábitos de higiene en los niños y más del 93% de los padres de familia o acudientes reconocen la necesidad de afianzar los hábitos de higiene desde el colegio. Este proyecto se convirtió en un espacio reflexivo donde se amplía el campo de la Microbiología, llevando los conocimientos más allá de una aplicación clínica e investigativa, acercando el rol del microbiólogo a la sociedad y a las dinámicas de trabajo con la comunidad, facilitando la elaboración de alternativas comprometidas tanto con el presente como con el futuro de la salud.

*Estudiantes de Microbiología y Bisanálisis de la Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, seccional oriente, † Profesor Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Rionegro, Colombia. Contacto: kro.9418@gmail.com

TLO22. Evaluación de un tratamiento mixto empleando *Komagataeibacter kakiaceti* GM5 y *Trametes versicolor* DSM 3086 para la degradación y disminución de la toxicidad de la vinaza

Möritz Velásquez-Riaño*, Carel Carvajal*, Natalia Rojas†, Sergio Ausecha‡, Miguel Vera‡, Sebastián Meneses*, Andrés Villa-Restrepo‡.

Introducción. La industria del etanol producido a partir de la fermentación de melaza de caña ha tenido un impacto importante a nivel económico y ambiental en Colombia. Mensualmente en el país, se producen aproximadamente 30.000.000 de litros de bioetanol, que se emplean en su mayoría como biocarburante mezclado con gasolina. Desafortunadamente en esta industria, se obtiene como residuo de 3 a 14 litros de vinaza por litro de etanol producido, dependiendo de que se emplee o no un proceso de recirculación de las mismas. Debido a la elevada carga orgánica de la vinaza en términos de DBO, y DQO, alta turbidez, toxicidad, color y bajo pH entre otros, esta puede generar efectos negativos en la biota, incluso sobre la salud humana, cuando es descargada directamente en cuerpos de agua sin un adecuado tratamiento.

Objetivo. Evaluar la capacidad de un tratamiento mixto con *Komagataeibacter kakiaceti* GM5 y *Trametes versicolor* DSM 3086 para la degradación y disminución de la toxicidad de la vinaza.

Metodología. Se empleó vinaza al 60 % como medio de cultivo experimental y se compararon parámetros de degradación y toxicidad con un medio estándar conteniendo glucosa al 2 %, por medio de una fermentación en lote en agitador rotatorio, empleando un cultivo mixto (bacteria-hongo).

Resultados. El tratamiento mixto con *K. kakiaceti* GM5 y *T. versicolor* DSM 3086 presentó una tasa de degradación de la vinaza en términos de DQO, remoción de color y toxicidad, mucho mayor en comparación con los controles (cepas cultivadas individualmente). La biomasa producida en este estudio, tiene un alto valor agregado ya que está constituida principalmente por proteínas y celulosa.

Conclusiones. Este estudio presenta una alternativa biológica novedosa para la degradación y la disminución de la toxicidad de la vinaza empleando un tratamiento mixto (bacteria-hongo), obteniendo a su vez, un producto con un alto valor agregado con potencial comercial.

*Grupo Producción Limpia Cboe Izone, Facultad de Ingeniería, Universidad El Bosque, Bogotá - Colombia. † Grupo Osiris, Facultad de Ingeniería, Universidad El Bosque, Bogotá - Colombia. ‡ Grupo Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín - Colombia. Contacto: moritzvr@yaboo.com

TLP01. Caracterización de la población linfoide en personas sanas por morfología, fluorescencia e inmunofenotipo.

José Torres*, Catalina Franco †, Patricia Jaramillo ‡, Rossana Villegas ‡‡, Jeniffer Cuervo ††, Estefany Piedrahita ††.

Objetivo. En este estudio se caracterizó la morfología y datos cuantitativos de la población linfoide, obtenidos por el hemograma manual, automatizado y citometría de flujo (CF), en adultos sanos.

Metodología. De un total de 50 participantes, se seleccionaron 49 personas mayores de 18 años, las cuales no presentaban síntomas ni signos de infección o enfermedad autoinmune.

La muestra de sangre venosa se tomó en tubo con anticoagulante EDTA. Se realizó recuento diferencial celular en extendido de sangre periférica (ESP), por método manual y hemoleucograma, el cual fue procesado en equipo automatizado Sysmex XE-2100.

La CF se realizó en equipo FACS_CANTO con lineamientos de EuroFlow, en panel de 2 tubos: LST (tubo de selección linfoide) y B-CLPD (panel de anticuerpos para enfermedades linfoproliferativas crónicas de células B).

Resultados: Según los resultados obtenidos, del total de participantes, 18 eran hombres y 31 mujeres, la edad media fue 47 años.

En el ESP por método manual, se obtuvo una frecuencia de linfocitos medianos mayor a los linfocitos pequeños y grandes, además la poblaciones encontradas de linfocitos fueron en proporción mayor, linfocitos T, seguidos de células NK y linfocitos B.

Al relacionar la morfología linfoide con los resultados de las células T, NK y B evaluadas por CF, no se observó reproducibilidad.

Por otro lado, se obtuvo diferencias significativas entre los valores de la población linfoide obtenidos por CF comparados con los hallados por el hemograma manual y automatizado. No se encontraron diferencias significativas entre los valores de linfocitos por el ESP y hemograma automatizado.

Conclusiones: El uso de la CF ya es una herramienta de rutina para el diagnóstico de entidades hematológicas benignas y neoplásicas, se deben estandarizar los valores biológicos de referencia de las células linfoides por marcadores monoclonales en personas sanas en Colombia.

Palabras clave: Citometría de flujo, Fluorescencia, Hemograma automatizado, Hemograma manual, Inmunofenotipo, Linfocitos.

*Hematólogo Docente U de A, †Patóloga Prolab, ‡MS Hematología Docente U de A, ‡‡MS en Microbiología con énfasis en Hematología U de A, Docente U de Córdoba, †† Microbióloga y bioanalista U de A.

TLP02. Caracterización molecular de *Cryptosporidium* en niños en edad preescolar de la ciudad de Medellín, Antioquia, Colombia. 2015.

G. García*‡, J. Gomez†, K. Bedoya*, A. Medina*‡, J. Alzate*‡, C. Hernandez*‡, A. Galván*†.

Introducción. *Cryptosporidium* es un protozoo emergente, asociado con diarrea acuosa, principalmente en personas inmunocomprometidas y niños en edad pre-escolar. En la población infantil de países en desarrollo, la desnutrición, infecciones concomitantes, y deficientes condiciones higiénico-sanitarias, favorecen la susceptibilidad a esta protozoosis. La transmisión de este parásito se facilita además, por su amplio rango de hospederos animales y persistencia en el ambiente, principalmente el agua. En Colombia, los datos sobre la presencia de *Cryptosporidium* son escasos, y hasta el momento se desconocen las especies que circulan en el país.

Objetivo. Caracterizar molecularmente las especies de *Cryptosporidium*, en población infantil de la ciudad de Medellín durante el año 2015.

Metodología. Estudio observacional en niños con edades entre los 9 meses a 5 años de edad, inscritos en centros infantiles de Medellín. Se realizó una encuesta para determinar las características clínicas y epidemiológicas de la población estudiada. Se analizaron 290 muestras de materia fecal mediante tinción de Ziehl Neelsen modificado (ZNM) para la detección de *Cryptosporidium* spp. A la fecha se han procesado 140 muestras, mediante PCR convencional, utilizando los genes del 18S y de la GP60. La identificación de especies se realizó mediante análisis de secuencia de los amplicones obtenidos, utilizando el programa MEGA versión 6.06.

Resultados. Mediante ZNM se determinó *Cryptosporidium* spp. en un 2,8% de los niños evaluados. Los datos preliminares de la caracterización molecular han definido la presencia de 3 especies circulantes de *Cryptosporidium* en Medellín: *C. hominis*, *C. parvum* y *C. meleagridis*.

Conclusiones. *Cryptosporidium* spp. debe considerarse como un protozoo patógeno importante en niños en edad preescolar de Medellín. Esta es la primera descripción de especies de *Cryptosporidium* en población infantil colombiana. Los datos preliminares sobre la diversidad de especies encontrada en Medellín, sugieren al hombre y los animales como reservorios importantes para este protozoo.

*Grupo de Parasitología, Corporación para el Estudio de las Patologías Tropicales CAEPT, Universidad de Antioquia, †Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, ‡Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

TLP03. Comportamiento de las alteraciones citológicas y factores asociados en la ESE Hospital San Rafael, en Andes-Antioquia, julio - 2014 a julio - 2015

Wilmer Fernando Yela*, Marleny Valencia Arredondo†.

Introducción. En Colombia el cáncer de cuello uterino es el principal cáncer causante de muerte en mujeres, aunque en la última década la tasa de mortalidad ha ido disminuyendo, sigue siendo un problema de salud pública en el país y en la región.

Objetivo. Determinar la prevalencia de alteraciones citológicas y factores asociados en mujeres que consultan al servicio de citología de la ESE Hospital de Andes en el período de julio – diciembre de 2014 a julio de 2015.

Metodología. Se realizó un estudio descriptivo de 3544 mujeres que consultaron al servicio de citología del Hospital San Rafael en Andes, Antioquia durante el periodo de julio-2014 a julio-2015.

Resultados. La distribución de los resultados citológicos, muestra que el 4,2% presentó alguna alteración citológica, siendo la más prevalente el reporte de ASC-US con un 2,3%; seguido de LIE de bajo grado con un 1,3%; LIE de alto grado 0,3%, ASC-H de 0,2%, y ACG 0,1%.

El ASC-US y LIE-BG fueron más prevalente entre las mujeres de 21 a 40 años. Se encontró que el mayor porcentaje de alteraciones citológicas se presenta en las mujeres que tuvieron su primera relación antes de los 18 años. La distribución de las lesiones en las mujeres que tenían entre 0 y 3 partos mostró que fue mayor respecto a las que tenían más de 4 partos.

Conclusión. Se pudo concluir que el comportamiento de las lesiones en la ESE Hospital de Andes, es muy similar a la de otras instituciones del departamento, mostrando que hay una relación clara entre el inicio temprano de actividad sexual y la aparición de lesiones intraepiteliales.

*Estudiante de Microbiología y Bioanálisis, Universidad de Antioquia, †Bacterióloga PhD Salud Pública, docente. Grupo Salud Sexual y Cáncer, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

TLP04. Conservación de la viabilidad, estabilidad y pureza de *Streptococcus pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis*, *Haemophilus spp.* y *Neisseria spp.*

Dina Marcela Gonzalez*, Judy Natalia Jiménez*.

Introducción. La conservación de los microorganismos se ha convertido en una actividad esencial en los laboratorios de microbiología. *Streptococcus pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis*, *Haemophilus spp.* y *Neisseria spp.* son microorganismos de importancia clínica que presentan exigencias nutricionales lo que dificulta su crecimiento y preservación.

Objetivo. Describir métodos de conservación *ex situ* en *Streptococcus pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis*, *Haemophilus spp.* y *Neisseria spp.*, valorando viabilidad, estabilidad y pureza.

Metodología. Se realizó una revisión sistemática de la literatura científica empleando cuatro bases de datos y doce términos de búsqueda. Se aplicaron criterios de inclusión y de exclusión y se evaluó la calidad.

Resultados. Se seleccionaron 26 estudios publicados entre los años 1946 y 2013, los cuales incluyeron 535 ensayos, y cuatro métodos de conservación: criopreservación (48.6%), repique (28.4%), liofilización (16.8%) y desecación (6.2%). El 36.4% de los ensayos se realizaron con *S. pneumoniae*, 35% con *Neisseria spp.*, 28% con *Haemophilus spp.* y 0.6% con *M. catarrhalis*. La viabilidad se evaluó en todos los ensayos, la estabilidad en el 20.2% y la pureza en el 11%. El método que conservó por mayor tiempo la viabilidad en *S. pneumoniae* y *N. gonorrhoeae* fue la liofilización, en *H. influenzae*, *M. catarrhalis* y otras especies de *Neisseria* la desecación, y en *H. parainfluenzae* la criopreservación. Se evaluaron características fenotípicas pos conservación y la mayoría se mantuvieron estables por un tiempo determinado. Se demostró pureza durante la conservación por repique en *H. influenzae* y por criopreservación en *S. pneumoniae*.

Conclusiones. Los resultados brindan información específica sobre la efectividad de los métodos en relación con el tiempo de viabilidad, pureza y estabilidad de diferentes características. Esta información es de utilidad para el establecimiento de protocolos de conservación en los laboratorios de microbiología, dado que valora discrepancias entre estudios y permite la elección del método que más se ajuste a los recursos del laboratorio.

*Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana. Grupo de Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

TLP05. Discriminación de especies de mosquitos *Anopheles* Serie Arribalzagia a través de secuencias de *COI* y *CAD*

Natalí Álvarez*, Giovan Gómez*, Nelson Naranjo*, Margarita M. Correa*.

Introducción. La Serie Arribalzagia del género *Anopheles* subgénero *Anopheles*, está conformada por 24 especies; entre ellas, cuatro pertenecen a un grupo informal, el Grupo Punctimacula. Dichas especies son morfológicamente muy similares en el estadio adulto y en la genitalia del macho; ellas son: *Anopheles calderoni*, *Anopheles punctimacula* s.l., *Anopheles guarao* y *Anopheles malefactor*.

Objetivo. Discriminar las morfoespecies del Grupo Punctimacula presentes en Colombia utilizando secuencias de *COI* y *CAD*.

Materiales y Métodos. Los especímenes se colectaron en localidades de los Departamentos de Antioquia, Córdoba, Guajira, Nariño, Norte de Santander, Risaralda y Valle del Cauca, y se identificaron por morfología como miembros de la Serie Arribalzagia. Se amplificó y secuenció los genes *COI* y *CAD*, se realizó la asignación de especie y los análisis filogenéticos.

Resultados. Las secuencias *COI* permitió confirmar la asignación de especie; los especímenes correspondieron a tres especies del Grupo Punctimacula, *An. punctimacula* ($n=17$), *An. calderoni* ($n=19$), *An. malefactor* ($n=4$). Los análisis filogenéticos con *COI* y *CAD*, individual y concatenados, mostraron un buen soporte para cada uno de los clados que conformaron estas tres especies.

Conclusión. El marcador *COI* permitió separar cada una de las especies evaluadas, indicando su potencial en taxonomía molecular. El uso de marcadores concatenados permitió resolver las relaciones filogenéticas entre las especies con muy buen soporte.

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

TLP06. Distribución potencial de vectores de malaria en una región endémica de Colombia

Mariano Altamiranda-S.*, Nelson Naranjo-D.*, Yilmar Espinosa*, Juan L. Parra†, Sair O. Arboleda‡, Margarita M. Correa*.

Introducción. La rápida transformación de los ecosistemas naturales sugiere un cambio de escenario ecológico para las especies de importancia vectorial; por lo tanto, es esencial identificar las zonas y las variables que determinan la distribución de dichas especies, con el fin de diseñar programas de control preventivo.

Objetivo. Evaluar la distribución potencial y estimar el grado de solapamiento de nicho de los tres principales vectores de malaria en la región endémica Urabá Bajo-Cauca Alto-Sinú.

Matodología. Se recolectaron datos de presencia para los tres vectores principales de malaria en Colombia (*An. nuneztorari*, *An. darlingi* y *An. albimanus*) en 20 localidades en la región de Urabá Bajo-Cauca Alto-Sinú (Diciembre 2012-Marzo 2015; entre 18:00-24:00 h) usando cebo humano protegido (protocolo aprobado por comité de bioética). Se caracterizó la variación ambiental con el Índice de Diferencia Normalizada de Vegetación-NDVI, a partir de imágenes (MODIS). Se redujo la colinealidad entre los productos NDVI mediante análisis de componentes principales-ACP. Los modelos se construyeron utilizando el algoritmo de máxima entropía Maxent v.3.1 y se evaluaron usando ROC parcial. Se realizaron comparaciones pareadas del solapamiento de nicho entre las especies utilizando pruebas de fondo de similitud en ENMTools v.1.4.3

Resultados y conclusiones. El uso de capas ambientales con información espacial de alta resolución (250 mt), permitió observar patrones espaciales detallados. Los modelos identificaron que la distribución potencial de los principales vectores varió en toda la región endémica. *Anopheles nuneztorari* tiene la distribución potencial más amplia, ocupando gran parte de la región endémica; esto tendría relación con la capacidad de esta especie para colonizar y dominar entornos naturales y perturbados. Finalmente, estos modelos deben considerarse como un acercamiento útil y mejorable. Ellos constituyen una herramienta aplicable a otros problemas de salud pública en Colombia; sobre todo si se considera la limitación de recursos para la lucha contra las enfermedades infecciosas y la necesidad del monitoreo de las enfermedades transmitidas por vectores.

*Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, †Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, ‡Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas -BCEI, Universidad de Antioquia, Calle 70 No. 52-21, Medellín, Colombia.

TLP07. Epidemiología clínica y molecular de las infecciones por *Staphylococcus aureus* (SASM y SARM) en pacientes pediátricos, provenientes de tres instituciones de alta complejidad en la ciudad de Medellín. 2008-2010

Lorena Salazar O.*†, Jeanneth Alexandra Velasquez H.*, María Paulina Hoyos J.*, Daniela Sepúlveda Z.*, Judy Natalia Jiménez Q.†.

Introducción. La población pediátrica es uno de los grupos poblacionales con mayor riesgo de infecciones por *Staphylococcus aureus*; asimismo, la emergencia de la resistencia a meticilina (SARM) en este microorganismo ha complicado aún más la situación, sin embargo a nivel local son pocos los estudios realizados sobre el tema.

Objetivo. Describir las características clínicas, epidemiológicas y moleculares de las infecciones por *Staphylococcus aureus* (SASM y SARM) en pacientes pediátricos provenientes de tres hospitales de la ciudad de Medellín.

Metodología. El estudio se realizó a partir de un estudio previo en tres instituciones de mediana y alta complejidad de Medellín durante los años 2008-2010. Se seleccionaron pacientes entre 0-14 años de edad, con infecciones por SASM y SARM. Se analizaron variables clínicas y epidemiológicas de la población, y características fenotípicas, moleculares y de susceptibilidad de los aislados.

Resultados. Se incluyeron 182 pacientes, 65 con infecciones por SASM y 117 por SARM. La mediana de la edad fue de 2 años, sin embargo, 41,4% fueron pacientes de 0-1 año. El tipo de infección más frecuente fue piel y tejidos blandos. Antecedentes como la estancia en hogares infantiles y el uso previo de antibióticos fueron más frecuentes entre pacientes con SARM. Se determinaron 13 Complejos clonales (CC), las cepas de SASM fueron más diversas y los CC más frecuentes fueron el CC8 y CC45, mientras que en las cepas de SARM, los CC más frecuentes fueron el CC8 y CC5 albergando el *SCC_{mec}* I y IVc respectivamente. Adicionalmente algunos factores de virulencia se encontraron relacionados a ciertos tipos de *SCC_{mec}*.

Conclusión. Los resultados del trabajo aportan al conocimiento del comportamiento de las infecciones por *S. aureus* en población pediátrica a nivel local, información relevante para la orientación de estrategias más apropiadas de manejo y control de estas infecciones.

*Estudiante de Pregrado en Microbiología y Bioanálisis. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. † Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana, Grupo de Microbiología Molecular - Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada-Microba. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia.

TLP08. Formación en salud sexual a profesores de secundaria instituciones públicas del municipio de Medellín.

Lucía Stella Tamayo Acevedo*, Mónica Isabel Tamayo Acevedo*, Lilibiana Patricia Álvarez Osorio†.

Introducción. Con base en investigaciones realizadas por el grupo de Investigación Salud Sexual y Cáncer sobre determinantes, factores de riesgo y tamizajes en salud sexual para escolares de secundaria, se observó que el maestro a través de los proyectos de aula es un eslabón importante en la educación sexual institucionalizada y vigía permanente en la detección de escolares con problemáticas en salud sexual; sin embargo, carecen o poseen conocimiento limitados y estrategias educativas que dificultan la comunicación y el proceso de enseñanza aprendizaje.

Objetivo. Brindar conocimientos y estrategias de enseñanza-aprendizaje en salud sexual a los docentes de instituciones educativas de secundaria del municipio de Medellín, aplicables en el aula de clase, la familia y comunidad con el propósito de mejorar la calidad de la educación en este componente.

Metdología. Se realizó un diplomado en Salud sexual, de 160 horas, semipresencial, con alta virtualidad de contenidos en la plataforma Moodle, desarrollado en seis unidades: -Manejo de la plataforma Moodle, -Procesos de Comunicación en Salud, -Generalidades sobre la salud sexual, -La salud sexual en el ciclo vital humano, - Situación de salud sexual y -Educación en salud sexual: metodologías y técnicas, cada tema fue abordado por profesores expertos de diferentes disciplinas. La metodología fue participativa a partir de las experiencias y vivencias de los maestros.

Resultados. Se certificaron con el 80% de asistencia a 27 maestros, para beneficio de 7000 escolares de los estratos socioeconómicos bajos. Se realizaron 14 propuestas de aula que parte de las necesidades de los escolares, con estrategias educativas innovadoras y participativas, incluidas las TICs, articuladas a los proyectos educativos institucionales. El diploma disponible en la plataforma Moodle es un producto aprovechable para capacitar un mayor número de docentes con dificultades de accesibilidad geográfica del departamento y la nación. Fue evidente el requerimiento de seguimiento a estos proyectos de aula y el acompañamiento de los profesores por un equipo interdisciplinario.

Conclusiones. El proyecto aportó a una necesidad sentida de la comunidad educativa y de la sociedad en general, así como a la política pública en salud sexual y reproductiva, como lo es la educación sexual de los adolescente que impacte sobre el embarazo precoz y no deseado, las infecciones de transmisión sexual, el abuso sexual, entre otros problemas que interfieren directamente en el rendimiento escolar y la deserción estudiantil y por ende, afectan negativamente la calidad de la educación.

*Universidad de Antioquia-Colombia, † Estudiante Escuela de Microbiología.

TLP09. Hallazgo de tres mutaciones nuevas que confieren ganancia de función en STAT1 y predisposición a infecciones por *Candida* spp y *Mycobacterium tuberculosis*

Marcela Moncada-Velez*, Andrés Augusto Arias*†‡, Carlos Andres Arango*, Sara Daniela Osorio*, Lorena Castro*, Miyuki Tsumura†, Shiho Nishimura†, Sonoko Sakata†, Satoshi Okada†, Juan Fernando Alzate=#, Felipe Cabarcas‡, Julio Cesar Orrego*, Jean-Laurent Casanova‡**#, Jacinta Bustamante‡**†#, José Luis Franco*.

Introducción. Las mutaciones de ganancia de función (GOF) en el transductor de señales y activador de la transcripción 1 (STAT1) desencadena un desbalance en la señalización de STAT1 y causa una desregulación del sistema inmune e inmunodeficiencia. Esta última se caracteriza frecuentemente por susceptibilidad a infecciones recurrentes por *Candida* spp. que resulta en candidiasis mucocutánea crónica (CMC).

Objetivo. caracterizar el defecto molecular y genético de una cohorte de pacientes colombianos con histoplasmosis, candidiasis y tuberculosis que poseen defectos en la proteína STAT1 y fueron remitidos al grupo de Inmunodeficiencias Primarias de la Universidad de Antioquia.

Metodología. este es un estudio descriptivo que busca caracterizar genética y molecularmente 3 pacientes colombianos que poseen infecciones asociadas a defectos en el gen *STAT1*. Para lograrlo realizamos secuenciación completa del exoma (WES) a partir de ADNg de los pacientes. Las variantes genéticas encontradas en *STAT1* se encuentran en proceso de confirmación por PCR y secuenciación utilizando el método de Sanger.

Resultados. se encontró tres variantes genéticas heterocigotas en tres pacientes no relacionados en STAT1. Los estudios *in silico* de estas variantes predicen un alto puntaje de CADD y una predicción deletérea por SIFT y Pholyphen. Actualmente estamos investigando el impacto en términos de expresión funcional y proteica de este gen.

Conclusiones. en el presente estudio se identificaron tres variantes nuevas en el gen STAT1 en tres pacientes colombianos que confiere predisposición a infecciones por *Candida* spp. y *Mycobacterium tuberculosis*. Este trabajo resalta la importancia del análisis de WES en el estudio genético de los pacientes con IDPs.

*Grupo de Inmunodeficiencias Primarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, †Grupo de Satoshi en Japon, ‡Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases, Necker Branch, Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, INSERM-U1163, Paris, France, EU, **Paris Descartes University, Imagine Institute, Paris, France, EU, #Pediatric Hematology-Immunology Unit, Necker Hospital for Sick Children, Paris, France, EU, †#Center for the Study of Primary Immunodeficiencies, Necker Hospital for Sick Children, Paris, France, EU, ‡‡Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, =#Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG, Universidad de Antioquia, Colombia.

TLP10. Narrativas sexuales en videojuegos comerciales de mayor juego por escolares de secundaria, Medellín, Colombia, 2014.

Mónica Isabel Tamayo Acevedo*, María Guadalupe Chávez Méndez†, Lucía Stella Tamayo Acevedo‡.

Introducción. El videojuego es un producto cultural de gran impacto en la sociedad del siglo XXI, de uso extendido y con aplicaciones en diferentes ámbitos. Sus características de interactividad e inmersión lo convierten en una estrategia audiovisual de comunicación para la educación en salud sexual. Sin embargo, los videojuegos comerciales dirigidos a público juvenil poseen alto contenido sexual, que refuerza comportamientos de riesgo para asumir la sexualidad.

Objetivo. Analizar las narrativas audiovisuales de los videojuegos comerciales más utilizados por escolares de secundaria desde la perspectiva de prototipos de género, imágenes y textos sexuales.

Metodología. Estudio cualitativo a través de la observación directa del videojuego. Se analizaron 30 videojuegos comerciales de género acción y aventura, siendo de mayor uso: Assassin's Creed II, Devil May Cry, Fahrenheit, Fair Cry 3, God of War II: Divine Retribution, Hitman Absolution; bajo las categorías predeterminadas: relaciones entre personajes, relatos y narraciones, entorno, y valores y anti-valores.

Resultados. Las relaciones entre los personajes de los videojuegos son de amistad, conquista y sexuales; las antagónicas se dan entre hombres y las de colaboración entre mujeres. Las relaciones sexuales se convierten en el premio por alcanzar ciertas metas. Las mujeres se insinúan a los hombres a través del lenguaje corporal y verbal. Aparecen escenas de mujeres desnudas, encubiertas por el juego de cámaras utilizado. Se recurre al movimiento de los senos a medida que la mujer se desplaza por espacios escenográficos. La caracterización física de los personajes atiende a patrones culturales asociados con lo erótico, sensual y provocativo; mujeres con rostros hermosos, voluptuosas, atuendos escasos y ajustados al cuerpo, sobresalen senos y cadera vs hombres fuertes, musculosos con indumentaria que evoca poder; evidenciándose desigualdades de género.

Se observan besos apasionados y caricias; acompañadas de diálogos inteligentemente creados, con juego y doble sentido de las palabras referidas al sexo. En escenas de sexo explícito aparecen imágenes simbólicas, sonidos onomatopéyicos que indican el disfrute y alcance del orgasmo. Los hombres manifiestan actitudes machistas, agresivas con las mujeres, menospreciadas, consideradas débiles, tratadas como objetos sexuales para lograr objetivos masculinos, propios del juego.

Conclusiones. Las narrativas de los videojuegos comerciales analizados evidencian alta carga de contenido sexual manifiesto en diálogos, lenguaje no verbal, en imágenes visuales de personajes y escenografías que crean estereotipos que perpetúan las desigualdades de género en la cultura, con afectación en la salud sexual. Se sugiere innovar las estrategias educativas tradicionales, apostando a las TICs.

*Universidad de Medellín-Colombia, †Universidad de Colima-México, ‡Universidad de Antioquia-Colombia. Grupo de investigación Salud Sexual y Cáncer.

TLP11. Prevalencia de hallazgos precancerosos de cuello uterino en citologías de mujeres menores de 25 años y su relación con algunos factores de riesgo en una IPS pública de Medellín en los años 2013 y 2014

Jiseth Paola Martínez Espinosa, Judith Ibargüen Becerra*, Marleny Valencia Arredondo†.*

Introducción. el cáncer de cuello uterino es una de las patologías más importantes dentro las consideradas como riesgo de salud pública dada su alta incidencia. Es esencialmente una enfermedad ligada a la transmisión sexual del virus del papiloma humano. A pesar que se considera que esta neoplasia, es propia de mujeres en edad adulta, en años recientes, se ha observado un aumento de lesiones premalignas de alto grado en mujeres cada vez más jóvenes, especialmente en países con altas tasas de morbilidad como lo es Colombia.

Objetivo. determinar la prevalencia de hallazgos precancerosos y su relación con algunos factores de riesgo asociados en mujeres menores de 25 años atendidas en el servicio de citología en una IPS pública de Medellín en los años 2013-2014.

Metodología. estudio de prevalencia en 28.471 mujeres menores de 25 años del programa de detección y prevención del cáncer cervicouterino de Metrosalud. Se calculó la prevalencia de los hallazgos oncológicos de forma global y específica para cada uno los factores de riesgo asociados y su relación con los hallazgos citológicos.

Resultados. se obtuvo una prevalencia global de alteraciones del 15.89% equivalente a 4.523; LIEBG, 6.80%; el 0,57% LIEAG. El ASCUS fue el hallazgo oncológico de mayor prevalencia con 7.80%; ASC-H, 0.56% y AGC-NOS con 0.003%.

Conclusiones. si bien, el porcentaje de lesiones de alto grado no fue elevado, se muestra en este estudio, la importancia de hacer un seguimiento estrecho a estas mujeres con el fin de impedir el avance de la enfermedad y evitar la exposición a tratamientos agresivos como la histerectomía, la radio y quimioterapia que pueden afectar su calidad de vida y entorpecer el desarrollo de personas en plena etapa reproductiva y productiva, además su muerte significa una gran pérdida familiar y para la sociedad en general.

*Estudiantes Microbiología y Bioanálisis, Universidad de Antioquia, †Bacteriología y Laboratorio Clínica, Especialista en citología cervicouterina, PhD Salud Pública, Grupo Salud Sexual y Cáncer, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.

TLP12. Promoción y participación en salud en el municipio de Bello (Antioquia)

Diana Arboleda, Santiago Gallego Agudelo*, Manuela Molina Ospina*, Natalia Lopera*, Carolina Zapata*.*

Introducción. En Colombia existen diversas formas de participación social, ciudadana y comunitaria en salud, establecidas en el decreto 1757 de 1994, con el fin de mejorar la prestación de los servicios de salud. Algunas de estas formas de participación son los COPACOS, la liga de usuarios, buzón de sugerencias, entre otras.

Objetivo. Investigar el nivel de conocimiento que tienen los usuarios y trabajadores de una empresa prestadora de servicios de salud del municipio de Bello (Antioquia - Colombia) sobre la participación y promoción en salud.

Metodología. Entre el 2 de Marzo y el 14 de Mayo del 2015, se realizaron entrevistas a los usuarios, trabajadores del sistema de salud y administrativos de la ESE Bello Salud, encuestas descriptivas virtuales y presenciales a los habitantes del municipio de Bello, y un grupo focal con los miembros de la Asociación de usuarios del municipio.

Resultados. Los usuarios de la ESE Bello Salud presentan inconformismo en cuanto a la atención en salud que se les brinda; sin embargo, el 60.6% manifestó desconfianza en los mecanismos de participación ciudadana, por lo cual no expresan su opinión.

De enero a mayo del 2015 se registraron en el buzón de sugerencias 67 felicitaciones, 29 sugerencias y 138 quejas, todas fueron resueltas siguiendo el debido proceso.

Actualmente el COPACO no está funcionando con el número de integrantes que debería.

Conclusiones. Desde la secretaría de salud se ha buscado cumplir a cabalidad con lo establecido en el decreto 1757, sin embargo aún hay muchas falencias en el sistema de salud, en parte, por la falta de conocimiento y compromiso de la comunidad sobre los temas relacionados con la participación ciudadana.

*Estudiante de la Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: santiago.gallego@udea.edu.co

TLP13. Propuesta metodológica para la caracterización de la microbiota intestinal de mosquitos *Anopheles* de campo

Stefani A. Piedrahita*, Paula A. Urrea*, Priscila Bascuñán*, Juan Camilo Hernández*,
Yadira Galeano-Castañeda*, Margarita M. Correa*.

Introducción. Los mosquitos del género *Anopheles* participan en la transmisión de la malaria. Se ha demostrado que la microbiota intestinal del mosquito influye en el ciclo de vida del parásito *Plasmodium*. Sin embargo, no hay un consenso sobre la metodología apropiada para la caracterización de dicha microbiota. Por tanto, este estudio propone un protocolo de trabajo simple y reproducible para la caracterización de la microbiota bacteriana intestinal de dos vectores principales de malaria en Colombia.

Objetivo: Proponer una metodología para la caracterización de la microbiota intestinal de mosquitos *Anopheles* colectados en campo.

Metodología: A los mosquitos colectados en campo se les extrajo el intestino bajo condiciones estériles y se conservaron en medio isotónico hasta su procesamiento en el laboratorio. Una alícuota del macerado del intestino se cultivó en medios de enriquecimiento por duplicado y se realizaron pruebas fenotípicas a partir de los aislados puros. La identificación de especie de *Anopheles* se realizó por PCR-RFLP-ITS2.

Resultados: Se identificaron tres especies, *Anopheles darlingi*, *Anopheles nuneztovari* y *Anopheles triannulatus*; los dos primeros, considerados importantes vectores de malaria en Colombia. La metodología propuesta permitió la caracterización de abundantes morfotipos bacterianos.

Conclusión: La estandarización de los métodos de caracterización de la microbiota intestinal permite optimizar recursos, proporcionar resultados reproducibles y reducir el tiempo de trabajo. Futura secuenciación utilizando Illumina Mi-Seq, permitirá complementar la información generada por métodos dependientes de cultivo.

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

TLP14. Desarrollo de un medio de cultivo para la producción de bioetanol empleando residuos lignocelulósicos agroindustriales

Cristian Bastidas-Narvaes*, Lina M. Agudelo-Escobar*.

Introducción. Las fuentes de energía no renovables causan afectación ambiental y para reducir estos efectos se estudian a nivel mundial la implementación de energías renovables. Por esta razón, se realizó este trabajo donde se busca crear un hidrolizado a partir de residuos lignocelulósicos agroindustriales (bagazo de caña, cáscara de banano verde, cascarrilla de cacao y hojas-tallos de yuca) para su posterior uso en la producción de bioetanol.

Materiales y métodos. En la experimentación, se utilizó una concentración del 10 % (p/v) de residuo lignocelulósico con un tamaño de partícula entre 0,5 – 1 mm. Se utilizaron dos pretratamientos químicos con ácido sulfúrico e hidróxido de sodio a concentraciones de 0,89; 2,9 y 5 % (v/v), tiempos de proceso de 15, 37 y 60 min, una temperatura de 90 °C y una agitación de 140 rpm. Se evaluó un tratamiento físico de explosión de vapor utilizando dos ciclos de autoclave, el ciclo normal (121 °C, 15 min, 15 psi) y el ciclo especial (105 °C, 18 min, 15 psi). El proceso de hidrólisis enzimática se realizó con Optimase CX-255L a pH 5, 75 °C y 140 rpm; y con Accellerase 1500 a pH 4,5; 60 °C y 140 rpm. La concentración (g/L) de glucosa y xilosa en los hidrolizados obtenidos fueron las variables respuesta. La cuantificación de los azúcares se realizó por HPLC.

Resultados. El pretratamiento con ácido sulfúrico a una concentración de 5 % (v/v) y un tiempo de 60 min, junto con la hidrólisis enzimática con Accellerase 1500 aplicado a la cáscara de banano verde permitió la mayor liberación de azúcares (52,0 g/L).

*Grupo de Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Contacto: agudelo.linamaria@gmail.com

TLP15. Susceptibilidad Antimicrobiana de Microorganismos Anaerobios Aislados de Infecciones Endodónticas Primarias a Amoxicilina y Metronidazol y su Asociación con los Parámetros Clínicos

Luis Felipe Upegui Jimenez*.

Introducción. Las infecciones endodónticas son infecciones del sistema de conductos radiculares, causadas principalmente por bacterias anaerobias estrictas. La resistencia a los antimicrobianos es un problema que va en aumento, y depende de la ubicación geográfica. Hay casos en los que estas infecciones se pueden diseminar a otras partes del cuerpo, pudiendo amenazar la vida del paciente. En nuestro medio no existen casi estudios sobre la composición y la susceptibilidad antimicrobiana de la microbiota endodóntica, por lo que es importante conocer cuál es la composición de la microbiota endodóntica y los patrones de susceptibilidad antimicrobiana a dos de los antibióticos más utilizados para su tratamiento.

Objetivo: Describir la composición de la microbiota anaerobia estricta en infecciones endodónticas primarias, su susceptibilidad antimicrobiana y la asociación con los parámetros clínicos.

Metodología: se tomaron muestras de siete pacientes con necrosis pulpar sintomática o asintomática. Se utilizaron técnicas para la conservación, cultivo, incubación e identificación de anaerobios estrictos. Para determinar la susceptibilidad antimicrobiana a amoxicilina y metronidazol, se utilizó el método de dilución en agar.

Resultados: Se obtuvieron un total de 32 aislamientos, 20 (62.5%) fueron anaerobios estrictos, y 8 (25%) anaerobios facultativos. El microorganismo anaerobio estricto más frecuente fue *Fusobacterium nucleatum*, se aisló en tres casos, todos relacionados con algún tipo de dolor, y en dos casos estuvo relacionado con *Prevotella* spp. Se encontró una colonia de *F. nucleatum* resistente a amoxicilina y con producción de β -lactamasa, y otra de *F. nucleatum* resistente a metronidazol. Una colonia de *P. propionicum/avidus* presentó resistencia intermedia a amoxicilina y con producción de β -lactamasa.

Conclusiones: Se encontró la presencia de bacterias anaerobias estrictas en los pacientes con infecciones endodónticas primarias. Existen algunos microorganismos relacionados con algún tipo de dolor, como *F. nucleatum* y *P. micra*. Los hallazgos muestran presencia de *F. nucleatum* resistentes a los antimicrobianos evaluados.

*Estudiante de maestría, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Contacto: lupegui@gmail.com

TLP16. Estandarización de un test ELISA para el diagnóstico de *Trypanosoma evansi* en bovinos de Colombia

Carolina Zapata Zapata*

Introducción. *Trypanosoma evansi*, es un hemoparásito flagelado perteneciente al subgénero *Trypanozoon* y causante de una enfermedad conocida como "Surra", la cual afecta económicamente la producción del ganado bovino en países tropicales y subtropicales. Ante la baja sensibilidad de las pruebas parasitológicas, el desarrollo de técnicas con alta sensibilidad y especificidad es necesario para la vigilancia y control de la enfermedad.

Objetivo. Establecer las condiciones de estandarización de un test ELISA para el diagnóstico de *T. evansi* en bovinos de Colombia.

Materiales y métodos. Para la estandarización de la prueba, se utilizó como antígeno, lisado total de parásitos de *T. brucei*, una especie perteneciente al mismo subgénero de *T. evansi* con el cual presenta una identidad genética del 98 %. Para determinar el punto de corte, se usó un total de 5 animales provenientes de un área no endémica y diagnosticados como negativos mediante técnicas parasitológicas y moleculares; siendo utilizados como controles negativos internos (CNI). Para evaluar la sensibilidad y especificidad, un grupo de 7 animales molecularmente positivos para *T. evansi* provenientes de un área endémica y 11 molecularmente negativos provenientes de un área no endémica, se utilizaron en la prueba como controles positivos (CPE) y negativos externos (CNE), respectivamente.

Resultados y conclusiones. Inicialmente, la estimación de un punto de corte de 0.1923 utilizando el promedio más 3 desviaciones estándar de los CNI, evidenció un valor de sensibilidad y especificidad de 63.6 y 57.0 %, respectivamente. Aunque los valores de sensibilidad y especificidad no son adecuados para la implementación de esta técnica en campo, la falta de CPE y CNI que garanticen la presencia de títulos de anticuerpos contra el parásito y la no exposición a los mismos, respectivamente, son necesarios para establecer los verdaderos valores de sensibilidad y especificidad en esta prueba.

*Estudiante de Microbiología y Bioanálisis, Grupo de Investigación Biología y Control de Enfermedades Infecciosas (BCEI).

TLP17. Evaluación del comportamiento de diferentes cepas de *Saccharomyces cerevisiae* en cerveza artesanal adicionada con β -glucanos

Francia E. Valencia G. *, Laura C. Preciado†, María M. O. Román‡, Carlos A. Piedrahita†, Jhon Morales †.

Introducción. La cerveza artesanal es un producto de consumo a nivel mundial, en Colombia existen monopolios alrededor de la cerveza pero en los últimos años, pequeños productores han impulsado la producción artesanal incrementado 14,69 % entre 2010-2011, 18,21 % para 2011-2012 y un 27,9 % entre 2012 y 2013. De ahí la importancia de generar proyectos que permitan conocer el comportamiento de los inóculos comerciales de levadura durante el proceso de fermentación bajo las condiciones ambientales de nuestro país; por lo tanto, en este trabajo se buscó seleccionar un inóculo de levadura comercial para elaborar una cerveza artesanal adicionada con β -glucano.

Materiales y métodos. Se emplearon 7 inóculos comerciales de *Saccharomyces cerevisiae* de la empresa Lallemand® los cuales, se rehidrataron y sembraron en agar Ogy, posteriormente, se incubaron por 48 h. A partir de estas colonias se prepararon inóculos con DO de $0,86 \pm 0,05$ con lectura a 320 nm que fueron adicionados a tubos Falcon con 35 ml de mosto adicionado con 0,32 % de β -glucano. Durante la fermentación, se midieron las variables de respuesta Brix, pH, conductividad, resistividad, TDS y salinidad.

Resultados y conclusiones. Con base a los resultados obtenidos se concluyó que el inóculo comercial Bry-97® presentó mayor producción de alcohol en el día uno, reflejando la mejor adaptación al medio frente a los otros inóculos, sin embargo el inóculo Munich® produjo menos de 0,005 % de alcohol el mismo día. Belle Saison® y Windsor® presentaron rápida adaptación al medio debido a que cuando se agotaba el sustrato del cual se alimentaban, comenzaban a metabolizar otro compuesto y continuar la producción de alcohol y el crecimiento celular. Para la segunda fase del estudio se seleccionó la cepa CBC® debido a su significativa producción de alcohol frente a los otros inóculos, rápida adaptación al medio y capacidad para metabolizar otros azúcares.

* Profesor. Escuela de Microbiología. Grupo de Investigación de Biotransformación. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia, †Estudiante Ingeniería de Alimentos. Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias. Grupo de Investigación de Alimentos Saludables. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia, ‡Profesor. Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Alimentarias. Grupo de Investigación de Alimentos Saludables. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Contacto: francia.valencia@udea.edu.co

TLP18. Hidrolizados de harina de yuca empleados en la producción de polihidroxialcanoatos (PHA): aislado bacteriano vs *Ralstonia eutropha* ATCC 17699

Wilman Alcaraz-Zapata*, Jenifer Urán-Álvarez*, Mariana Cardona*, Andrés Villa-Restrepo*, Alejandro Acosta*.

Introducción. Los PHA son biopolímeros biodegradables con características similares a los plásticos derivados del petróleo. En su producción, gran parte de los costos son asociados al sustrato, por lo cual, el empleo de fuentes renovables económicas y la búsqueda de cepas bacterianas productoras de PHA, se convierte en una alternativa para el proceso.

Objetivo. Se evaluó el potencial de producción de PHA del aislado bacteriano SB-34 frente a la cepa referencia *R. eutropha* ATCC 17699 empleando como sustrato alternativo hidrolizados de harina de yuca de rechazo. Metodología. El aislado bacteriano y la cepa referencia se cultivaron en un medio basado en hidrolizados de harina de yuca como fuente de carbono a 150 rpm, pH 7.0 y a 30 °C. Se analizó la biomasa por peso seco, el consumo de azúcares por HPLC, la formación de gránulos de PHA por tinción con Sudán Black B, la extracción del PHA por digestión ácida y la identificación del polímero por FTIR.

Resultados. Para el aislado y la cepa de referencia se alcanzaron velocidades de crecimiento de 0,510 h⁻¹ y 0,497 h⁻¹, respectivamente. La mayor concentración de biomasa se logró con el aislado ($5,49 \pm 0,21$ g/L), superando en un 30 % a la cepa referencia ($3,8 \pm 0,45$ g/L). En polímero, el aislado produjo $3,23 \pm 0,21$ g/L con una productividad: $0,050 \pm 0,003$ g/L.h superando al obtenido con la cepa referencia $2,42 \pm 0,23$ g/L; y una productividad de $0,038 \pm 0,002$ g/L.h. El biopolímero obtenido corresponde al tipo polihidroxibutirato (PHB), similar al producido por la cepa referencia en una proporción del 99.9 %.

Conclusiones. El aislado SB-34 mostró alto potencial para la producción de PHA, ya que, tanto en crecimiento como en producción, los resultados fueron mayores a los conseguidos con la cepa referencia. El empleo de hidrolizados de harina de yuca, se convierte en una alternativa para el cultivo si se considera que proviene de un residuo agroindustrial.

* Grupo de Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia Medellín, Colombia. Contacto: alejandro.acosta@udea.edu.co

TLP19. Model based multi-objective optimization as a tool for maximizing productivity in bioprocesses: case study polyhydroxyalkanoates production

Cesar García*, Wilman Alcaraz†, Diego A. Muñoz‡, Silvia Ochoa*, Alejandro Acosta†, Cesar García*, Wilman Alcaraz†, Diego A. Muñoz‡, Silvia Ochoa*, Alejandro Acosta†.

Introducción. Mathematical models describing the behavior of microbiological processes are important as they provide a reliable description of the phenomena taking place on the system. For developing reliable process models, a parameter identification routine is usually employed. Such routine includes usually a sensitivity analysis in order to determine the most relevant parameters that must be re-identified each time that a different experimental data set is available. In this work, a methodology for finding operating conditions that lead to maximal productivity in bioprocesses is proposed.

Methodology. Experimental data at 5 L bioreactor were taken at the Biotransformation Research Group Lab. Temperature and pH were controlled at set points of 30 °C and 7. A model was proposed that includes the dynamics of biomass, substrate, ammonia and product. The model contains 19 parameters. A Monod-Sigmoidal type expression with uncompetitive substrate limitation and oxygen limitation was used for representing the growth kinetics. After finding a good fit between the experimental data and the model predictions, the model was used for solving a Multi-Objective Optimization (MOO) problem. The objective function used was productivity, which is related with two objectives: i) minimization of substrate and nutrients consumption and ii) maximization of polymer produced. Optimization results were used for starting a new batch experiment, where the initial conditions used were the results obtained from solving the MOO.

Results and conclusions. It was compared the model predictions for the measured state variables (substrate, biomass and polymer concentrations) with the experimental data. A global sensitivity analysis was carried out, which showed that there are seven sensitive parameters related mainly with the biomass, ammonia and substrate dynamics. Finally, the Pareto front showing the relation between the two objective functions was performed. Sensitivity analysis allowed the identification of the seven most sensitive parameters. The model has been used for maximizing end product while substrates consumption is kept at minimal. It has been shown that the in silico, optimal conditions found are also optimal when applied experimentally. In this way, it has been possible to combine in a synergic manner both: the advantages of using in silico tools, and real experimentation in biological systems.

* SIDCOP Research Group - Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, † Biotransformation Research Group - Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia, ‡ OPTIMO Research Group-UPB, Medellín, Colombia.

TLP20. Validación del modelo matemático de *Bacillus thuringiensis* var *israelensis* bajo diferentes medios de cultivo

Madalyd Yurani Vera*, José Baena Vélez*, Natalia Gómez Yarce*.

Introducción. Los modelos matemáticos se han empleado en diferentes áreas del conocimiento; en microbiología los inicios de estos modelos se plantearon desde 1798 con el modelo de Maltus, el cual describe el crecimiento microbiano a una velocidad constante en donde la población será proporcional al número de individuos, es decir, no existen limitaciones en el medio. En 1945, Monod estudió el efecto de la composición de un medio de cultivo libre de sustancias inhibitorias sobre la velocidad específica de crecimiento. Actualmente y gracias al avance en los sistemas computacionales, se desarrollan modelos los cuales sirven para representar información que simulan las características principales de un proceso o sistema.

Objetivo. Validar un modelo propuesto para *Bacillus thuringiensis* var *israelensis* con diferentes medios de cultivo.

Materiales y métodos. La cepa Bti utilizada pertenece a la colección de microorganismos de la Unidad de Fitosanidad y Control Biológico de la Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB) y se seleccionó por su potencial tóxico contra insectos del orden díptera. La cepa se encontraba liofilizada y se activó en caldo LB a 30 °C por 100 rpm durante 72 h; este cultivo se utilizó como banco de trabajo. Para las fermentaciones, se evaluaron dos medios de cultivo denominados CIB y CIB modificado. Las técnicas analíticas que se emplearon fueron biomasa por peso seco y azúcares por DNS. Para realizar el modelo, se utilizó el software *Berkeley Madonna*, la solución de las ecuaciones diferenciales se realizaron por el método de Euler y la identificación de parámetros mediante *SOLVER* de Microsoft Office Excel.

Resultados y conclusiones. Se presentó una correlación de los datos obtenidos por el modelo matemático y por el experimento para el medio CIB de 0,973 y para el medio CIB modificado de 0,946. Se encontró que el modelo estudiado se ajustó a los datos experimentales con nuevos valores de parámetros no reportados en la literatura. Este modelo por ser dinámico puede ser utilizado posteriormente como herramienta para el diseño simultáneo de proceso y control del proceso de producción de Bti.

* Grupo de Biotransformación, Escuela de microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Contacto: madalyd.vera@udea.edu.co

● **IX Jornadas de Investigación y Extensión de la Escuela de Microbiología**
"Conociendo la Investigación y la Extensión hecha en casa"

● **Conferencias Magistrales / Central Conferences**

● **Presentaciones Orales / Oral Presentations**

● **Presentaciones en Póster / Poster Presentations**



Revista **HECHOS** **Microbiológicos**

Escuela de Microbiología - Universidad de Antioquia
Calle 70 # 52 - 72 - Piso 6 - Oficina 607 - Teléfono: 2198490
revistahechosmicrobiologicos@udea.edu.co / www.udea.edu.co/hm
Medellín - Colombia