



MEMORIAS

CONGRESO NACIONAL DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

E-LEARNING



Ambientes virtuales en investigación y desarrollo de las ciencias biológicas.

ÁREAS TEMÁTICAS



Ciencias Biomédicas



Ciencias Agropecuarias



Genética y Ciencias Ómicas



Microbiología y Biotecnología



Ciencias Ambientales



Biología Animal



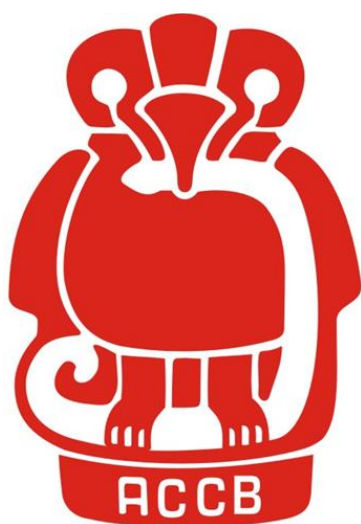
Biología Vegetal



Enseñanza de las Ciencias Biológicas

ISSN	NÚMERO	CIUDAD	PÁGINAS	FECHA	AÑO
2665-265X	3	Armenia (Q)	481	Noviembre 7	2020

MEMORIAS CONGRESO NACIONAL DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



**Versión 55 Nacional y 6
Internacional
(virtual)**

ISSN	NÚMERO	CIUDAD	PÁGINAS	FECHA	AÑO
2665-265X	3	Armenia Q.	481	Noviembre 7	2020

©Derechos reservados de autor. Queda prohibida la reproducción parcial o total del material gráfico y editorial de la publicación sin previa autorización escrita del editor.

Las opiniones expresadas en cada uno de los resúmenes, son responsabilidad de los autores. Este documento hace la compilación de los resúmenes presentados en el marco del Congreso Nacional de Ciencias Biológicas, evento de divulgación científica y académica de la Asociación Colombiana de Ciencias Biológicas.

[Wwww.asociacioncolombianadecienciasbiologicas.org](http://www.asociacioncolombianadecienciasbiologicas.org)

ASISTENTES EDITORIALES

Mónica Viviana Moncada MSc-Química

Iván Cortés Mata Tec.

Asociación Colombiana de Ciencias Biológicas

Patricia Landázuri. MSc, Ph.D.
Editora-Jefe
Facultad Ciencias de la Salud
Universidad del Quindío

Editores Asociados

José Luis Martínez Salinas. Ph.D.
Universidad Santiago de Chile
Rocío Stella Suarez Román
Universidad del Quindío-Colombia
Marcelo Luis Wagner. Ph.D.
Universidad de Buenos Aires
Jaime de la Ossa Velásquez
Universidad de Sucre-Colombia
Lina Johanna Moreno Giraldo
Universidad Santiago de Cali
Giovanny Guevara Cardona
Universidad del Tolima-Colombia
Luz Mercedes Arango Botero
Universidad de Sucre-Colombia
Felipe García Vallejo
Universidad del Valle-Colombia

COMITE CIENTIFICO

Marco Luis Wagner
Universidad de Buenos Aires Argentina
Ana Ladio
Universidad Nacional Comahue, Argentina
Carlos A. Duarte
Centro de Ingeniería Genética y
Biotecnología, La Habana- Cuba
Harold A. Gómez Estrada
Universidad de Cartagena, Colombia
Fidel O. Castro Reboledo
Universidad de concepción- Chile
Carlos Corredor Pereira
Universidad Simón Bolívar Colombia
Ramón Latorre de la Cruz
Universidad de Valparaíso, Chile
Mario R. Quintanilla Gatica

Pontificia Universidad Católica de Chile-
Chile
José M. Prieto Garcia
University College London School of
pharmacy Reino Unido
Mahendra Rai
SGB Amravati University, India
Marco A. Dehesa Gonzalez
Laboratorio Renase, Ecuador
Aurelio San Martin
Universidad de Chile, Chile
Rene Delgado Hernández
Universidad de la Habana-Cuba
Luca Rastrelli
University of Salerno, Italia

JUNTA DIRECTIVA NACIONAL 2019-2020

SECRETARIA EJECUTIVA Representante Legal	PATRICIA LANDAZURI
PRESIDENTE	JAIME DE LA OSSA VELÁSQUEZ
VICEPRESIDENTE	ALCIDES SAMPEDRO MARÍN
TESORERO	BEATRIZ RESTREPO CORTÉS
FISCAL	LINA JOHANNA MORENO GIRALDO
VOCAL	KERRY JOHANA DÍAZ FUENMAYOR
PRESIDENTE EX OFICIO	RAMÓN FAYAD NAFFAH
ASESOR PERMANENTE	CARLOS F. CORREDOR PEREIRA

JUNTA DIRECTIVA SECCIONAL VALLE 2019-2020

PRESIDENTE	LINA JOHANNA MORENO GIRALDO
PRESIDENTE EXOFICIO	DIEGO BURGOS
SECRETARIA	DANIELA ARTURO
TESORERO	JOSE MARIA SATIZABAL SOTO
FISCAL	JULIO CESAR MONTOYA
VOCALES	STEPHANY RAMIREZ - MARÍA EUFEMIA FREYRE

ORGANIZADORES



PATROCINADORES



CONTENIDO

	Pág.
CONFERENCIAS MAGISTRALES	7-14
PONENCIAS BIOLOGÍA ANIMAL	15-54
PONENCIAS BIOLOGÍA VEGETAL	55-99
PONENCIAS CIENCIAS AGROPECUARIAS	100-134
PONENCIAS CIENCIAS AMBIENTALES	135-196
PONENCIAS CIENCIAS BIOMÉDICAS	197-296
PONENCIAS ENSEÑANZA DE LAS CIENCIAS BIOLÓGICAS	297-329
PONENCIAS GENÉTICA Y CIENCIAS ÓMICAS	330-382
PONENCIAS MICROBIOLOGÍA Y BIOTECNOLOGÍA	383-478

CONFERENCIAS MAGISTRALES

LA GENÉTICA DEL SARS- COV-2 (GENETICS SARS-COV-2)

Luis Gustavo Celis

Facultad de Medicina – Universidad de La Sabana. Correo electrónico:
luis.celis@unisabana.edu.co

Resumen

El SARS-CoV-2 ha sido responsable del brote pandémico iniciado en diciembre de 2019 presuntamente en China. Se sospecha que su origen está relacionado con un mercado en Wuhan, donde se comercializan animales salvajes dando posible origen de este virus. Los reservorios del SARS-CoV-2 han sido ampliamente estudiados, ya que el virus ha demostrado ser fácilmente transmisible al ser humano ocasionando infecciones respiratorias y/o gastrointestinales.

El coronavirus presentan una gran capacidad de recombinarse lo que podía conducir a la aparición de nuevos genotipos y/ o brotes por la presencia de un gran reservorio de virus similares al SARS-CoV. Aunque es clara la asociación zoonótica, no está dilucidado si sólo existe una especie involucrada en su transmisión a los humanos; los murciélagos en herradura figuran como el principal Reservorio.

El rasgo característico del virus se observa bajo microscopía electrónica con la presencia de una franja de espigas espaciadas las cuales lo diferencian morfológicamente de las otras familias de virus y le dan su nombre actual de coronavirus. Cuenta con una nucleocápside con su respectiva proteína (proteína N) como protección del material genético y una bicapa de fosfolípidos de la envoltura externa, que incluyen las proteínas S, E y M. Se han estudiado ampliamente los reservorios del virus ya que este es fácilmente transmisible al ser humano ocasionando infecciones respiratorias y/o gastrointestinales.

El genoma está conformado por una única cadena de ARN monocatenaria de polaridad positiva (+ssARN) que contiene aproximadamente 30,000 pares de bases. Cuenta con un capuchón metilado en el extremo 5', una cadena poliadenilada (poli-A) en el extremo 3' y al menos 6 marcos abiertos de lectura (ORF). El genoma se puede dividir en tres tercios: los dos primeros codifican el gen de la replicasa viral mientras que el último codifica los genes de las proteínas S, M, E, N y proteínas accesorias.

Estudios realizados en China han identificado al menos 149 sitios de mutación en 103 cepas secuenciadas del virus. Dentro de estas 103 cepas, 101 de ellas cuentan con una relación completa entre (SNP). 72 cepas pertenecen al linaje "L", mientras que 29 cepas pertenecen al linaje "S". Se considera que aquella cepa de linaje "L" es la de mayor agresividad y de propagación más rápida debido a una mayor presión selectiva. Por otro lado, un estudio más reciente realizado en Estados Unidos identifica otras dos cepas: el SARS-CoV-2a y el SARS-CoV-2g las cuales se diferencian por una mutación de tres nucleótidos. Sin embargo, es la cepa SARS-CoV-2a la que afecta negativamente esta proteína reduciendo su efectividad, lo cual explicaría porqué regiones con esta cepa generen reportan una menor tasa de contagiados.

Recientemente se ha descrito una nueva variante del virus denominada VUI-202012/01 que exhibe una eficiente replicación en las células epiteliales del tracto respiratorio por lo que es importante implementar programas de vigilancia genómica que contribuyan a la toma de decisiones en el manejo epidemiológico de la pandemia del Covid-19.

Palabras clave: coronavirus, COVID-19, neumonía, SARS-CoV-2, Cepas S, cepa L, variante VUI-202012/01.

Referencias

1. Malavazos AE, Corsi Romanelli MM, Bandera F, Iacobellis G. Targeting the Adipose Tissue in COVID-19. *Obesity*. 2020;0-1.
2. Vincent C. C. Cheng, Susanna K. P. Lau, Patrick C. Y. Woo, and Kwok Yung Yuen. Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus as an Agent of Emerging and Reemerging. *Clinical Microbiology Reviews* 2007; 20(4):660-694.
3. Vergara, S., Zannin, A. y Celis, LG. SARS-CoV-2 (COVID-19): estado de la pandemia, escenarios clínicos, estrategias para el sector salud y sus aspectos bioéticos. *Salud Uninorte* (2020); 36 (1):229-253.
4. Pastrian-Soto G. Bases Genéticas y Moleculares del COVID-19 (SARS-CoV-2). Mecanismos de Patogénesis y de Respuesta Inmune. *Int J Odontostomatol*. 2020;14(3):331-337.
5. Salvador S. Replicación Y Patogénesis. 2020;23-30.

RELACIÓN DE FITOQUÍMICOS UTILIZADOS EN EL TRATAMIENTO DEL CÁNCER DE COLON

List of phytochemicals used in colon cancer treatment

Beatriz Restrepo C¹, Patricia Landázuri¹, Nelsy Loango Ch²

¹Facultad Ciencias de la Salud. Universidad del Quindío. Armenia-Colombia. Correo electrónico: plandazu@uniquindio.edu.co

²Programa de Biología. Facultad Ciencias Básicas y Tecnologías. Universidad del Quindío-Armenia-Colombia

Resumen

El cáncer colorrectal (CCR) es un tipo de neoplasia gastrointestinal maligna que se origina en el colon o el recto, pero usualmente se fusionan debido a que poseen características biológicas y clínicas comunes. El CCR es una enfermedad de alto impacto en la salud pública, de acuerdo a los reportes de GLOBOCAN 2018, se estima que en el mundo ocurrieron 1,8 millones de nuevos casos y 881.000 muertes para ambos sexos. (1) En general, el CCR ocupa el tercer lugar en términos de incidencia y el segundo en mortalidad (2). Los Fitoquímicos dietéticos llaman cada vez más la atención sobre la prevención y el tratamiento del cáncer de colon debido a su diversidad, actividad biológica, fácil disponibilidad, ausencia de efectos tóxicos y capacidad para modular varias vías de señalización y transducción de procesos celulares (3). Los efectos quimioprotectores de estos fitoquímicos incluyen entre otros, la inhibición de la proliferación de células cancerosas en el colon y la oxidación del ADN, minimizan las mutaciones, inducen enzimas metabólicas de fase I y II, modulan las vías de señalización del crecimiento celular, median en la respuesta inflamatoria, producen detención del ciclo celular y apoptosis, modulando la carcinogénesis y el desarrollo de tumores a nivel celular (4).

Nuestro grupo de investigación viene trabajando en el programa de Nanobiocancer que es un programa de Alianza académico-científica para el fortalecimiento de las IES, Financiado por el Ministerio de Ciencia y Tecnología y el Banco Mundial, enfocado en la Nanobioingeniería para la prevención, el diagnóstico y el tratamiento del cáncer de colon y bajo el proyecto denominado: Compuestos naturales y sintéticos para la prevención del cáncer en alianza con la Escuela de Nutrición y Dietética de la Universidad de Antioquia y los grupos de investigación en la Universidad del Quindío GECVYME y GICBE. Para el estudio se trabaja con zumos de agraz, maracuyá y los extractos etanólico y acuoso de hojas de maracuyá y la pulpa de mango; los estudios se han realizados en líneas celulares de adenocarcinoma de colon SW480 y sus derivadas metastásicas SW620. La caracterización fotoquímica preliminar mostro fenoles totales en todos los extractos con mayor concentración en el extracto etanólico de hojas de maracuyá; flavonoides totales en maracuyá con mayor concentración en el extracto etanólico de hojas de maracuyá; presencia de antocianinas en el extracto acuoso de mortiño, alcaloides totales en el extracto etanólico de hojas y en la pulpa de maracuyá en mayor proporción; azucares totales en pulpa de maracuyá. Los hallazgos en estos

productos naturales permitieron establecer el potencial biológico de los extractos y del jugo en estas líneas celulares (5-8).

En las condiciones evaluadas, los extractos y los jugos presentaron efectos citotóxicos y anti proliferativos, así como el potencial para inducir la muerte celular en ambas líneas celulares en comparación con los tratamientos por separado, los resultados de potencial de membrana mitocondrial han sugerido un mecanismo de muerte celular apoptótica extrínseca, sin involucrar daño celular, efectos que podrían atribuirse a la actividad conjunta entre la rica composición polifenólica de estos productos naturales destacando el potencial uso de estos compuestos naturales como opción terapéutica para mejorar la eficacia anticancerígena (5-8).

Referencias

1. Bray, F, Ferlay, J, & Soerjomataram, I. (2018). Global Cancer Statistics 2018: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries. *CA Cancer J Clin.*, 00(00), 1-31.
2. Mattiuzzi, C, Sanchis-Gomar, F, & Lippi, G. (2019). Concise update on colorectal cancer epidemiology. *Ann Transl Med*, 7(21), 609–609.
3. Agudelo, C., Luzardo-ocampo, I., Campos-vega, R., & Loarca-pina, G. (2018). Bioaccessibility during in Vitro Digestion and Antiproliferative Effect of Bioactive Compounds from Andean Berry (*Vaccinium meridionale Swartz*) Juice. *J. Agric. Food Chem.*, 66, 7358–7366.
4. Agudelo, C, Ivan Luzardo, Hernández-Arriaga, A, Réndon, J, Campos-Vega, R, Maldonado, M. E. (2020). Fermented Non-Digestible Fraction of Andean Berry (*Vaccinium meridionale Swartz*) Juice Induces Apoptosis in Colon Adenocarcinoma Cells. *Prev. Nutr. Food Sci*, 25(June), 1–8.
5. Aguillón J, Maldonado M.E, Loango N, Arango Sandra S, Landázuri P. (2013). Antioxidant and antiproliferative activity of ethanolic and aqueous extracts from leaves and fruits juice *Passiflora edulis*. *Perspect nut hum*. 15(1): 13-25.
6. Aguillón J, Arango SS, Uribe DF, Loango N. (2018). Cytotoxic and apoptotic activity of extracts from leaves and juice of *passiflora edulis*. *J Liver Res, Disord Ther*. 4(2): 70-74.
7. Agudelo, C. D, Ceballos, N, Gómez-García, A, Maldonado-Celis, M. E. (2018). Andean Berry (*Vaccinium meridionale Swartz*) Juice improves plasma antioxidant capacity and IL-6 levels in healthy people with dietary risk factors for colorectal cancer. *J Berry Res* 8(4), 251-261.
8. Arango S, Ramírez V, Maldonado M.E, Uribe D, Aguillón J. (2017). Cytotoxic and Apoptotic Activities of the Aqueous Fruit Extract of *Passiflora edulis Sims var flavicarpa* in an in vitro model of human colon cancer. *J Chem Pharma Res*. 9(9):258-264.

EL HALLAZGO SECUNDARIO: LA NUEVA FRONTERA DE LA GENÓMICA CLÍNICA.

Adalberto Sánchez Gómez

Profesor Asociado, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia.

Resumen

La llegada de las técnicas de secuenciación de última generación impulsó la masificación de las pruebas genómicas, como herramientas de diagnóstico patológico rutinario. Es común observar hoy en día en muchos sistemas de salud mundial, incluyendo el colombiano, la incorporación del dato genómico para la confirmación de la sospecha clínica. Sin embargo, desde la perspectiva biomédica, se nota una subutilización de esta nueva tecnología, que permite la detección de cientos de miles de variantes a lo largo del genoma de un individuo, en la búsqueda de asociación entre una o pocas de esas variantes y el cuadro de signos y síntomas de un paciente que esta siendo el objeto del estudio. Quien ejerce el papel de consejero genético centra su mirada en esa asociación y pierde de vista la posible utilización de todas las variantes restantes en ayudar a entender otras manifestaciones clínicas del paciente y lo más importante, su valor prospectivo en ayudar a valorar el riesgo a patologías silentes y que pueden ser catastróficas para la vitalidad futura del individuo, lo que se conoce como el Hallazgo Secundario. Esta tendencia se esta corrigiendo en los últimos años, gracias a los resultados de estudios GWS y EWS con alta cobertura poblacional. Esto resultados nos están permitiendo consolidar mejores herramientas bioinformáticas predictivas para la construcción de redes de expresión asociativa con alto poder de significancia estadística. Sin embargo, hay una limitante de utilización de estos desarrollos en nuestros países, la mayor cantidad de estudios GWS y EWS se realizan con poblaciones de origen Caucásico, Africano y Oriental. Eso implica que poblaciones como las latinoamericanas, que son en su estructura.

THE NEUROGENOMIC COMPLEXITY OF DOWN SYNDROME: A NEW SCENARIO TO EXPLAIN ITS PATHOGENESIS BEYOND OF CHROMOSOME 21

Felipe Garcia Vallejo

Chair Professor, Department of Physiological Sciences, School of Basic Sciences, Faculty of Health Universidad del Valle.

Abstract

Down syndrome (DS) is the most prevalent human aneuploidy produced by the presence of an extra copy of HSA21. Brains of individuals with DS show a decreasing in volume and reduced neuronal density in diverse areas including the cortex, hippocampus and cerebellum, leading to delayed cognitive progress in infancy, childhood and also to mild-to-moderate intellectual disability. To better understand the neuropathogenesis of DS, my researcher group propose, the hypothesis that not only the dose dysbalancing by the extra copy of HAS2, but complex gene expression mechanisms out of HAS21, generate crucial effects on the genome homeostasis in several brain structures affecting not only the complex gene expression networks but the functionality of DS brain.

To validate our proposal, we performed a computational modeling analysis of human global gene expression from data obtained of experiments with DNA microarrays that include DS brain samples and their respective euploid controls. By using the transformed log₂ data, we analyzed the differential expression of several genes associated with neuroplasticity, cognition, and the glutamatergic system. Moreover, we measured the gene expression of all protein coding genes in HSA21 and the whole transcriptome of several region of brain from individuals with DS. In order to quantify over-expression of protein coding genes in brain of DS, we calculated the ratio of the dosage imbalance DS/Control ratio (R) for those genes located in the chromosome 21, while for all genes located outside of chromosome 21, we calculate the Z-ratio values.

Overall, our results lead us to postulate that triplication of chromosome 21 genes here studied in brain, would not be the main cause of DS neurophenotype, but instead a dysregulation of specific genes, even located in other chromosomes, promote a global failure of brain homeostasis, affecting regulatory mechanisms involved in transcriptional activation/inhibition of specific gene sets that could also play an important role on DS neurophenotype. Additionally, the analysis of gene expression per brain areas showed, that the hippocampus had different gene expression pattern when compared with the brain as a whole. In this regard, we showed that a complex set of genes and their complex networks of interaction, play a crucial role in the disturbance of global brain genomic homeostasis that contribute to develop the DS. Moreover, we validate that bioinformatics tools can be a useful tool to analyze data from experimental studies.

In general, our results put in evidence a new systems biology scenario to develop new prospective genomic therapies to partially overcome cognitive disability in DS patients. **Keywords:** Functional neurogenomics, Down syndrome, Gene expression, In silico Transcriptomics. Systems biology.

PONENCIAS BIOLOGÍA ANIMAL

REVISIÓN DE LA CISTATINA C COMO BIOMARCADOR GOLD ESTÁNDAR PARA EL DIAGNÓSTICO DE PROBLEMAS RENALES EN CANINOS

Cuadros Losada Astrid Lorena, Moscoso Gama Johanna Marcela, Rico Ruiz Dayana Katherine, Rodriguez Rodriguez Braian Julian.

Semillero Neonature programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico de Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Correo electrónico : bjulianrodriguez@unicolmayor.edu.co

Resumen

La Cistatina C tiene mejor diagnóstico y determinación de la TFG a diferencia de creatinina sérica. El objetivo de esta revisión es presentar la Cistatina C como biomarcador gold estándar para el diagnóstico de problemas renales en caninos. Seleccionando 50 artículos, donde la cistatina C es indicador de fase temprana.

Palabras clave: Cistatina C; Gold estándar; Caninos; Tasa de filtración glomerular.

Abstract

Cystatin C has a better diagnosis and determination of GFR than serum creatinine. The objective of this review is to present Cystatin C as a gold standard biomarker for the diagnosis of kidney problems in canines. Selecting 50 articles, where cystatin C is an early phase indicator.

Keywords: Cistatina C; Gold standard; Canines; Glomerular filtration rate.

Introducción

La ERC (enfermedad renal crónica) en caninos oscila entre el 0,5 y 7 % y tiene una tendencia a incrementar a 15% en caninos mayores de 10 años. En la ERA (enfermedad renal aguda) la implementación de marcadores urinarios puede generar importantes aportes para el diagnóstico puesto que permite determinar el deterioro más temprano y diferenciar entre el daño glomerular o tubular. El objetivo es identificar la importancia de la cistatina C como gold estándar para la determinación de problemas renales en caninos debido a su alta especificidad y evaluación a tiempo de poblaciones en riesgo.

Materiales y métodos

Para la recolección de la información utilizada en esta revisión, se emplearon diversas fuentes como: PubMed, Scielo, Journal of Small Animal Practice, National Center for Biotechnology Information, Journal of Veterinary Internal Medicine, Dialnet, Journal of the American Animal Hospital Association, Veterinary Clinical Pathology. Así mismo, se utilizaron palabras claves como insuficiencia renal, biomarcadores, Cistatina C, creatinina y se seleccionaron aquellos documentos que cumplieran con estos requisitos, teniendo en cuenta que su año de publicación fuera entre 2000 y 2020, de estas se

obtuvieron 50 publicaciones para la revisión ya que se utilizaron las palabras claves tales como:

Cistatina c: 24 revisiones; Gold estándar: 4 revisiones; Caninos: 7 revisiones y Tasa de filtración glomerular: 15 revisiones

Resultados y discusión

Se seleccionaron 50 artículos donde se evidencio que la varianza biológica de sCysC (Cistatina C) se investigó hace una década en perros sanos y la duración más larga de un estudio fue de (83 semanas) con respecto a otras que estaban aproximadamente en 24 semanas de análisis. Los resultados del 80 % de los estudios muestran que el seguimiento clínico basado en la patología y la intervención de tratamiento temprano resultante en perros asintomáticos con altas concentraciones de Cys-C (Cistatina C) en suero prolonga la vida de los animales. En estudios veterinarios, la concentración sérica de Cre (Creatinina) se considera un marcador de función renal estándar para perros, sin embargo, la concentración sérica de Cre no aumenta hasta que la TFG (Tasa de filtración glomerular) se reduce en un 75%. Además, los perros de razas pequeñas con enfermedad renal son menos susceptibles a la elevación de las concentraciones séricas de Cre, debido a la pequeña masa muscular. Así mismo, en distintas búsquedas, la concentración sérica de Cys-C es un marcador superior para la TFG que la concentración sérica de Cre. Actualmente, todavía no existe un método estandarizado para analizar sCysC y no se dispone de un ensayo específico para perros.

Conclusión

La cistatina C se ve mucho menos afectada que la creatinina por factores no renales como el sexo, la edad y neoplasia. La cistatina C puede ser superior, especialmente en las primeras etapas del daño renal. Los hallazgos indican que la cistatina C puede estimar la TFG en perros.

Financiación y agradecimientos

Agradecimiento al Semillero NEONATURE y a la 3. Rosas Arango S, Almonacid C. Utilidad de biomarcadores de Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca por todo el perfil renal para el diagnóstico de enfermedad renal en caninos. apoyo brindado para la realización de este proyecto.

Referencias

1. Almy F, King D, Brown S. Evaluation of Cystatin C as an Endogenous Marker of Glomerular Filtration Rate in Dogs [Internet]. Journal of Veterinary Internal Medicine. 2002 [cited 5 May 2020]; Disponible en: <https://sci-hub.tw/10.1111/j.1939-1676.2002.tb01605.x>
2. Rey J, Caparrós E. Revisión: Biomarcadores precoces de lesión renal aguda en Medicina Veterinaria. [Internet]. Rhv.cl. 2017 [cited 4 June 2020]. Available from: http://www.rhv.cl/index.php?option=com_docman&task=doc_download&gid=139&Itemid=

3. Rosas Arango S, Almonacid C. Utilidad de biomarcadores de perfil renal para el diagnóstico de enfermedad renal en caninos. Diario de campo [Internet]. 2015 [citado 5 mayo 2020];(8):47-49. Descargado de: http://www.unicolmayor.edu.co/portal/recursosuser/SelloEditorial/Novedades/AvancesInvestigativos_Tom011.pdf#page=43

TARDÍGRADOS DE PLANTACIONES DE CAFÉ DE LA SIERRA NEVADA DE SANTA MARTA: CULTIVOS IN VITRO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES

Anisbeth Daza, Rosana Londoño, Katrina Medina, Adriana Rodríguez, Sigmer Quiroga

Universidad del Magdalena. Correo electrónico: anisbeth.daza@gmail.com

Resumen

Las plantaciones de café de la Sierra Nevada de Santa Marta propician el establecimiento de microhábitats de tardígrados como briófitos y líquenes. La tardigradofauna en estos está representada por 12 géneros y 10 especies. Con la implementación de cultivos in vitro se logró la determinación taxonómica de algunas especies.

Palabras Clave: ositos de agua, Tardigrada, biodiversidad.

Abstract

The coffee plantations from the Sierra Nevada de Santa Marta favor the establishment of microhabitats of tardigrades such as bryophytes and lichens. The tardigradofauna in these is represented by 12 genera and 10 species. With the implementation of in vitro cultures, taxonomic determination of some species was achieved.

Keywords: water bears, Tardigrada, biodiversity.

Introducción

Los tardígrados u ositos de agua son micrometazoos pertenecientes al phylum Tardigrada, que agrupa a aproximadamente 1300 especies a nivel mundial. Habitan ambientes marinos, dulceacuícolas y terrestres; en este último viven en la película de agua sobre hojarasca, suelo y epífitas no vasculares como briófitos y líquenes [1]. La Sierra Nevada de Santa Marta (SNSM) es un complejo montañoso con alta biodiversidad y una región productora de café de alta calidad, cuyas plantaciones cafeteras proveen condiciones ambientales que favorecen el crecimiento de briófitos y líquenes, microhábitats de los tardígrados. Este trabajo presenta la tardigradofauna en cafetales de la SNSM.

Materiales y Métodos

Las muestras de material vegetal (briófitos y líquenes) fueron recolectadas en dos plantaciones de café de la SNSM en el departamento del Magdalena, ubicadas a 1200 (Altitud-1) y 1600 (Altitud-2) msnm. En el laboratorio, las muestras fueron rehidratadas y revisadas al estereoscopio para la extracción de individuos y huevos de tardígrados, que fueron fijados en portaobjetos con medio de montaje permanente PVA para su identificación taxonómica, que se realizó mediante el uso de un microscopio de

contraste de fase y claves taxonómicas especializadas, con base en caracteres morfológicos, métricos y merísticos, como garras, cutícula, aparato bucofaríngeo, apéndices sensoriales y patrón de ornamentación, forma y número de procesos en los huevos. Para la identificación a nivel de especie cuando fue necesario, se realizaron cultivos de tardígrados en cámara húmeda [2] en cajas Petri plásticas con agua mineral a oscuridad y fueron alimentados con microalgas."

Resultados y Discusión

Se han determinado taxonómicamente hasta género 2786 ejemplares de tardígrados pertenecientes a 12 géneros: Bryodelphax, Diphascon, Doryphoribius, Echiniscus, Hypsibius, Isohypsibius, Macrobiotus, Mesobiotus, Milnesium, Minibiotus, Paramacrobiotus y Pseudechiniscus. En la Altitud-1 se encontró mayor abundancia (990 ejemplares) y riqueza (12 géneros) de tardígrados con respecto a la Altitud-2 (352 y 9, respectivamente). La Altitud-1 presentó todos los géneros identificados en este estudio a diferencia de la Altitud-2 en donde estuvieron ausentes Bryodelphax, Isohypsibius y Mesobiotus. Minibiotus fue el género más abundante en ambas altitudes (483 ejemplares Altitud-1 y 185 Altitud-2), seguido de Doryphoribius (141 individuos) y Pseudechiniscus (135 individuos) para Altitud-1 y Echiniscus (67 individuos) y Macrobiotus (43 individuos) para Altitud-2. A un nivel taxonómico específico, se han logrado identificar 10 especies: Milnesium kogui, Milnesium katarzynae, Milnesium cf. barbadosense, Minibiotus cf. intermedius, Milnesium cf. reticulatum, Diphascon faialense, Minibiotus cf. bisoctus, Paramacrobiotus centesimus, Echiniscus manuelae y Pseudechiniscus cf. santomensis. Las primeras cuatro especies ya han sido registradas anteriormente para la zona [3]; las especies restantes son nuevos registros para el país. La identificación de algunas de estas especies se logró gracias a la obtención de huevos e individuos en diferentes estadios de desarrollo por medio de cultivos in vitro.

Conclusión

Las plantaciones de café de la SNSM son reservorios de biodiversidad tanto de epífitas no vasculares (briófitos y líquenes) como de grupos de invertebrados meiofaunales como los tardígrados. El desarrollo de cultivos in vitro es una herramienta indispensable para la identificación taxonómica de algunas especies dentro del phylum Tardigrada.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos al Grupo de Investigación en Manejo y Conservación de Fauna, Flora y Ecosistemas Estratégicos Neotropicales MIKU y al Grupo de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Acuicultura y a la convocatoria del Fondo Patrimonial para la Investigación Fonciencias 2018 de la Vicerrectoría de Investigación de la Universidad del Magdalena.

Referencias

Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020
Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

- [1] Miller W. (2011). Tardigrades. *Am. Sci.* 99:384-391.
- [2] Altiero T, Rebecchi L. (2001). Rearing Tardigrades: Results and Problems. *Zool. Anz.* 240: 217-221.
- [3] Londoño R, Daza A, Caicedo M, Quiroga S, Kaczmarek Ł. (2015). The genus *Milnesium* (Eutardigrada: Milnesiidae) in the Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia), with the description of *Milnesium kogui* sp. nov. *Zootaxa*, 3955(4):561-568.

RELACIÓN DE ANUROS *Pristimantis* Y CULTIVOS DE COCA EN NORTE DE SANTANDER Y NARIÑO, COLOMBIA

María José Pinzón Parra^{1*}, Angélica Arenas Rodríguez², Jhon Briter Ramírez Herrera³

¹Pontificia Universidad Javeriana, Facultad de ciencias, Estudiante carrera de biología. Correo electrónico: ma-pinzon@javeriana.edu.co

²Pontificia Universidad Javeriana, Facultad de Ciencias, Unidad de Ecología y Sistemática (UNESIS), Departamento de biología.

³Policía Nacional de Colombia.

Resumen

Los cultivos ilícitos de coca representan una gran amenaza para la biodiversidad del país puesto que generan múltiples cambios sobre la vegetación, el suelo y el agua, afectando de manera directa o indirecta a los anuros que cumplen su ciclo de vida tanto en hábitats acuáticos como terrestres.

Palabras clave: Biodiversidad, cultivos ilícitos, anfibios, Colombia.

Abstract

Illicit coca crops represent a great threat to the country's biodiversity since they generate multiple changes on vegetation, soil and water, directly or indirectly affecting the anurans that fulfill their life cycle in both aquatic and terrestrial habitats.

Keywords: Biodiversity, illicit crops, amphibians, Colombia.

Introducción

Los anfibios ofrecen servicios ecosistémicos como el control de plagas, la polinización y dispersión de semillas, el movimiento de nutrientes y la obtención de recursos medicinales [1]. Son bioindicadores de la calidad de los ecosistemas por la sensibilidad a los cambios en su entorno, siendo su principal amenaza la transformación y disminución del hábitat [2]. Las rentas criminales asociadas al narcotráfico, como los cultivos ilícitos afectan el hábitat ocupado los anuros, generando desplazamiento y pérdida de especies. Entender cómo los cultivos ilícitos afectan la diversidad de anfibios ayuda a establecer prioridades para la conservación de los ecosistemas.

Materiales y métodos

Se recopiló el listado de especies endémicas de anuros pertenecientes al género *Pristimantis*, para los departamentos de Nariño y Norte de Santander, Colombia, a partir de la base de datos *Amphibian Species of the World*. Se obtuvo información sobre aspectos de conservación, geográficos y biológicos, y distribuciones georreferenciadas desde las bases de datos de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza, Facilidad Global de Información sobre Biodiversidad y Batrachia. A partir de informes de la Oficina de las Naciones Unidas contra la Droga y el Delito, se obtuvo las áreas donde hay mayor afectación por cultivos ilícitos de coca. Se generaron mapas

de convergencia entre las especies endémicas y los cultivos ilícitos en el programa QGIS (V. 3.14). Se realizaron análisis de las áreas de intersección entre las áreas de presencia de los anfibios y de las actividades ilícitas basado en la teoría de conjuntos.

Resultados

Se encontraron 17 especies del género *Pristimantis* endémicas (diez para Nariño y siete para Norte de Santander), de las cuales dos han sido descubiertas recientemente y 13 se encuentran en alguna categoría de riesgo dentro de la UICN. De las especies encontradas tres, presentan áreas de distribución que se superponen con zonas de cultivos de coca, lo que implica una pérdida de su hábitat. Ocho especies (cinco en Nariño y tres en Norte de Santander) se ven afectadas por la contaminación de cuerpos de agua por el vertimiento de sustancias químicas, de las cuales cuatro ocupan hábitats acuáticos como terrestres por lo que se alterando la viabilidad de la puesta y eclosión de huevos. Se debe tener en cuenta que esta no es la única amenaza a la que se enfrentan estas especies, además que estos departamentos históricamente han sido afectados por el conflicto armado, lo que ha generado otro tipo de presiones sobre los ecosistemas y un gran desconocimiento sobre la biodiversidad de este y otros grupos en estas áreas de gran importancia biológica.

Conclusión

Las especies endémicas de anuros *Pristimantis* en el departamento de Nariño se ven más amenazadas por los cultivos de coca que en el departamento de Norte de Santander, con la mitad de las especies afectadas. Sin embargo, estos cultivos representan un riesgo considerable para la biodiversidad del país.

Referencias

- [1] Valencia-Aguilar, A., Cortés-Gómez, A. M., & Ruiz-Agudelo, C. A. (2012) Servicios ecosistémicos brindados por los anfibios y reptiles del neotrópico: Una visión general. Reflexiones sobre el capital natural de Colombia no. 2. 2, 26. Disponible en: <http://www.conservation.org.co/media/refledos.pdf>
- [2] Acosta-Galvis, A. R. (2015) Los anfibios en Colombia. Instituto de investigación de recursos biológicos Alexander Von Humboldt <http://reporte.humboldt.org.co/biodiversidad/2015/cap1/105.html#seccion1>

DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES MIGRATORIAS EN COLOMBIA RECOPIADA DESDE BASES DE DATOS BIBLIOGRÁFICAS Y DE BIODIVERSIDAD

Angélica Arenas Rodríguez¹, Germán Jiménez¹, Hernán Eduardo Morales Devia², Julio Mario Hoyos¹

¹Pontificia Universidad Javeriana, Facultad de Ciencias, Unidad de Ecología y Sistemática (UNESIS), Departamento de Biología. Correo electrónico: angelica.arenas@javeriana.edu.co

²Pontificia Universidad Javeriana. Servicios especializados de la Biblioteca Alfonso Borrero Cabal S.J.

Resumen

La información georeferenciada y bibliométrica sobre la biodiversidad de especies migratorias presentes en Colombia, desde bases de datos bibliográficas y de biodiversidad, pueden ser visualizadas con mapas de distribución y amplían el conocimiento para realizar planes de manejo, conservación y proyectos de investigación.

Palabras Clave: Biogeografía, endemismo, análisis bibliométrico.

Abstract

The georeferenced and bibliometric information on the biodiversity of migratory species of Colombia, from bibliographic and biodiversity databases, can be visualized with distribution maps and expand knowledge to carry out management, conservation and research projects

Keywords: Biogeography, endemism, bibliometric analysis.

Introducción

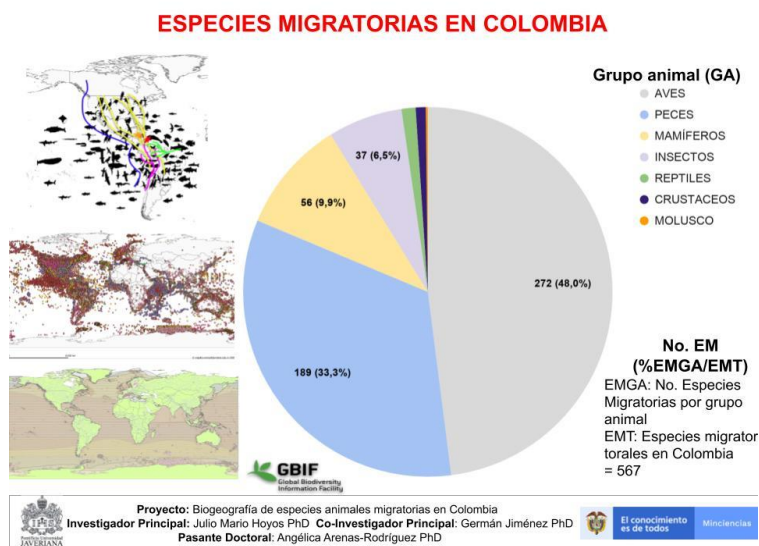
La migración implica el movimiento de ida y vuelta de grupos de individuos o de poblaciones [1]. Los rangos de distribución de las especies migratorias (EM) se establecen por alimentación y reproducción [2]. La recopilación de la información biológica y geográfica, con el uso de herramientas bibliométricas y de sistemas de información geográfica, ayudan a comprender los trayectos y las causas de las rutas de migración de grupos de animales (aves, reptiles, mamíferos, peces, reptiles, artrópodos).

Materiales y Métodos

Se recopiló información sobre las EM que transitan por Colombia, sobre aspectos biológicos (tipo de migración, razón migratoria, subespecies) y sitios geográficos (datos geográficos de presencia), desde las bases de datos Scopus, Scielo, IUCN y GBIF. Se empleó una fórmula bibliométrica y cadenas de consultas para capturar el mayor número de artículos en Scopus y Scielo, que incluyeran palabras asociadas con la migración (nombre científico de las EM en Colombia, migración, distribución y orientación migratoria). La información geográfica fue recolectada de la biblioteca en R y del complemento en QGIS (V.3.10) de la base de datos de biodiversidad global GBIF. La información biológica se agrupó en una tabla que incluyó el tipo de migración, las coordenadas geográficas y fecha. Se generaron mapas de la distribución a nivel de América y de Colombia de las EM, luego se extrajeron los datos de la presencia y distribución para Colombia.

Resultados y Discusión

Se revisaron 4378 resúmenes asociados a literatura con EM en Colombia. El número total de EM encontradas fue de 567 especies migratorias, entre las cuales están 272 especies de Aves, 189 de peces, 56 de mamíferos, 37 de insectos, siete de reptiles, cinco de crustáceos y una especie de molusco. Se encontró que las fechas con el mayor número de presencias de EM en Colombia son correspondientes cuando se presenta la época del invierno austral y boreal. De manera general, podemos decir que: las aves llegan en Colombia, principalmente a en las laderas de las cordilleras colombianas, litoral caribe, llanos orientales y selva amazónica; las principales rutas migratorias de los peces se dan en los océanos y en las en las cuencas del Río Cauca, Magdalena y Amazonas; los mamíferos y las tortugas marinos se desplazan en el océano Pacífico y Atlántico y los murciélagos prefieren las cordilleras. De cada EM se obtuvo los mapas de ocupación en áreas de distribución a nivel global y las rutas migratorias en Colombia según el grupo animal. Se encontró información biológica de las EM y un total de 1097 subespecies asociadas a las EM.



Conclusión

La biodiversidad faunística colombiana se enriquece con la visita de diferentes EM, que ocupan las mismas áreas, información que puede ser obtenida desde las bases de datos bibliográficas y de biodiversidad. Las especies migratorias y las áreas que transitan y ocupan deberían ser de prioridad en protección y conservación.

Financiación y Agradecimientos

Estancia Postdoctoral Convocatoria 811-2018 en convenio de la Pontificia Universidad Javeriana y Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación (COLCIENCIAS).

Referencias

- [1] Dingle H, Drake A. (2007). What is migration? *BioScience* 57: 113-121.
- [2] Dingle H. (1996) *Migration: the biology of life on the move*. Oxford University Press, New York, New York, USA.

ENTENDIENDO LA INFESTACIÓN DEL PARÁSITO *Carcinonemertes conanobrieni* (NEMERTEA, CARCINONEMERTIDAE) EN COLOMBIA

Amanda Berben, Jaime Gonzalez-Cueto, Sigmer Quiroga

Universidad del Magdalena. Correo electrónico: amyberbenhenriquez23@gmail.com

Resumen

Se presentan datos sobre la infestación de *Carcinonemertes conanobrieni* en 90 langostas *Panulirus argus* del Golfo de Salamanca, Magdalena. 79 (88%) langostas resultaron infestadas por el parásito, con una intensidad media de 11.68, sugiriendo que las langostas del departamento se encuentran altamente infestadas por este nemertino.

Palabras Clave: Nemertinos parásitos, langosta, prevalencia.

Abstract

Data on the infestation of *Carcinonemertes conanobrieni* in 90 *Panulirus argus* lobsters from the Gulf of Salamanca, Magdalena, are presented 79 (88%) lobsters were infested by the parasite, with an average intensity of 11.68, suggesting that department lobsters are highly infested by this nemertine.

Keywords: Nemertean parasites, lobster, prevalence.

Introducción

Algunos géneros del filum Nemertea como *Ovicides*, *Malacobdella* y *Carcinonemertes*, son parásitos de moluscos y crustáceos de interés comercial. *Carcinonemertes* ha sido registrado en asociación con aproximadamente 76 especies de crustáceos, en estos pueden ocasionar fallas en su reproducción ya que devoran sus embriones. Recientemente, un miembro de *Carcinonemertes* fue descrito como parásito de *Panulirus argus* en los cayos de la Florida, afectando su rendimiento reproductivo (Baeza et al. 2016). El objetivo de este trabajo es dar a conocer la infestación de *C. conanobrieni* en poblaciones de *P. argus* del departamento del Magdalena y registrar algunos parámetros de su infestación.

Materiales y Métodos

La información fue obtenida a partir de 90 langostas suministradas por los pescadores artesanales en el Golfo de Salamanca (10.9633°N; 074.9636°W). Las langostas fueron transportadas en cavas plásticas hasta el laboratorio del Grupo de Investigación MIKU

de la Universidad del Magdalena. De cada uno de los ocho pleópodos de las langostas se aislaron submuestras equivalente a 1000 embriones y se colocaron en cajas Petri con agua de mar microfiltrada, para posteriormente inspeccionarlos bajo estereoscopio y detectar la presencia de *C. conanobrieni* en cualquiera de sus fases: adultos libres en las masas de huevo o envainados, quistes, sacos de huevo y larvas (Simpson et al. 2017). En cada una de las submuestras, se registró el número de nemertinos hallados con el fin de estimar la prevalencia (n° de langostas infestadas por el gusano sobre el n° total de langostas examinadas) e intensidad media (n° promedio de gusanos por langostas infestadas).

Resultados y Discusión

De las 90 langostas examinadas, 79 (88%) resultaron infestadas por *C. conanobrieni*, con una intensidad media de 11.68 (5.30 para adultos -envainados y libres-, 1.62 para juveniles -quistes- y 4.76 para sacos de huevos); un total de 25 langostas estuvieron altamente parasitadas (≥ 10 nemertinos adultos). Los gusanos adultos presentaron tonos que variaron de crema a anaranjados, formas filiformes, extremos anterior y posterior ligeramente puntiagudos, dos manchas oculares simples ubicadas cerca del cerebro y un estilete liso corto sin estructuras accesorias; estas características coinciden con las reportadas por Simpson et al. (2017) en la descripción original de la especie. Recientemente, se registró la presencia del parásito *C. conanobrieni* en un espécimen de *P. argus* en el Caribe colombiano (Gonzalez-Cueto & Quiroga, 2018), este trabajo amplió el conocimiento sobre la distribución de la especie más allá de los Cayos de la Florida donde fue observada por primera vez. Los resultados de este trabajo confirman la distribución de este parásito (desde la Florida hasta el mar Caribe), lo que sugiere que podría estar presente en toda el área de distribución de su especie anfitrión.

Conclusión

Las langostas *P. argus* del golfo de Salamanca se encuentran altamente infestadas por el nemertino parásito *C. conanobrieni*. La mayor intensidad media se observó en las formas adultas. La información generada en este trabajo amplía el conocimiento sobre el estado de infestación y distribución del nemertino.

Financiación y Agradecimientos

Se agradece de manera especial a los pescadores artesanales del golfo de Salamanca, quienes de manera desinteresada ayudaron en la obtención de las langostas analizadas. Este trabajo fue financiado por la Universidad del Magdalena a través de la Convocatoria Para la Financiación de Proyectos de Investigación, Desarrollo Experimental, Innovación y Creación Artística y Cultural -Fonciencias 2017.

Referencias

Baeza JA, Simpson L, Ambrosio LJ, Mora N, Gueron R, Childress MJ. (2016). Active parental care, reproductive performance, and a novel egg predator affecting

reproductive investment in the Caribbean spiny lobster *Panulirus argus*. *BMC Zoology*. 1(6): 1-15.

Gonzalez-Cueto JA, Quiroga S. (2018). First record of *Carcinonemertes conanobrieni* Simpson, Ambrosio & Baeza, 2017 (Nemertea, Carcinonemertidae), an egg predator of the Caribbean spiny lobster *Panulirus argus* (Latreille, 1804), on the Caribbean Coast of Colombia. *Check List*. 14(2): 425-429.

Simpson LA, Ambrosio LJ, Baeza JA. (2017). A new species of *Carcinonemertes*, *Carcinonemertes conanobrieni* sp. nov. (Nemertea: Carcinonemertidae), an egg predator of the Caribbean spiny lobster, *Panulirus argus*. *PloS one*. 12(5): 1-20.

METABARCODING PARA EL ESTUDIO DE MEIOFAUNA EN PLAYAS DE SANTA MARTA

Lyda Castro¹, Rachel Meyer², Beth Shapiro², Sabrina Shirazi², Samuel Cutler²

¹Universidad del Magdalena. Correo electrónico: lcastro@unimagdalena.edu.co

²UCSC

Resumen

En este trabajo usamos metabarcoding de los genes 18S y COI para evaluar la meiofauna en cuatro playas de Santa Marta. Se comparan los resultados con trabajos morfológicos previos y se evidencia que la técnica es una herramienta eficaz para monitorear la diversidad de meiofauna en el área.

Palabras Clave: Secuenciación Illumina, ADN ambiental, metataxonómica.

Abstract

Here we used metabarcoding of 18S and COI genes to unravel meiofauna composition in four beaches of Santa Marta. Comparison of our metabarcoding results with previously published morphological meiofauna surveys supports that this technique can be an effective tool for monitoring meiofauna in the area.

Keywords: Illumina sequencing, Environmental DNA, metataxonomics.

Introducción

A pesar del arduo trabajo que hacen los investigadores para caracterizar el meioambiente marino utilizando taxonomía tradicional, las principales desventajas incluyen la gran demanda de tiempo y la falta de especialistas. Desde esta perspectiva, los avances en metodologías moleculares y de secuenciación ofrecen una solución complementaria para la determinación de especies meiofaunales. Poco se sabe sobre la estructura y la dinámica de las comunidades de meiofauna en Colombia, con pocos estudios disponibles para el Caribe colombiano. En este estudio utilizamos técnicas de ADN ambiental y metabarcoding para estimar la biodiversidad meiofaunal en cuatro playas de la ciudad de Santa Marta.

Materiales y Métodos

Se recolectaron muestras en cuatro playas diferentes (Santa Marta, Rodadero, Sisiguaca y Monoguaca) en julio y agosto 2019. Las extracciones se realizaron con el kit de Qiagen DNeasy Powermax. Para la amplificación, utilizamos los cebadores mlCOIintF (Leray et al., 2013) y LoboR1 (Lobo et al., 2013) para amplificar aproximadamente 313 pb del gen COI y los cebadores SSU_F04 y SSU_R22 para amplificar aproximadamente 360 pb de la región V1 -V2 del gen 18S. (Fonseca et al., 2010). La preparación de librerías y

secuenciación se realizó en las instalaciones de Centro de Genómica de la UC California Santa Cruz, con un instrumento Illumina NextSeq. Los datos se analizaron utilizando el kit de metabarcoding Anacapa (<https://github.com/limey-bean/Anacapa>) y el programa R Studio.

Resultados y Discusión

Los cebadores de 18S en general recuperaron más grupos meiofaunales que los de COI. Los valores de diversidad mostraron diferencias significativas entre los protocolos utilizados (Kruskal-Wallis, $p = 0.0008$) y entre los sitios de muestreo (Kruskal-Wallis, $p = 0.0339$). Dos de las playas incluidas en este estudio son playas muy turísticas (Rodadero y Santa Marta), Monoguaca es menos turística y Sisiguaca recibe muy pocos visitantes. Nuestros resultados se correlacionan con otros que sugieren que la meiofauna se ve afectada por el turismo. Identificamos 61 taxones COI y 91 taxones 18S a nivel de especie, con 48 géneros de meiofauna y 34 especies de meiofauna recuperados en total (tanto COI como 18S) en el área. En nuestro intento de comparar nuestros resultados de metabarcoding con resultados morfológicos previos sobre la diversidad de anélidos intersticiales en las costas caribeñas de Colombia, encontramos una alta congruencia con los cebadores 18S, ya que se recuperan todas las familias y la mayoría de los géneros. Adicionalmente nuestros resultados sugieren que la técnica puede ser útil para la detección de especies nuevas o no reportadas.

Conclusión

Este es el primer estudio que intenta utilizar técnicas de metabarcoding para caracterizar la meiofauna marina en el área. Nuestros resultados destacan la importancia de continuar con la caracterización morfológica y molecular de los grupos meiofaunales en el área.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por FONCIENCIAS, el fondo de investigación de la Universidad del Magdalena y se hizo posible gracias a una beca de investigación Fulbright otorgada a Lyda Castro.

Referencias

Fonseca, V.G., Carvalho, G.R., Sung, W., Johnson, H.F., Power, D.M., Neill, S.P., Packer, M., Blaxter, M.L., Lamshead, P.J.D., Thomas, W.K., Creer, S., 2010. Second-generation environmental sequencing unmasks marine metazoan biodiversity. *Nat. Commun.* 1, 98. doi:10.1038/ncomms1095.

Leray, M., Yang, J.Y., Meyer, C.P., Mills, S.C., Agudelo, N., Ranwez, V., Boehm, J.T., Machida, R.J., 2013. A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: application for characterizing coral reef fish gut contents. *Front. Zool.* 10, 34. doi:10.1186/1742-9994-10-34.

Lobo, J., Costa, P.M., Teixeira, M.A.L., Ferreira, M.S.G., Costa, M.H., Costa, F.O., 2013. Enhanced primers for amplification of DNA barcodes from a broad range of marine metazoans. BMC Ecol. 13, 34. doi:10.1186/1472-6785-13-34

UNA NUEVA ESPECIE DE *HYPHESSOBRYCON* (PISCES: CHARACIFORMES: CHARACIDAE) DEL PARQUE NATURAL NACIONAL SERRANIA DEL CHIRIBIQUETE

Carlos A. García-Alzate¹, Flavio Lima², Donald Taphorn³, Jose Ivan Mujica⁴, Alexander Urbano-Bonilla⁵, Tulio Franco Teixeira⁶

¹Grupo de investigación Sistemática y Conservación, Corporación Universitaria Autónoma del Cauca-Universidad del Atlántico. caturrog@gmail.com

²Universidade Estadual de Campinas “Ad~ao José Cardoso”

³Royal Ontario Museum

⁴Universidad Nacional sede Bogota

⁵Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá

⁶Museu de Ciências Naturais da PUC Minas, Av. Dom José Gaspar

Resumen

Hyphessobrycon chiribiquete n. sp. es diagnosticado por la siguiente combinación de caracteres: una franja lateral media estrecha; banda lateral superpuesta anteriormente con una mancha humeral alargado verticalmente; dientes internos premaxilares pentacuspides; margen de la aleta anal oscuro en machos maduros.

Palabras Claves: *Hyphessobrycon agulha*, diversidad neotropical diversity, Río Caquetá, Río Ucayali.

Abstract

Hyphessobrycon chiribiquete n. sp. is diagnosed fby having the following combination of characters: conspicuous narrow midlateral stripe; lateral stripe overlapped anteriorly with a vertically elongated humeral blotch; inner premaxillary teeth pentacuspide; margin of anal fin falcate in mature males.

Keywords: *Hyphessobrycon agulha*, neotropical diversity, Río Caquetá drainage, Río Ucayali drainage.

Introducción

Hyphessobrycon es uno de los géneros más ricos en especies de Characidae, con 159 especies válidas distribuidos desde el sur de México al Río de La Plata en Argentina. El género fue descrito por Durbin (en Eigenmann, 1908) como un *Hemigrammus* con aleta caudal desnuda. Más caracteres diagnósticos fueron presentados por Eigenmann (1917: 50-51) en la revisión más completa sobre el género hasta ahora. Hoy en día es consenso que *Hyphessobrycon*, al igual que varios otros géneros ricos en especies

dentro Characidae (Astyanax, Hasemanina, Hemigrammus, Moenkhausia) es polifilético, como corroboran los análisis filogenéticos basados en datos tanto moleculares como morfológicos.

Materiales y Métodos

Los peces muestreados fueron anestesiados antes de ser fijados al ser recolectados durante las expediciones para la nominación de la Serranía de Chiribiquete Parque Nacional como sitio del patrimonio mundial de la UNESCO. 21 Datos morfométricos y 10 merísticos fueron tomados. Un asterisco indica recuentos del holotipo. Los datos morfométricos se expresaron como % de longitud estandar (LE). Recuentos de supraneurales, vértebras, radios procurrentes de la aleta caudal, radios de la aleta anal no ramificados, dientes de mandíbulas y cúspides de los dientes se tomaron de ejemplares clareados y teñidos (C&S). Las acrónimas institucionales siguen a Sabaj (2019).

Resultados y Discusión

Hyphessobrycon chiribiquete se diferencia por presentar una franja lateral media oscura estrecha y bien definida en el cuerpo que se extiende en los radios de la aleta caudal media. *H. chiribiquete* se diferencia de todas las especies antes mencionadas, a excepción de *H. cachimbensis*, *H. cyanotaenia*, *H. melanostichos* y *H. nigrinctus*, al tener un humeral mancha que se superpone a la porción anterior de la franja mediolateral (vs. mancha humeral ausente). Se distingue de *H. cyanotaenia*, *H. nigrinctus*, *H. melanostichos* y *H. petricolus* por una banda mediolateral que claramente decrece y se diluye hacia el pedúnculo caudal, cubriendo una o menos de una escama a lo largo de la mayor parte de su longitud, y de *H. cachimbensis* por tener dientes de la fila interna del premaxilar menos cúspides (hasta cinco vs. siete o más). *H. chiribiquete* se distingue además de *H. cyanotaenia* y *H. melanostichos* por la franja oscura mediolateral que comienza en los lados del cuerpo, posterior al opérculo. *H. chiribiquete* también se puede distinguir de *H. petricolus* Franja lateral media superpuesta a la mancha humeral a excepción de la porción ventral (frente a la franja lateral media superpuesta mancha humeral excepto porciones dorsal y ventral).

Conclusión

Se describe una nueva especie del Género *Hyphessobrycon* para Colombia, *Hyphessobrycon chiribiquete*.

Financiación y Agradecimientos

We express our gratitude to Julia Miranda, Director of National Natural Parks of Colombia, Ministry of Culture and Colciencias and Colombia Bio Program for the funding of the field trips developed within the framework of the project for the declaration of the PNNSC as biological and historical heritage of humanity (UNESCO),

Carlos Castaño (Fundación Herencia Ambiental Caribe) and Gonzalo Andrade (Universidad Nacional de Colombia) managers and coordinators of the expeditions.

Referencias

Eigenmann, C. (1908). Zoological results of the Thayer Brazilian expedition. Preliminary descriptions of new genera and species of Tetragonopterid characins. Bulletin of the Museum of Comparative Zoology, 52, 93–106.

Eigenmann, C. H. (1917). The American Characidae. Memoirs of the Museum of Comparative Zoology, 43, 1–102, 16 pls.

Sabaj, M. H. (2019) Standard symbolic codes for institutional resource collections in herpetology and ichthyology: an online reference. Version 7.1 (March 21, 2019). Electronically accessible at <http://www.asih.org>, American Society of Ichthyologists and Herpetologists, Washington, D.C.

**SIGHTING OF WILD BIRDS IN URBAN AREAS OF THE DEPARTMENT OF SUCRE,
COLOMBIA**
**AVISTAMIENTO DE AVES SILVESTRES EN ZONAS URBANAS DEL DEPARTAMENTO
DE SUCRE, COLOMBIA**

Gómez E¹, Sampedro, A¹, Corrales H¹, Vergara M¹, Fernández J¹, Domínguez A¹.

¹Grupo de Investigación en Biodiversidad Tropical, Universidad de Sucre
Correspondencia: alcides.sampedro@unisucra.edu.co

Abstract

In this work, a list of the ornithofauna present in various localities of the department of Sucre was made. We take note on the nesting sites. We sighted 84 species belonging to 15 orders and 32 families. The most diverse and abundant order was Passeriformes.

KeyWords: conservation, nests, ornithofauna

Resumen

En este trabajo se presenta un listado de la ornitofauna en diversas localidades del departamento de Sucre. Se tomó nota de los sitios de anidación. Fueron avistadas 84 especies pertenecientes a 15 órdenes y 32 familias. El orden más diverso y abundante fue Passeriformes.

Palabras claves: conservación, nidos, ornitofauna

Introducción

La presencia de aves en las ciudades pudiera ser un indicador de su calidad ambiental, como lo es en los ecosistemas naturales (1). Para apoyar su conservación en zonas urbanas se requiere conocer quiénes son las que están presentes y qué uso dan a los recursos que allí encuentran. Eso permitirá influir en la disponibilidad de tales recursos. En este trabajo se pretende brindar información acerca de las aves presentes en varias localidades urbanas del departamento de Sucre y aportar información sobre su anidación en plantas y edificaciones.

Materiales y métodos

Las observaciones se hicieron en zonas urbanas de cinco localidades del departamento de Sucre: Sincelejo, Corozal, Morroa, Colosó y Chochó. Se realizaron 19 muestreos utilizando el método de búsquedas activas (2). Para localizar los nidos se revisaban los árboles, arbustos y edificaciones, donde se observaba un comportamiento de transporte de material, vocalizaciones o percha, entre otros. También se anotaba la presencia de fuentes de agua, la especie de árbol o arbusto, así como su altura y la altura del nido, mediante un telémetro láser Nikon Forestry Pro. La evidencia fotográfica se obtuvo con una cámara Canon Powershot SX30 IS (14.1 Megapixels, Zoom Lens 35X 4.3–150.5mm).

Resultados y discusión

Se registraron un total de 84 especies de aves silvestres en las áreas urbanas muestreadas, distribuidas en 15 órdenes y 32 familias. El orden mejor representado fue Passeriformes con 12 familias, de las cuales Tyrannidae presentó el mayor número de especies con 11, seguida de Icteridae y Thraupidae con seis especies cada una. Fueron localizados 80 nidos construidos por 22 especies de aves. Las especies con mayor número de nidos fueron *Campylorhynchus griseus*, *Pitangus sulphuratus* y *Eupsittula pertinax* con 20 (25%), 10 (12,5%) y 7 (8,7%), respectivamente. La mayor parte de los nidos fueron hechos en árboles (70%) y en menor proporción en arbustos, el suelo y edificaciones. La riqueza de especies hallada constituye 31% de la reportada para la región Caribe (3), lo que parece ser una proporción relativamente alta, si se considera que las zonas urbanas son totalmente diferentes a las naturales y rurales en cuanto a las posibilidades de hábitat que brindan a las aves. Esto hace pensar que, si se incrementaran tales posibilidades en áreas urbanas, estas podrían albergar mayor número de especies y constituir sitios adecuados para conservarlas.

Conclusión

Para aumentar la diversidad de aves y conservarla en zonas urbanas, se debe reforestar con especies nativas, tanto árboles como arbustos de especies, resistentes a las condiciones climáticas de cada localidad. La ubicación de fuentes de agua en parques y otros sitios es esencial para garantizar su calidad de vida.

Referencias

- (1) Álvarez, A., M. Barreto, C. Flores & S. Núñez. (2012). Diversidad ornitológica en el predio de la facultad de ciencias exactas y naturales, San Lorenzo, Paraguay. VII Congreso de Medio Ambiente /AUGM.
- (2) Ralph, C., G. Geupel, P. Pyle, T. Martin, D. De Sante & B. Milá. (1996). Manual de métodos de campo para el monitoreo de aves terrestres. Albany, California, Estados Unidos: Gen. Tech. Rep. PSW-GTR 159.
- (3) Ayerbe-Q, F. (2018). Guía ilustrada de la avifauna colombiana. Wildlife Conservation Society. Bogota, Colombia. Edc, 1. Pp 212.

ASPECTOS DE LA ECOLOGÍA REPRODUCTIVA DE *Plagioscion magdalenae* (TELEOSTEI: SCIAENIDAE) EN EL EMBALSE EL GUÁJARO, BAJO MAGDALENA, COLOMBIA

René Rojas Luna¹, Carlos García Alzate²

¹Universidad del Atlántico. Correo electrónico: reneandres132806@gmail.com

²Corporación Universitaria Autónoma del Cauca

Resumen

En el presente trabajo se evalúan los aspectos de la reproducción de *Plagioscion magdalenae* en el embalse del Guájaro (Atlántico, Colombia). Se determinó como una especie asincrónica, de baja fecundidad y que está bajo una fuerte presión pesquera porque se capturan individuos por debajo de la talla media de captura. **Palabras Clave:** pez tropical, teleósteos, reproducción, pez nativo, fecundidad.

Abstract

The present work evaluates the reproduction aspects of *Plagioscion magdalenae* in the Guájaro reservoir (Atlantic, Colombia). It was determined as an asynchronous species, with low fecundity and under strong fishing pressure because individuals below the average catch size are captured.

Keywords: tropical fish, teleost, reproduction, native fish, fertility.

Introducción

La pacora (*P. magdalenae*) es una especie nativa de Colombia y en categoría de casi amenazada, es el recurso íctico más importante del embalse y sus pobladores ribereños, fundamental para las pesquerías de subsistencia de la región lo que ha conllevado a su sobreexplotación. Actualmente, esta especie no cuenta con un estudio poblacional con el cual conocer su estado ni la capacidad de carga del recurso. Conocer la biología reproductiva de los peces es importante para establecer estrategias para la conservación de sus poblaciones, brindando información veraz para promover el aprovechamiento sostenible y el uso adecuado del recurso pesquero.

Materiales y Métodos

El trabajo se llevó a cabo en el embalse El Guájaro, departamento del Atlántico, costa Caribe colombiana. Se realizaron diez muestreos de recolecta mensuales, entre abril 2018 y enero 2019 con el fin de abarcar cada momento del pulso de inundación del sistema. La obtención de los peces se realizó con ayuda de los pescadores y pesquerías. Se estableció la relación morfométrica, entre la longitud total y el peso total. Se calculó proporción sexual, la relación gonadosomática, factor de condición K, fecundidad, diámetro de ovocitos y talla mínima y media de madurez sexual.

Resultados y Discusión

207 ejemplares fueron analizados y 7 intervalos de tallas establecidos (entre los 144 y 365mm LE). 126 fueron machos y 81 hembras con una proporción sexual global 1:1.6 (hembra-macho) sin diferencias estadísticamente significativas, que es lo que se esperaría en poblaciones naturales. Se observó una alometría positiva ($b > 3$), atribuyéndose a una alta disponibilidad de alimento en el sistema. La relación gonadosomática indicó que este pez tiene varios picos reproductivos, siendo los principales en julio y septiembre, lo que se corrobora con individuos con diferente grado de desarrollo gonadal en todos los meses de muestreo, también descrito en especies congéneres. El factor de condición K estuvo acorde al RGS, teniendo momentos de preparación para la reproducción y eventos reproductivos. La fecundidad fue 1909 ovocitos para aguas bajando, 1590 aguas bajas, 2435 aguas subiendo y 2132 para aguas altas; con un diámetro promedio de 0.29mm. Presenta una baja fecundidad comparada con sus congéneres, pero puede deberse a la captura de individuos pequeños lejos del tamaño óptimo para la pesca. Los machos alcanzan la talla media de madurez sexual a 245, y las hembras a los 270mm LE. Ésta comparada con la talla media de captura (30cm), se corrobora que está bien estipulada.

Conclusión

La población tiende a un equilibrio en la proporción sexual. *P. magdalanae* presentó un crecimiento alométrico positivo, es una especie asincrónica, de baja fecundidad, con diámetro de ovocito pequeño y está bajo una fuerte presión pesquera ya que se capturan individuos por debajo de la talla media de captura.

Financiación y Agradecimientos

El estudio fue financiado en marco de las convocatorias para la realización de proyectos de investigación de la Universidad del Atlántico, a la cual le agradecemos. También a los compañeros del semillero de Ictiología Continental (ICTIOCON), adscritos al grupo de investigación Biodiversidad del Caribe Colombiano, del programa de Biología perteneciente a la misma institución.

Referencias

Bayuelo-Espitia, V. & Sanz-Ochotorena, A. (2003). Morfología externa y ciclo ovárico del pez Pacora (*Plagioscion magdalanae*) en el Embalse del Guájaro, Colombia. *Revista Biología*. Vol. 17. No. 1.

Carvalho, I. F., Cantanhede, L. G., Santos, N. B., Carvalho-Neta, R. N. F. & Almeida, Z. (2017). Biología reproductiva de *Plagioscion squamosissimus* (Pisces, Sciaenidae) em uma área de protecao ambiental do nordeste do Brasil. *B. Inst. Pesca, Sao Paulo*, 43(2): 243 – 256.

Santos, N. B., da Rocha, R. M., & Fredóu, F. L. (2010). Reproductive biology of *Plagioscion magdalanae* (Teleostei: Sciaenidae) (Steindachner, 1878) in the bay of Marajo, Amazon Estuary, Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 8(2), 333–340. <https://doi.org/10.1590/S1679-62252010000200012>.

PARÁSITOS NEMATODOS EN *Trichomycterus nigromaculatus* (SILURIFORMES: TRICHOMYCTERIDAE) DEL RÍO GAIRA, SIERRA NEVADA DE SANTA MARTA, COLOMBIA.

Carlos Mario Toncel Palencia¹, Stephania Rodríguez¹, Carlos Garcia-Alzate²

¹Universidad del Atlántico. Correo electrónico: ctoncel@est.uniatlantico.edu.co

²Cooperación universitaria del Cauca

Resumen

Los estudios parasitarios se centran en especies de interés comercial. Por lo que, especies de talla pequeña son poco frecuentes en estos trabajos. Por ello, tenemos como objetivo determinar el estado parasitario de *Trichomycterus nigromaculatus* una especie endémica para Colombia, en el río Gaira, Sierra Nevada de Santa Marta.

Palabras Clave: Pez tropical, Teleósteos, Parásitos.

Abstract

Parasitic studies focus on species of commercial interest. Therefore, small species are rare in these works. Therefore, we aim to determine the parasitic status of *Trichomycterus nigromaculatus*, a species endemic to Colombia, in the Gaira River, Sierra Nevada de Santa Marta.

Keywords: Tropical fish, Teleosts, Parasites.

Introducción

Uno de los factores más importantes en el control de estas enfermedades parasitarias es el estudio de su ecología en poblaciones naturales, por su relevancia para el entendimiento de las variaciones de la distribución y prevalencia del parasitismo entre los hospedadores. Una de las etapas iniciales de los estudios de ecología de comunidades parasitarias consiste en la descripción de la composición, su prevalencia e intensidad. Estos aspectos son fundamentales para reconstruir los ciclos de vida que permitirán, con una adecuada anticipación, inferir estrategias de mitigación para las parasitosis potencialmente peligrosas en una nueva población de hospedadores.

Materiales y Métodos

Se realizaron 12 muestreos; se incluyó los períodos de bajas y altas lluvias para la zona. Las capturas de los peces se llevaron a cabo con red de arrastre y atarraya. Para cada individuo se evaluó el peso total, y la longitud total y estándar. A continuación, las muestras fueron disectadas con un corte uroventral para extraer estómagos, intestinos, gónadas y observar si presentaban parásitos (en branquias, intestino y estómago). Los parásitos fueron aclarados siguiendo la metodología sugerida por Ash y Orihel. Se calculó la abundancia media parasitaria y factor de condición K, para conocer el grado de robustez y desarrollo del pez. Además, a los datos obtenidos se les aplicó estadística

descriptiva y se evaluó si existían diferencias estadísticamente significativas entre los valores de las variables fisicoquímicas y la presencia de los parásitos.

Resultados y Discusión

Se examinaron 430 individuos de *Trichomycterus nigromaculatus*, de los cuales 76 se encontraban parasitados, se registró una abundancia media parasitaria de 0,25, con una prevalencia de 0,17. Los muestreos con mayor número de individuos parasitados se registraron en septiembre y noviembre con 23 y 16 respectivamente, los valores del factor de condición K muestran un alto grado de robustez para la especie en el área de estudio, los parásitos se encontraron en estómago, intestino y gónada. Los parásitos encontrados pertenecen al género *Procamallanus* (*Spirocamallanus*). Los especímenes del nemátodo identificados como *Procamallanus* (*Spirocamallanus*) sp. constituyen el primer reporte del parásito para la especie de hospedero *T. nigromaculatus*, y una ampliación de la distribución geográfica del nematodo. Presentó una baja prevalencia (17%) con relación a lo encontrado por Olmos et al. en Chile donde para una especie del género *Trichomycterus* registró valores de 67% de prevalencia y siendo parasitados por tres especies. A pesar de ser considerados patógenos los parásitos del género (Moravec et al. 2006), el factor de condición K, no muestra relación entre la presencia del parásito y una disminución en el grado de robustez de la especie.

Conclusión

Procamallanus (*Spirocamallanus*) sp constituye un nuevo registro de parásitos para el Caribe colombiano y una ampliación de la distribución geográfica del nematodo, presentando un valor alto de prevalencia, demostrando la presencia de carga parasitaria en *T. nigromaculatus*.

Financiación y Agradecimientos

Financiado por la convocatoria interna para el fortalecimiento de semilleros de la Universidad del Atlántico. Agradecimientos: A la Universidad del Atlántico, al semillero de ictiología continental y al director Carlos García-Alzate.

Referencias

Moravec, F., Justine, J. L., Würtz, J., Taraschewski, H., & Sasal, P. (2006). A new species of *Procamallanus* (Nematoda: Camallanidae) from Pacific eels (*Anguilla* spp). *Journal of Parasitology*, 92(1), 130-137.

Olmos, V. L., Victoriano, P., Habit, E., & Valdovinos, C. (2003). Parásitos de peces nativos de la cuenca del río Laja (Chile Central) y alcances sobre sus ciclos de vida. *Archivos de medicina veterinaria*, 35(2), 195-203.

Choke, L. A., Ramallo, G., Nieva, L., & Davies, D. (2014). Nuevos registros de helmintos parásitos en dos especies de peces fluviales, provincia de Salta, Argentina. *Acta zoológica lilloana*, 253-257

DIVERSIDAD FUNCIONAL DE LA ICTIOFAUNA PRESENTE EN LA REGIÓN ALTA DEL CANAL DEL DIQUE, CUENCA BAJA DEL MAGDALENA, COLOMBIA

María Ariña¹, Carlos García²

¹Universidad del Atlántico. Correo electrónico: marina@est.uniatlantico.edu.co

²Corporación universitaria autónoma del Cauca

Resumen

Se evaluaron cinco rasgos funcionales: Uso de hábitat, dieta, tamaño corporal, tipo de nado y tolerancia a variables fisicoquímicas, a partir estos valores, se cuantificó la riqueza, equitatividad, divergencia y dispersión funcional. El sistema presentó especies funcionalmente redundantes que no ocupan un volumen adicional en el espacio funcional comunitario.

Palabras Clave: Ecología funcional, rasgos, grupos funcionales, peces de agua dulce.

Abstract

Five functional traits were evaluated: Habitat use, diet, body size, type of swim and tolerance to physicochemical variables. From these values, the richness, fairness, divergence and functional dispersion were quantified. The system presented functionally redundant species that do not occupy an additional volume in the community functional space.

Keywords: Functional ecology, traits, functional groups, freshwater fish.

Introducción

Los estudios que tratan la diversidad de peces dulceacuícolas de los sistemas del bajo Magdalena y su grado de deterioro ambiental, son meramente descriptivos, reduciéndose a inventarios. La implementación del “enfoque funcional” a los estudios de diversidad, permite evaluar no solo la riqueza y abundancia de las especies, sino también su capacidad de respuesta de las especies frente a perturbaciones humanas, a través de los rasgos funcionales, que reúnen a una o más especies en un grupo funcional, la variabilidad de la composición de los grupos, depende de factores ambientales que en últimas determinan los recursos disponibles del sistema.

Materiales y Métodos

El Canal del Dique, es una vía de comunicación artificial fluvial de 113 kilómetros desde Calamar hasta la Bahía de Cartagena. Se tuvieron en cuenta cinco rasgos de tipo morfométrico y de historia de vida, uso de hábitat, dieta, tamaño corporal, tipo de nado y respuesta a variables fisicoquímicas. Para el establecimiento de grupos funcionales se utilizó el método de la generalización de la distancia de Gower. A partir de los valores de los rasgos funcionales medidos, se calcularon los índices de diversidad funcional multidimensionales: Riqueza funcional, divergencia funcional, dispersión funcional. Se realizó una prueba de Shapiro-Wilk a los datos de los índices de diversidad funcional,

abundancia de especies, grupos funcionales y variables fisicoquímicas, para comprobar el supuesto de normalidad, una vez hecho esto, se realizó un análisis de varianza (ANOVA) para determinar diferencias estadísticamente significativas a nivel espacial y temporal.

Resultados y Discusión

Se obtuvo cinco grupos funcionales, el grupo 3 estuvo representado por: *Eigenmannia virescens*, *Gilbertolus alatus*, *Centrochir crocodili* y *Trachelyopterus insignis*, con rasgos como: velocidad de nadado rápido, hábitos pelágicos, tamaño corporal medio-grande e importante consumo insectos en su dieta, mientras que el grupo 4 incluyó a las especies *Pimelodus grosskopfii* y *Triportheus magdalenaecuyos* por rasgos como: hábitos bentónicos, velocidad de nadado medio-rápido, talla media-grande e intolerancia a variables fisicoquímicas, el grupo 1 constituido por la especie *Astyanax magdalenae* caracterizada por su talla pequeña, velocidad media de nadado, hábitos pelágicos, tolerancia a variables fisicoquímicas y dieta herbívora; el grupo 5 estuvo conformado por *Ctenolucius hujeta* y *Roeboides dayi*, las cuales compartieron rasgos funcionales tales como: velocidad de nado medio y consumo de escamas. Por su parte, *Caquetaia kraussii* constituyó el grupo 2 con: talla media, hábitos bentónicos, velocidad de nadado rápida, dieta piscívora y tolerancia a variables fisicoquímicas. El sistema presentó especies funcionalmente redundantes que no ocupan un volumen adicional en el espacio funcional comunitario (Mason et al., 2007; Fonseca & Ganade, 2001;), caracterizadas por valores de rasgos funcionales extremos fueron relativamente más abundantes. Los valores de variables fisicoquímicas encontrados fueron indicadores de ecosistemas eutróficos e intervenidos.

Conclusión

Los bajos valores de riqueza funcional y alta equitatividad se asocian con la presencia de especies funcionalmente redundantes en los sistemas que no ocupan un volumen adicional, la alta divergencia y dispersión funcional son una consecuencia secundaria de la baja riqueza ya que el espacio funcional tiende a reducirse.

Financiación y Agradecimientos

Fondo regalías gobernación del Atlántico.

Referencias

Fonseca, C. R., & Ganade, G. (2001). Species functional redundancy, random extinctions and the stability of ecosystems. *Journal of Ecology*, 89(1), 118-125.

Mason, N.W.H., Lanoiselée, C., Mouillot, D., Argillier, C. (2007). Functional characters combined with null models reveal inconsistency in mechanisms of species turnover in lacustrine fish communities. *Oecologia* 153: 441-452.

EFECTO DEL TIPO DE DEPREDADOR SOBRE LA CONDUCTA DE ESCAPE DE LA LAGARTIJA *Gonatodes albogularis*

Angela Ortega-León¹, Meggy Galván-Gallego¹, Moisés Domínguez-López²

¹Universidad de Córdoba. Correo electrónico: angelamaria@correo.unicordoba.edu.co

²Fundación Ambiente Biodiverso

Resumen

Se evaluó la conducta de escape de *Gonatodes albogularis* ante a dos tipos de depredador utilizando modelos, en la Estación Primatológica de Colosó (CARSUCRE). Los resultados muestran que las características del ataque y la presencia de refugios influyen en la conducta de escape de individuos de los dos sexos.

Palabras Clave: Tipo de depredador, presa, conducta de escape, comportamiento, *Gonatodes albogularis*.

Abstract

The escape behavior of *Gonatodes albogularis* was evaluated against two types of predator using models, in the Primatological Station of Colosó (CARSUCRE). The results show that the characteristics of the attack and the presence of shelters influence the escape behavior of individuals of both sexes.

Keywords: Predator type, prey, escape behavior, *Gonatodes albogularis*.

Introducción

Las relaciones depredador-presa han llevado al diseño de diferentes conductas de escape en animales. La flexibilidad de la huida y la capacidad de detección de depredadores, son características adaptativas en las conductas de escape y en lagartijas existen diversos factores que pueden afectarlas (Vanhooydonck et al., 2007). La mayoría de los lagartos son animales pequeños con depredadores no especializados (Samia et al., 2015), y es posible que exhiban conductas de escape específicas ante la estrategia de cada depredador. El objetivo de este trabajo fue evaluar la conducta de escape de la lagartija *Gonatodes albogularis* frente dos tipos de depredadores.

Materiales y Métodos

El estudio se realizó en un fragmento de Bosque seco Tropical (bs-T) en la Estación Primatológica (CARSUCRE), en mayo de 2018. Se incluyeron individuos adultos con tamaño superior a la talla mínima de madurez sexual (Serrano-Cardozo, et al., 2007). Se utilizó un modelo artificial de un ejemplar adulto de cernícalo americano *Falco sparverius* y otro de la serpiente *Mastigodryas pleei*. Se ubicó el depredador a 5 m del individuo; la aproximación hacia la presa se ejecutó de manera directa (en línea recta) y a una velocidad constante. La primera reacción se tomó como indicio de que la lagartija detectó al depredador, y una vez inició la huida el observador detuvo el acercamiento. Se midieron la distancia de aproximación, distancia de huida, distancia

final y distancia al refugio potencial más cercano, y se analizaron las diferencias de éstas entre los dos tipos de depredadores, en cada sexo por separado.

Resultados y Discusión

Las hembras (N= 69) y machos (N=70) de *Gonatodes albogularis* permitieron mayor acercamiento del depredador terrestre (Mann-Whitney $P < 0.005$), debido quizás a las características de acercamiento, como la velocidad y dirección de aproximación (Jayne & Irschick, 2000; Cooper & Avalos, 2010; Cooper et al., 2009), los cuales representan mayor riesgo con el depredador aéreo. Por el contrario, la distancia final fue mayor ante el depredador aéreo (H: $t_{69}=5.62$, $p < 0.005$) ($t_{70}=-6.47$, $p < 0.005$), lo que indica que esta variable se ve afectada por las distancias de aproximación permitida por la presa. La distancia de huida no difirió según el tipo de depredador (Mann-Whitney $P > 0.05$), sugiriendo que compensan el gasto energético de la huida ubicándose en sitios cercanos a los refugios, para que al momento de huir de los depredadores la distancia en recorrer sea más corta (Cooper, 1997; Ekner et al., 2008). Por último, las hembras y machos no presentaron diferencias en la distancia al refugio con respecto al tipo de depredador (H: $t_{70}=1.45$, $p > 0.05$; M: $t_{70}=1.70$, $p > 0.05$), mostrando que la presencia de sitios seguros cerca representa una opción de escape efectiva independientemente del tipo de depredador (Martín & López, 2000).

Conclusión

El tipo de depredador influyó en la conducta de escape, al parecer en respuesta a las características de ataque de cada depredador, como la velocidad y dirección de acercamiento, y la conducta de huir hacia el refugio parece ser una respuesta generalizada indistintamente del tipo de depredador.

Financiación y Agradecimientos

Esta investigación se realizó con el apoyo de la Universidad de Córdoba y el grupo de Investigación Biodiversidad. Agradecemos a la Corporación Autónoma Regional de Sucre (CARSUCRE) y a la Estación Primatológica de Colosó por permitirnos realizar el estudio.

Referencias

- Cooper W, Sherbrooke W (2010) Initiation of Escape Behavior by the Texas Horned Lizard (*Phrynosoma cornutum*). *Herpetologica*, 66: 23-30.
- Cooper W, Avalos A (2010) Predation risk, escape and refuge use by mountain spiny lizards (*Sceloporus jarrovi*). *Amphib. Reptil.* 31: 363-373.
- Domínguez-López M, Ortega-león Á, Zamora-abrego G (2015) Tail autotomy effects on the escape behavior of the lizard *Gonatodes albogularis* (Squamata: Sphaerodactylidae), from Córdoba, Colombia. *Rev. Chil. Hist. Nat.* 88: 1.
- Domínguez-López M, Kacoliris F, Zamora-abrego G (2015) effects of microhabitat temperature on escape behavior in the diurnal gecko, *Gonatodes albogularis* (Duméril & Bribon, 1836). *Herpetozoa* 28: 4 -54 (squamata: sauria: sphaerodactylidae).

DISTRIBUCIÓN VERTICAL DE LA MALACOFAUNA ASOCIADA AL LITORAL ROCO SO DE ISLA FUERTE, COLOMBIA

Jorge A. Quirós Rodríguez¹⁻², Juan Yepes Escobar¹, Carlos Nisperuza Pérez¹

¹Grupo de investigación GRUBIODEQ, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia. Correo electrónico: carlosnisperuzap@correo.unicordoba.edu.co

²Grupo de investigación PRONAT, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

Resumen

Para analizar la distribución vertical de macromoluscos del litoral rocoso de Isla Fuerte, se realizaron tres muestreos, registrándose un total de 52 especies. El grupo más representativo fueron los gasterópodos. La zona supralitoral estuvo dominada por el género *Nerita*, el mesolitoral por *Angeola lineata* y el infralitoral por *Claremontiella nodulosa*.

Palabras claves: Moluscos, supralitoral, zonificación vertical.

Abstract

To analyze the vertical distribution of macromolluscs of the rocky coast of Isla Fuerte, we proceeded to make three samples, recording 52 species. The most representative group were gastropods. The supralittoral zone was dominated by the genus *Nerita*, the mesolittoral by *Angeola lineata* and the infralittoral by *Claremontiella nodulosa*

KeyWords: Moluscos, supralittoral, vertical zoning.

Introducción

Litoral rocoso insular es un ambiente heterogéneo en las características del sustrato, representando uno de los ambientes físicamente más extremos de la tierra. Esta unidad ecológica está constituida por comunidades de organismos capaces de sostenerse y sobrevivir en superficies verticales, influenciados por olas y mareas; ocasionando que la distribución de los organismos obedezca a factores físicos y biológicos. Aunque existen diversos estudios acerca de la malacofauna del Caribe colombiano, la información científica es limitada en ecosistemas insulares, y escasa información sobre la estructura y composición de la biodiversidad de estos litorales rocosos de ecosistemas marinos [1].

Materiales y métodos

El estudio se realizó en dos localidades (El Inglés y El Latal) de Isla Fuerte, sur de la plataforma continental del Caribe Colombiano. Se realizaron tres salidas de campo trimensuales, teniendo en cuenta tres momentos diferentes del nivel del agua. Se siguió la metodología de transectos propuesta por [2]. La riqueza de especies y su abundancia se determinó a partir de guías visuales previamente elaboradas y con la utilización de cuadrantes en la zona supra, meso e infralitoral. Cuando no fue posible la identificación de las especies en campo, los organismos fueron recolectados, preservados en alcohol al 70%, y posteriormente transportadas al laboratorio de Zoología de la Universidad de Córdoba para su procesamiento. La identificación taxonómica se realizó con apoyo de claves taxonómicas especializadas. Se construyó un gráfico de rango-abundancia y un ACP para analizar la distribución de las especies en la estratificación del litoral rocoso.

Resultados y discusión

A lo largo del estudio se registraron 1264 individuos, distribuidos en 52 especies, 35 géneros, 21 familias; y 3 clases de moluscos. Gasterópoda fue la clase con mayor riqueza específica (77%). Lo cual puede relacionarse con la mayor plasticidad ecológica que presenta este grupo con adaptaciones a la vida en estos ambientes [3]. La zona supralitoral presentó mayor riqueza (31 especies) y abundancia de especies en comparación con la zona meso e infralitoral (Fig. 1), en la primera las especies dominantes fueron *Nerita tessellata* y *Nerita versicolor* con 253 y 182 individuos respectivamente, en el caso del mesolitoral fue *Angeola lineata* (116) individuos y para el caso del infralitoral fue *Claremontiella nodulosa* (20 individuos). La biocenosis de moluscos en el litoral rocoso de Isla Fuerte parece responder a las condiciones ecológicas de cada sector. En la curva de rango-abundancia se evidencia una mayor equidad en la zona meso e infralitoral en ambas localidades, por otra parte, el ACP muestra una asociación de las especies del género *Nerita* y de poliplacóforos con el supralitoral, en el caso de las zonas mesolitoral por *Angiola lineata* y en el infralitoral la especie *Stenoplax purpurascens* parece tener cierto grado de preferencia.

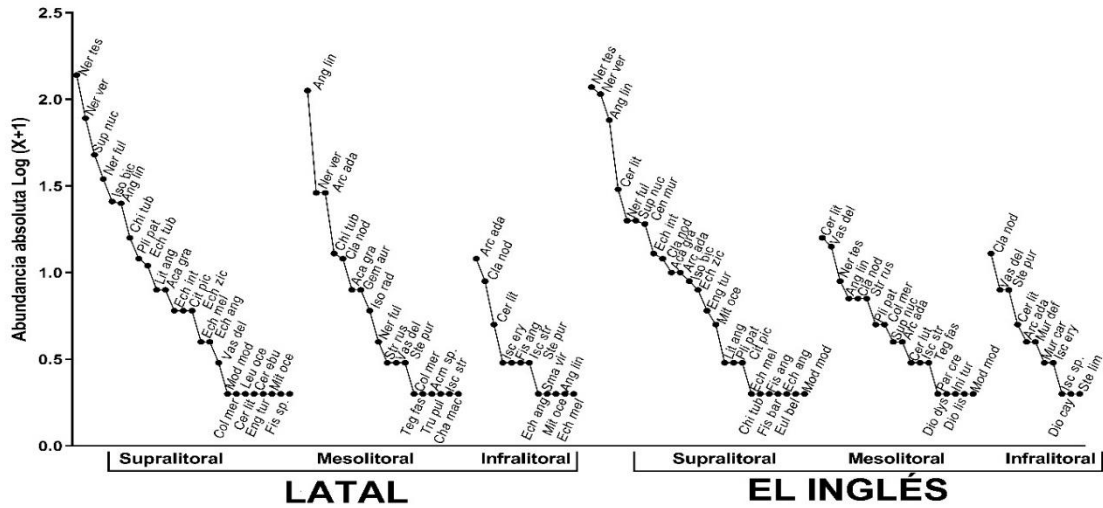


Figura 1. Curvas de rango- abundancia de las especies de moluscos encontradas en Isla Fuerte. Abreviaturas de las especies más abundantes: *Ner tes*: *Nerita tessellata*; *Ner ves*: *Nerita versicolor*; *Ang lin*: *Angiola lineata*; *Cer lit*: *Cerithium litteratum*; *Cla nod*: *Claremontiella nodulosa*

Conclusión

La composición de la fauna del litoral rocoso de Isla fuerte sigue un gradiente vertical, como ha sido referido previamente para estos ambientes; además, se evidencia un aumento en la variación de la composición desde el supralitoral al infralitoral, patrón de distribución que se mantiene temporalmente.

Financiación y agradecimientos

Agradecimientos a la Universidad de Córdoba por la financiación de este trabajo y a la comunidad de Isla Fuerte por su ayuda y respaldo en campo.

Referencias

- [1]. Casanova, R y M. Zambrano (2012). Descripción del componente físico. Pp 37-62.
- [2]. Jones, W.E. 1980. Field teaching methods in shore ecology, in: J.H. Price, D.E.G Irvine y W.H. Farnham (eds). *The Shore Environment*. Vol. 1 (17): 131
- [3]. Fernández, J. & Jiménez. M. 2007. Fauna Malacológica del Litoral Rocosos de la Costa Sur del Golfo de Cariaco y Costa Norte del Estado Sucre. Venezuela. *Boletín Del Instituto Oceanográfico de Venezuela*. 46(1).3-11.

**DESCRIPCIÓN DESARROLLO EMBRIONARIO Y LARVA DEL GUSANO PLANO
Boninia antillarum (POLYCLADIDA: RHABDITOPHORA)**

Andrés Rojas, Sigmer Quiroga

Universidad del Magdalena. Correo electrónico: andresrojasrschr@gmail.com

Resumen

Los policládidos poseen desarrollo en espiral y tres diferentes larvas, sin embargo, esto ha sido descrito en pocas especies. Este estudio describe el desarrollo de *Boninia antillarum*, que dura siete días y la larva de Müller con algunas diferencias: un solo ojo y una transición antes de alcanzar este estado.

Palabras clave: Embriología, gusanos planos larva de Müller, Platelminetos, plesiomorfias, Turbelarios.

Abstract

Polycladids have spiral development and three different larvae, however, this has been described in few species. This study describes the development of *Boninia antillarum*, which lasts seven days and the Müller's larva with some differences: a single eye and a transition before reaching this state.

Keywords: Embryology, flatworms, Müller's larva, Platyhelminthes, plesiomorphies, Turbellaria.

Introducción

Los platelmintos comprenden a los Catenulida y Rhabditophora. En este último se encuentra el orden Polycladida con plesiomorfias como: presencia de ectodermo ciliado, huevos entolecíticos y desarrollo en espiral, que generalmente termina en el sexto clivaje con un embrión de 36 células (Girstmair & Telford, 2019). Especies con desarrollo indirecto presentan larvas ciliadas, plantónicas y planctotróficas que de acuerdo con sus características morfológicas han sido denominadas: Müller, Goette y Kato; basándose en algunas especies. Se presume que podrían existir novedades en algunas otras. El objetivo de este trabajo es describir el desarrollo embrionario y la larva del policládido *Boninia antillarum*.

Materiales y Métodos

Un total de 33 especímenes de *B. antillarum* fueron recolectados debajo de rocas, hasta una profundidad de 1,5 metros, en el litoral rocoso de la Bahía del Rodadero, Santa Marta, Colombia. Fueron colocados en bolsas plásticas con ayuda de un pincel de cerdas suaves. En el laboratorio los gusanos fueron lavados y mantenidos en agua de mar micro filtrada sin alimentación, en total oscuridad y a temperatura ambiente. Los individuos maduros fueron separados de los inmaduros con ayuda de un estereoscopio (Zeiss Discovery V8). Los gusanos maduros se agruparon en triadas durante 2 días y posteriormente se individualizaron en bolsas plásticas hasta la postura de masas de

huevos, las cuales se transfirieron a cajas de cultivo, para ser monitoreadas hasta la eclosión de las larvas, capturando fotografías con un microscopio (Zeiss DIC Axio scope A1) de cada estadio del desarrollo embrionario y su respectiva larva.

Resultados y Discusión

Las masas de huevos por lo general poseen disposición lineal. Cada masa posee entre 5 y 20 cápsulas, cada cápsula entre 3 y 7 embriones. Después de la ovoposición los blastómeros se dividen en promedio cada cinco horas hasta el estadio de 64 células. A las 36h se presenta la gástrula, a las 42h los embriones empiezan a rotar (epidermis ciliada), a las 43h se forma un único ojo. A las 58h los embriones manifiestan contracciones (musculatura). Las larvas eclosionan a los siete días con un solo ojo, forma alargada y sin lóbulos. Dos horas después finaliza en una larva Müller esférica con ocho lóbulos (un medio-ventral, dos ventro-laterales, dos laterales, dos dorso-laterales y un medio-dorsal) y un solo ojo a diferencia de la larva Müller típica que posee tres. El desarrollo de *B. antillarum* es rápido, Gammoudi (2012) describió el desarrollo de algunas especies que tardaron más tiempo e hipotetiza que puede depender la temperatura. En su tesis de pregrado Velásquez (2008) hizo el seguimiento al desarrollo de *B. antillarum*, el cual tardó diez días. Al igual que los resultados aquí mostrados observo un solo ojo en la larva, pero no tuvo éxito en describir con exactitud su morfología.

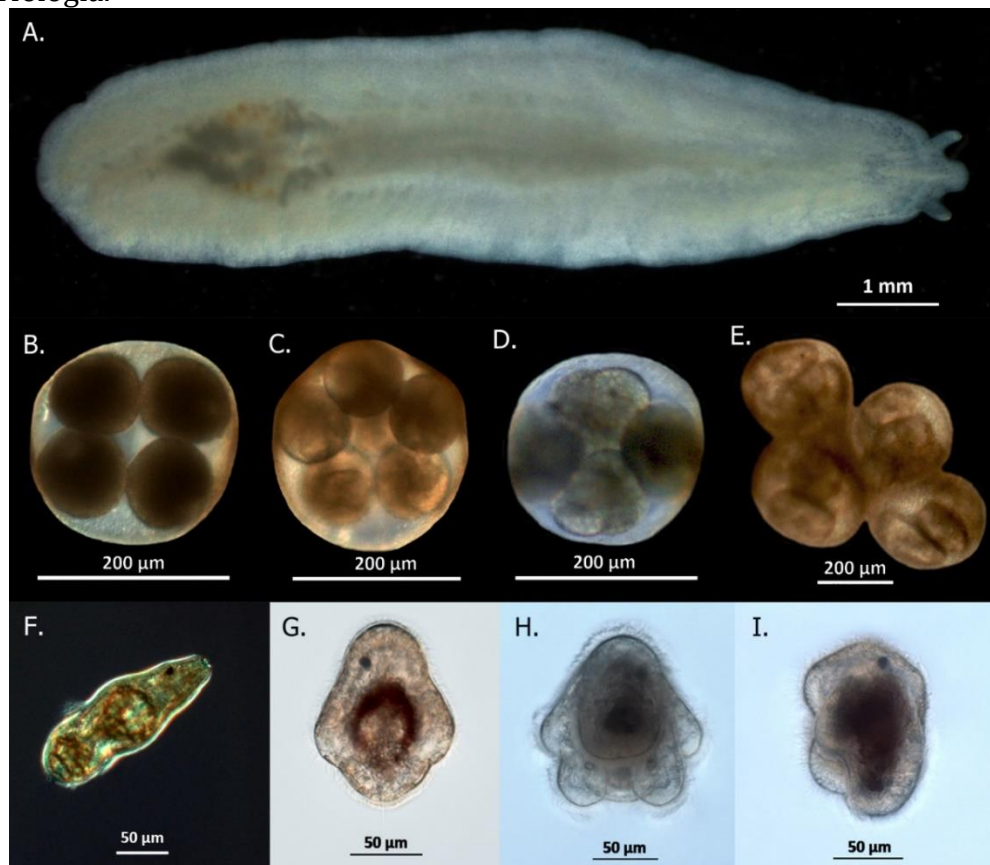


Figura 1.

Conclusión

El tiempo de desarrollo de *B. antillarum* es menor con respecto a otras especies de policládidos. Posee una larva de Müller que difiere a la típica por la presencia de un solo ojo en vez de tres. Adicionalmente, presenta una transición post-eclosión de dos horas, para formar los ocho lóbulos.

Financiación y Agradecimientos

Agradezco al director y a cada integrante del laboratorio MIKU por la paciencia y pasión al momento de transferir conocimiento y experiencias que ayudaron a llevar a cabo el presente trabajo. Igualmente, a la Universidad del Magdalena y a la facultad de Ciencias básicas por el financiamiento para poder asistir al Congreso de Ciencias Biológicas 2020.

Referencias

Gammoudi, M., Noreña, C., Tekaya, S., Prantl, V., & Egger, B. (2012). Insemination and embryonic development of some mediterranean polyclad flatworms. *Invertebrate Reproduction and Development*, 56(4), 272–286. <https://doi.org/10.1080/07924259.2011.611825>

Girstmair, J., & Telford, M. J. (2019). Reinvestigating the early embryogenesis in the flatworm *Maritigrella crozieri* highlights the unique spiral cleavage program found in polyclad flatworms. *EvoDevo*, 10(1), 1–17. <https://doi.org/10.1186/s13227-019-0126-5>

Velásquez, A. (2008). Biología reproductiva y desarrollo embrionario de algunas especies de policládidos (Platyhelminthes: Rhabditophora) asociados al litoral rocoso de inca-inca (Bahía de Gaira) y Punta Betín (Bahía de Santa Marta), caribe colombiano. Programa de biología marina, Universidad de Bogotá Jorge Tadeo Lozano.

**LA SEGUNDA ESPECIE: PRIMER REGISTRO DE LA RANA DE INVERNADERO
Eleutherodactylus planirostris (ANURA: ELEUTHERODACTYLIDAE) DE SAN
ANDRÉS, ISLAS DEL CARIBE COLOMBIANO**

Maria Victoria Cubillos Abrahams¹, Andrés Camilo Montes-Correa², Javier Rodriguez¹,
Luis Enrique Vera-Pérez³

¹Grupo de Investigación en Ecología Neotropical (GIEN), Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia. Correo electrónico: mavcubillos@gmail.com

²Grupo de Investigación en Manejo y Conservación de Fauna, Flora y Ecosistemas Estratégicos Neotropicales (MIKU), Universidad del Magdalena, Santa Marta, Colombia.

³Investigador independiente

Resumen

Se reporta el primer registro de *Eleutherodactylus planirostris* para el Caribe insular colombiano basados en la detección de especímenes y cantos, con notas sobre la historia natural y comentarios sobre la morfología de la especie.

Palabras clave: Caribe insular colombiano, especies invasoras, historia natural, morfología.

Abstract

The first record of *Eleutherodactylus planirostris* for the Colombian Caribbean islands is reported based on the detection of specimens and calls, with notes on the natural history and comments on the morphology of the species.

Keywords: Colombian Caribbean islands, invasive species, morphology, natural history.

Introducción

El Archipiélago de San Andrés, Providencia y Santa Catalina (Caribe Insular Colombiano, ICC) es parte del Caribe Occidental, una ecorregión Neotropical con biota endémica, compleja y diversa. La isla de San Andrés (SAI) es la más grande, mayor biodiversa e impactada por actividades humanas entre las ICC. La herpetofauna de SAI ha documentado 15 reptiles escamados y una rana. *Eleutherodactylus planirostris*, originario de Cuba, ha sido introducido en islas del Caribe, Estados Unidos, América Central entre otros. Reportamos la ocurrencia de *E. planirostris* en SAI, Colombia, por primera vez, con descripción morfológica de algunos individuos, con comentarios sobre aspectos ecológicos.

Materiales y Métodos

Se recolectaron 12 especímenes en Merrie Hill (Sector Sur de SAI) en enero de 2020. Las muestras se sacrificaron utilizando solución tópica de lidocaína (10%) esparcida en

la zona ventral y se fijaron en una solución de formalina (10%). Los especímenes testigos fueron depositados en el Museo de Historia Natural de la Universidad Industrial de Santander. Para la determinación taxonómica, examinamos la descripción de Schwartz (1974), y examinamos los siguientes caracteres morfológicos y morfométricos, mediante un estereoscopio y un calibrador digital, con las siguientes abreviaturas: longitud rostro-cloaca (LRC), largo de la cabeza (LC), ancho de la cabeza (AC), distancia internasal (DIN), ancho del párpado superior (APS), distancia interorbital (DIO), diámetro del ojo (DO), longitud ojo-narina (LON), diámetro del tímpano (DT), longitud del humero (LH), longitud del antebrazo (LA), largo del muslo (LM), longitud de la tibia (LT) y longitud del pie (LP).

Resultados y Discusión

Eleutherodactylus planirostris fue determinada a partir de la siguiente combinación de caracteres: tamaño pequeño (LRC máximo=23,24 mm), cabeza pequeña (LC/LRC=35,28–43,66%) más larga que ancha (AC/LC=76,15–86,70%), hocico truncado en vista lateral y subacuminado en vista dorsal (DIN/AC=23,69–30,45%). *Canthus rostralis* recto y relativamente corto (LON/ LC=26,48–36,35%). Párpado superior ancho (APS/AC=21,72–29,54%), relativamente separados entre sí (DIO/AC=33,13–46,46%), con tubérculos palpebrales escasos y pequeños. Todas las ornamentaciones cefálicas restantes, como tubérculos, pliegues y cresta craneal, están ausentes. Tímpano grande y bien definido (DT/DO=69,88–81,39%), con anillo timpánico y membrana presente. Procesos dentígeros de vómer en una fila transversal posterior a las coanas, ligeramente separados entre sí. Tamaño relativo de los dedos manuales (III>IV>II>I) pediales (IV>V≥III>II>I.). En términos generales los individuos de SAI se asemejan a descripción de Schwartz (1974) para las poblaciones nativas. Sin embargo, hubo variación en el tamaño relativo del último carácter (IV-III-V-II-I). *Eleutherodactylus planirostris* es una especie adaptable, voraz y de alto potencial invasivo, impactando los ensamblajes de insectos, el ciclo de nutrientes y generar competencia con pequeños insectívoros (Olson et al. 2012) La proliferación de esta rana podría afectar la disponibilidad de recursos alimenticios para *Sphaerodactylus argus andresensis*, el vertebrado nativo más pequeño del CCI.

Conclusión

Este registro corresponde a la segunda rana y la octavo herpeto no nativo documentado en el CCI. El tamaño relativo de los dedos pediales se considera un carácter taxonómicamente valioso para las Terrarana. Sin embargo, este carácter está sujeto a variación y debe tomarse cautelosamente para diagnosticar las especies.

Financiación y agradecimientos

Este proyecto hace parte de los resultados de la propuesta de investigación “¿Cómo es la vida en un paraíso tropical? Ecología de la herpetofauna terrestre de la isla de San Andrés, Caribe Insular Colombiano” financiado por la Vicerrectoría de investigación de la Universidad del Magdalena. Agradecemos al señor Luis Oneil y su esposa Maria Cristina, por permitirnos realizar el trabajo de campo en Marrie Hill. A Ingrid Abrahams

y Olga Abrahams por facilitarnos el contacto con ellos. También a Manuel Sepúlveda, por disposición y asistencia en campo.

Referencias

1. Schwartz, A. (1974). *Eleutherodactylus planirostris*. Catalogue of American Amphibians and Reptiles 154: 1-4.
2. Olson, C. A., Beard, K. H., & Pitt, W. C. (2012). Biology and impacts of Pacific Island invasive species. 8. *Eleutherodactylus planirostris*, the greenhouse frog (Anura: Eleutherodactylidae) 1. Pacific Science, 66(3), 255-270.
3. McNish, T. (2011). La fauna del Archipiélago de San Andrés, Providencia y Santa Catalina, Colombia, Sudamérica. Bogotá: Colombo Andina de Impresos S.A. 210 pp.

PONENCIAS BIOLOGÍA VEGETAL

MICORRIZAS ARBUSCULARES ASOCIADAS A LA ESPECIE EN PELIGRO DE EXTINCIÓN *Gustavia romeroi* (LECITHYDACEAE), EN EL TRASVASE MANSO (CALDAS)

Luz Fanery Santafé Pulgarín^{1,2}, Raúl Hernando Posada Almanza^{1,3}

Universidad de Caldas¹ Estudiante de Biología.² Docente Departamento de Biología³
Correo electrónico: fanerysantafe@gmail.com

Resumen

Gustavia romeroi es una especie en peligro de extinción para la cual se evaluaron sus interacciones micorrícicas y aspectos ecológicos en su entorno natural. Se evidenció una asociación simbiótica con hongos de micorriza arbuscular, modularidad y el anidamiento de especies de estos hongos. Estos hallazgos contribuyen del mejoramiento de los planes para su conservación.

Palabras clave: asociación simbiótica, anidamiento, conservación.

Abstract

Gustavia romeroi is an extinction risk plant species. On this species the mycorrhizal interactions and ecological aspects were evaluated in their natural environment. It was evident a symbiotic association with arbuscular mycorrhizal fungi, with modularity and nesting of associated species. These findings contribute to improve the species conservation plans.

Key words: symbiotic association, nesting, conservation

Introducción

Las micorrizas son una asociación benéfica, importante para la sobrevivencia del 90% de las plantas terrestres, principalmente bajo condiciones de estrés. *Gustavia romeroi* es una especie nativa en peligro de extinción por la conversión de bosques en sistemas agropecuarios, fragmentación del hábitat y caza de agentes dispersores, de la cual se desconoce si forma asociaciones micorrícicas, lo cual puede contribuir al éxito de los procesos de conservación y restauración. Este estudio hace parte del proyecto “Implementación y seguimiento del plan de restauración ecológica de ecosistemas terrestres y acuáticos y del plan de conservación para la especie *Gustavia romeroi* S.A. Mori & García-Barr en el Trasvase Manso (Caldas, Colombia)”, entre ISAGEN y la Universidad de Caldas, convenio 33/75.

Materiales y métodos

El estudio se realizó en época seca y lluviosa en el área de influencia del trasvase Manso (Caldas, Colombia), la zona de vida corresponde a bosque pluvial premontano. Se

consideraron cuatro clases diamétricas: plántulas (área basal ≤ 1 cm y altura < 1.5 m), juveniles (DAP 1.1-5.9 cm y alturas > 1.5 m), arbolito (DAP 6 -12.9 cm) y árbol (DAP ≥ 13 cm). Se tomaron muestras de suelo para evaluar variables fisicoquímicas y extraer las esporas y de raíces para el porcentaje de colonización. Las esporas fueron extraídas por el método de Daniels & Skipper [1], las raíces fueron aclaradas [2] y se tiñeron con tinta Shaeffer [3]. La variación del porcentaje de colonización se analizó con un ANDEVA, se usó ANOSIM, SIMPER para analizar las comunidades de hongos micorrícicos arbusculares (HMA) y para las redes de interacción se utilizó Gephi y el programa R con el paquete BIPARTITE.

Resultados y discusión

En general los suelos donde crece *G. romeroi* son ácidos con bajos niveles de fósforo y con alto contenido de aluminio sin variación entre épocas, lo que crea un ambiente favorable para que esta planta pueda establecer una asociación con hongos de micorriza arbuscular. La colonización de raíces varió del 41.8 al 65.6%, solo con diferencias entre clases diamétricas en la época lluviosa, siendo mayor en juveniles y arbolitos. Se encontraron 90 especies principalmente de los géneros *Acaulospora*, *Glomus* y *Claroideoglomus*, donde en época de lluvias las especies micorrícicas duplicaron a las registradas en época seca. El ANOSIM indicó que no existen diferencias en la composición de especies entre clases diamétricas en el periodo seco o lluvioso, pero si entre las épocas ($R_{ANOSIM} = 0.165$, $p < 0,05$), el SIMPER confirmó esta diferencia de medias del 63.2%. El análisis de tendencia de asociación de especies realizado en Gephi, mostró especies particulares de HMA para épocas y clases diamétricas (Fig. 1). En este estudio se confirmó la modularidad o agrupamiento de las especies de HMA mostrando cuatro módulos, uno para secas y tres para lluvias evidenciando el anidamiento de especies lo cual se puede dar por la naturaleza mutualista de las especies interactuantes.

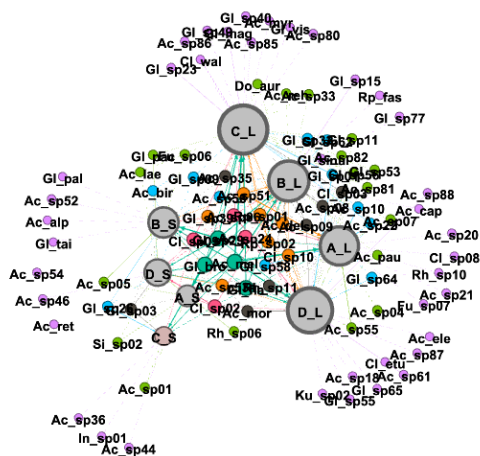


Figura 1. Red de interacción ecológica con distribución por grado. Los círculos grises grandes corresponden a las clases diamétricas A: Plántulas, B: Juveniles, C: Arbolito, D:

Árbol. Las épocas se asocian con la clase diamétrica luego del “_”, L: Lluvias, S: Secas. Los círculos pequeños corresponden a las morfoespecies de HMA. Los colores de los círculos corresponden al grado de asociación, violeta y con línea negra continua rodeando corresponde a una sola, verde oscuro central a ocho y roja central a seis.

Conclusión

Se evidenciaron las interacciones ecológicas de *G. romeori* que afectan su desarrollo en su hábitat natural, demostrando el anidamiento de especies de HMA y la modularidad, siendo aspectos que contribuyen a entender la dinámica de la especie en su entorno natural y al mejoramiento de los planes para su conservación.

Financiación y agradecimientos

Agradecemos a la empresa ISAGEN por el financiamiento de este proyecto realizado como tesis de pregrado.

Referencias

- [1] Daniels B.A, Skipper H.D. (1982). Methods for the recovery and quantitative estimation of propagules from soil. In: Schenck NC (ed.), *Methods and Principles of Mycorrhizal Research*. The American Phytopathological society, St Paul. 29-35.
- [2] Phillips J. M, Hayman D. S. (1970). Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 55(1), 158-161. [https://doi.org/10.1016/s0007-1536\(70\)80110-3](https://doi.org/10.1016/s0007-1536(70)80110-3)
- [3] Vierheilig H, Coughlan A. P, Wyss U, Piché Y. (1998). Ink and vinegar, a simple staining technique for arbuscular-mycorrhizal fungi. *Appl. Environ. Microbiol.* 64: 5004–5007. <https://doi.org/10.1128/aem.64.12.5004-5007.1998>

COMUNIDADES DE HONGOS DE MICORRIZA ARBUSCULAR ASOCIADAS A FRAILEJONES CON CRONOLOGÍAS DE HASTA 400 AÑOS

Raúl Hernando Posada Almanza

Universidad de Caldas, Facultad de Ciencias exactas y naturales.

Correo electrónico: raul.posada@ucaldas.edu.co

Resumen

Los páramos son fuente de agua, los intervenimos con actividades agrícola y ganadera y no sabemos el grado de influencia de estas sobre el equilibrio edáfico de las zonas conservadas, el estudio se enfoca en trazar la línea base de las micorrizas arbusculares en frailejones en zonas intervenidas.

Palabras Clave: Conservación, especies especialistas, especies generalistas.

Abstract

The Paramo is a source of water that, we intervene with agricultural and livestock activities, but we don't know their impact on the edaphic balance of conserved areas. This study focuses on drawing the baseline of the arbuscular mycorrhizae in frailejones present in intervened areas.

Keywords: Conservation, specialist species, generalist species.

Introducción

Los páramos son ecosistemas frágiles con un clima contrastante y extremo, donde especies como el frailejón (*Espeletia* spp) tienen adaptaciones que les permiten sobrevivir; sin embargo, actualmente la agricultura y ganadería se extienden a los páramos, atentando contra la integridad de los sistemas. Los frailejones crecen 1 cm/año con individuos de hasta cerca de 4 m de altura (400 años), los estudios indican la asociación benéfica con micorrizas arbusculares, pero no especifican las especies de hongos que se pueden asociar en diferentes edades de los frailejones, esto permitirá tener una línea base para evaluar el efecto de las actividades antrópicas.

Materiales y Métodos

En 2018 se muestrearon frailejones conservados de Laguna Negra (Caldas) y Otun (Risaralda), zonas intervenidas con ganadería y agricultura respectivamente. Los frailejones se discriminaron en 8 categorías, una cada 50 cm hasta completar 4 m, se tomaron 3 plantas por categoría, una muestra compuesta por planta. Las esporas fueron extraídas por el método de Daniels & Skipper (1), identificadas de acuerdo al INVAM (<https://invam.wvu.edu/>), Blaszkowski y Oehl, (2,3), entre otros. Los resultados se analizaron por medio del programa ANOSIM con 10000 permutaciones, SIMPER, Gephi y el programa R con el paquete BIPARTITE para análisis de comunidades, realizando la evaluación de la modularidad, especialización y anidamiento con 1000 repeticiones.

Resultados y Discusión

Las riquezas de especies de HMA (Hongos de Micorriza Arbuscular) que se asocian con cada rango de altura es similar (tamaño de los nodulos de altura), sin presentar una secuencia cronológica de especies únicas (en violeta). El análisis de similitud (ANOSIM) muestra que las comunidades de HMA son estadísticamente similares ($R= 0.4565$, $P= 0.9943$), coincidente con el hecho de que no hay modularidad ($M= 0.1712$, $P= 0.000$), lo cual se evidencia en la gran cantidad de especies comunes en el centro de la gráfica, tampoco se muestra especialización de especies ($H2= 0.000$), sin embargo, si se presenta anidamiento ($WNODF= 25,298$, $P=0.000$), que se muestra por las especies solo relacionadas con un rango de edades (alturas). Entre mas tiempo pasen los microorganismos nuevos en el suelo, el sistema tiende a balancear las comunidades a su punto funcional mas óptimo, con intervalos de 50 años de evaluación es muy probable que el sistema esté equilibrado y sean pocas las especies únicas, foráneas o poco esporulantes. El 52% de las especies (88) de HMA son comunes en frailejones conservados de zonas intervenidas por ganado o pasturas, factor a tomar en cuenta en las evaluaciones del efecto de estas actividades.

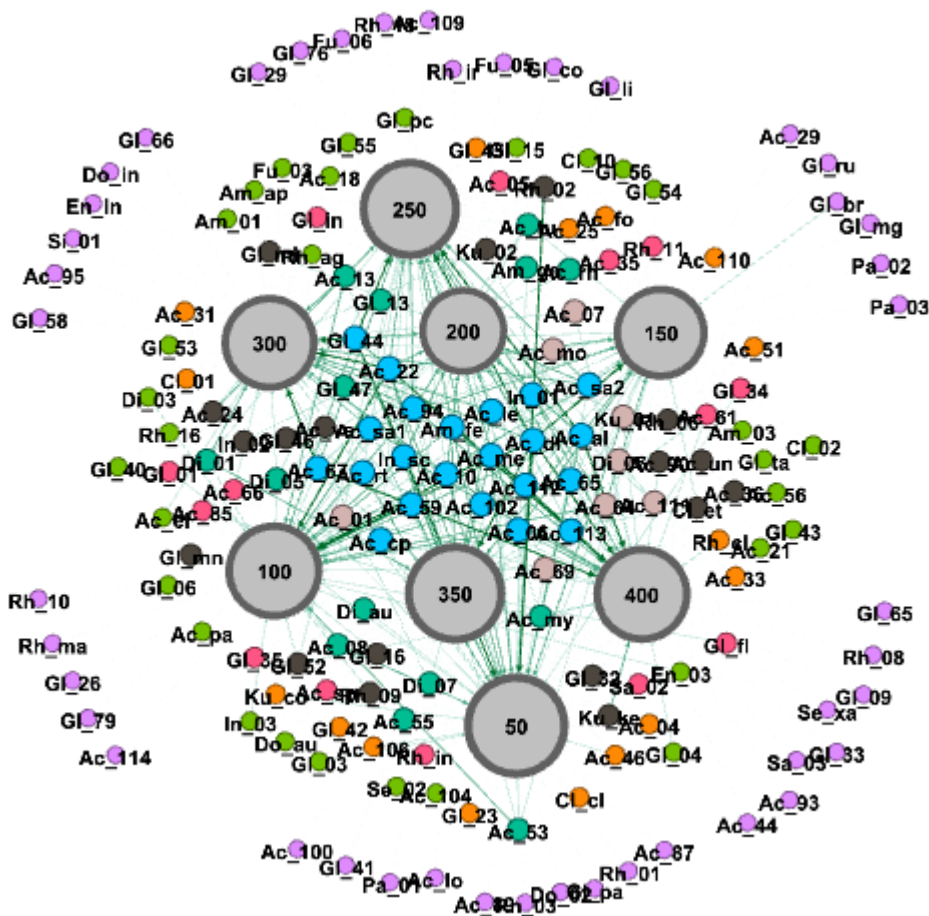


Figura 1.

Conclusión

Los resultados muestran una muy alta riqueza de especies de HMA (169) en frailejones conservados; quizás debido a la alta longevidad que pueden presentar los frailejones existe una homogeneidad o estabilidad de especies de HMA permanentemente asociadas y no se puede esperar variaciones fuertes de éstas, solo algunas especies especialistas.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a la vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad de Caldas por su apoyo en financiación de la propuesta “Estrategias radiculares para la adquisición de nutrientes por plantas pertenecientes a diferentes estados sucesionales de páramo”, código 1113218, a Parques Naturales Nacionales de Colombia, regional Caldas por su apoyo logístico y técnico para acceso y acompañamiento a los sitios de muestreo, así como a Daniel Toro y Angela Alzate por su apoyo en laboratorio.

Referencias

1. Daniels BA, Skipper HD. Methods for the recovery and quantitative estimation of propagules from soil. In: Schenck NC, editor. *Methods and Principles of Mycorrhizal Research*. St. Paul. Minnesota: American Phytopathological Society.; 1982. p. 29–35.
2. Blaszkowski J. *Glomeromycota*. First Edit. Mirek Z, Wójcicki JJ, Zarzyka-Ryszka M, editors. Kraków: W. Szafer institute of Botany, Polish Academy of Sciences; 2012. 303 p.
3. Oehl F, Sýkorová Z, Redecker D, Wiemken A, Sieverding E. *Acaulospora alpina*, a new arbuscular mycorrhizal fungal species characteristic for high mountainous and alpine regions of the Swiss Alps. *Mycologia* [Internet]. 2006;98(2):286–94. Available from: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16894974>

MORFOANATOMÍA DE *Espeletia standleyana* y *Espeletiopsis santanderensis* EN EL PÁRAMO DE GARCÍA PAMPLONA-COLOMBIA

Jimmy Reyes¹, Miguel Murcia¹, Fermín Rada²

¹Universidad de Pamplona. Correo electrónico: jimmyreyesvelasco@gmail.com

²Universidad de los andes, Merida

Resumen

Se comparó *Espeletia standleyana* y *Espeletiopsis santanderensis* en su anatomía, morfometría y biomasa foliar en el páramo de García-Pamplona (3350msnm), además se modeló la biomasa foliar en función de sus variables morfofisiológicas. Los resultados concuerdan con la segregación espacial ya que las especies se separaron en la morfometría y anatomía.

Palabras Clave: Anatomía Foliar, Área Foliar Específica, Biomasa foliar, Captura de Carbono, Índice de Área Foliar.

Abstract

Espeletia standleyana and *Espeletiopsis santanderensis* were compared in their anatomy, morphometry and foliar biomass in the García-Pamplona páramo (3350 msnm), in addition the leaf biomass was modeled according to their morphophysiological variables. The results agree with the spatial segregation since the species were separated in morphometry and anatomy.

Keywords: Carbon Capture, Leaf anatomy, Leaf Area Index, Leaf Biomass, Specific Leaf Area.

Introducción

En los Páramos las plantas se segregan en diferentes ámbitos para evitar la competencia por los recursos existentes en el ecosistema, así los componentes estructurales-funcionales de las poblaciones tienden a cambiar por el efecto que ejercen las variables ambientales a corta distancia provocadas por la heterogeneidad y la topografía del ecosistema de alta montaña, esto provoca que las especies tengan mecanismos adaptativos diferentes para asimilar los recursos existentes en determinado espacio[1]. Se hace necesario comparar y modelar las variables morfofisiológicas y poblacionales para explicar la segregación espacial de dos géneros contrastantes del páramo: *Espeletia standleyana* (E.s) y *Espeletiopsis santanderensis* (Es.s).

Materiales y Métodos

El muestreo se realizó en el páramo de García, municipio de Pamplona (N: 7°19'21" O: 72°39'30") a 3350 msnm: se escogieron aleatoriamente 30 individuos de *Espeletia*

standleyana y Espeletopsis santanderensis de diferente morfometría. Se les determinó la altura total (caule + roseta), el diámetro de la roseta, el largo y el ancho de hojas adultas y fotosintéticamente activas. El área foliar se estimó por tres métodos (la elipse, fotocopiado e ImageJ). Las hojas (N=60) se secaron en un horno a 55°C por 48 horas, para obtener el peso seco (g). Se tomaron muestras foliares y pedunculares para realizar cortes histológicos y registrar su anatomía. La relación peso seco y área foliar se estimó por regresión lineal y potencial. La biomasa foliar se explicó por regresión simple y múltiple [2].

Resultados y Discusión

La altura total, el diámetro de la roseta, el largo y ancho de las hojas (AH), el peso fresco y seco, el contenido de humedad y el índice de área foliar (IAF) fueron superiores en *Espeletia standleyana* (E.s) Manova, $p=2,6E-25$. Sin embargo, *Espeletopsis santanderensis* (Es.s) exhibió mayor número de hojas (43 +/-19) que E.s (20 +/-7), lo cual explicaría la compensación en sus biomásas (g/m²): Es.s (351 +/-187) vs. E.s (406 +/-200). Asimismo, Es.s evidenció una mayor longitud (338,4 +/-74,1 μ m) y anchura en sus haces vasculares (229,7 +/-66,2 μ m) vs. E.s (153,2 +/-33,9; 90,6 +/-29,2 μ m). Las razones de cambio de los modelos del peso seco en función del área foliar fueron relativamente similares: E.s $y=0,0068x1,281$ $R^2=0,98$ ($p=1,2E-25$) y Es.s $y=0,016x1,128$ $R^2=0,89$ ($p=5,4E-15$). La biomasa se explicó diferencialmente: E.s = 220,8(IAF) + 39,8(AH) -163,9; $R^2=0,982$ ($p=3,8E-17$) y Es.s = 339,5(IAF) -25,5; $R^2 = 0,979$ ($p=4,7E-25$). Es.s exhibió mayores caracteres xeromórficos que E.s, lo cual explica su alta adaptabilidad a los Andes tropicales de Colombia [3].

Conclusión

Espeletia standleyana y *Espeletopsis santanderensis* exhibieron comportamientos y tendencias altamente diferenciales que explican la segregación de sus nichos funcionales en los ámbitos anatómico, morfológico, fisiológico y ecológico

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos a la universidad de Pamplona por permitir utilizar las instalaciones para hacer las fases de laboratorio y a la bióloga Martha Ochoa por motivarnos a realizar este excelente trabajo.

Referencias

[1] Molles, M.C. & A.A. Sher (2019). Ecology: Concepts and Applications, Eighth Edition. McGraw-Hill Education. New York (572 pp).

[2] IBM Corp. Released (2019). IBM SPSS Statistics for Windows, Version 26.0. Armonk, NY: IBM Corp.

[3] Pouchon, C. et al. (2018). Phylogenomic Analysis of the Explosive Adaptive Radiation of the Espeletia Complex (Asteraceae) in the Tropical Andes. *Syst. Biol.* 67(6):1041–1060.

LIANAS CARIBEÑAS DEL ORDEN FBALES

Merly Yenedith Carrillo-Fajardo¹, Liliana Peñate Pacheco², Jesús Ballesteros-Correa³

¹Estudiante de Doctorado en Ciencias Biológicas y Ambientales, Grupo de Investigación Sistemática Biológica, Herbario UPTC, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Correo electrónico: merly.carrillo@uptc.edu.co

²Estudiante de Biología, Departamento de Biología, Grupo de Investigación Biodiversidad Unicórdoba, Universidad de Córdoba.

³Departamento de Biología, Grupo de Investigación Biodiversidad Unicórdoba, Universidad de Córdoba

Resumen

Se aporta información clave sobre la riqueza de especies, amenazas y distribución de las lianas (Fabales: Fabaceae y Polygalaceae) registradas en el Caribe colombiano. Los resultados son producto de la revisión del Catálogo Nacional de Plantas, la colección virtual del Herbario Nacional (COL)-UNAL, artículos y otros insumos

Palabras Clave: Fabaceae, Polygalaceae, bejucos.

Abstract

Key information is provided on the richness of species, threats and distribution of woody vines (Fabales: Fabaceae y Polygalaceae) registered in the Colombian Caribbean. The results are the product of the revision of the National Plant Catalogue, the virtual collection of the National Herbarium (COL)-UNAL, articles and other inputs.

Keywords: Fabaceae, Polygalaceae, woody vines.

Introducción

El conocimiento de las lianas en Colombia se encuentra disperso en artículos, repositorios, documentos técnicos y en las colecciones de los herbarios. Ante el panorama y la obligatoriedad del trabajo virtual causado por la pandemia (COVID-19), se ha iniciado una cruzada por recopilar, analizar y hacer pública la información de las lianas del Caribe. Se espera que en el futuro cercano se logre un compendio sobre el tema. En esta oportunidad, se presentan los resultados iniciales del orden Fabales, destacando la familia Fabaceae, tercer taxón más diverso para el país y el segundo para la región Caribe.

Materiales y Métodos

Los registros de las especies de lianas se tomaron del Catálogo de Plantas de Colombia [1]; posteriormente, se hizo la revisión de la colección virtual del Herbario Nacional Colombiano (COL), artículos científicos y bibliografía especializada, para complementar la información (altitudes, fecha de colección, categoría de amenaza, etc.). La verificación de los nombres se realizó a partir de “The Plant List” (<http://theplantlist.org>). Se estimó la riqueza a nivel de géneros y especies. Se relacionan las especies amenazadas, con algunos comentarios asociados a los criterios de la categorización producto de la revisión bibliográfica. Finalmente, la distribución se presenta a nivel del departamento de Córdoba, altitudinal y por ecoregiones.

Resultados y Discusión

Los registros presentados incluyen el período de 1913-2016, con 39 especies, de 22 géneros y dos familias. Fabaceae (19 géneros/35 especies) y Polygalaceae (3/4). Machaerium (6 especies), seguido de Dalbergia (4), los demás presentan 1-2 especies. El 92% de las especies no han sido evaluadas y el 8% están Casi amenazadas-NT: Rhynchosia mínima (frijolito, dieta del ganado en época seca) y Dioclea virgata (anticancerígena y tradicionalmente utilizada para tratamiento de afecciones renales y próstata) [2], La categoría de amenaza se debe a su reducida distribución y pérdida de calidad de hábitat. Machaerium arboreum (Látigo-Bolívar, Sangregao-César y Purgación-Atlántico), está amenazada por sobreexplotación. Especies distribuidas también en las regiones Andina y Amazónica. El departamento del Magdalena presenta la mayor riqueza de lianas del orden Fabales (22 especies), seguido de Córdoba (15), Atlántico y Bolívar (14 c/u), La Guajira (13), Sucre (8) y San Andrés (5). La distribución altitudinal y la relación con las ecoregiones del Caribe [3] se presenta en la tabla 1. Se destaca Cologania broussonetii, única especie liana registrada para el subpáramo (Sierra Nevada de Santa Marta-subcuenca del río Donachuí, territorio indígena Kankuamo).

Conclusión

Fabaceae y Polygalaceae presentan la mayor riqueza de lianas del orden Fabales (Caribe colombiano), un importante aporte a la biodiversidad regional. Se requiere profundizar en estos grupos taxonómicos, pese a la dificultad del muestreo en campo. Este trabajo pretende iniciar una revisión de lianas del Caribe y su diversidad.

Financiación y Agradecimientos

A la Dirección de Investigación y Extensión de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia por la financiación. Al Grupo de Investigación Sistemática Biológica-Herbario UPTC por el apoyo del equipo de trabajo.

Referencias

- [1] Bernal, R., Grandstein, R.S., Celis, M. (Eds). Catálogo de Plantas y líquenes de Colombia. Primera edición. Bogotá. Universidad Nacional de Colombia (sede Bogotá), Facultad de Ciencias, Instituto de Ciencias Naturales. 2016.
- [2] Alves, C., Brandão, H., David, J., David, J., Kijjoa, A. Megastigmanes y compuestos fenólicos de *Dioclea virgata* (Rich.) Amsh. (Leguminosae). *Planta Med* 2013; 79-PI6. Disponible en: DOI: 10.1055 / s-0033-1352096.
- [3] Carvajal, J., Rangel, O. Amenazas a la biota y a los ecosistemas de la región Caribe de Colombia En: Rangel, O. (editor) *Colombia Diversidad Biótica XII: La región Caribe de Colombia*. Bogotá: Instituto de Ciencias Naturales, 2012. 1046 p.

APROXIMACIÓN DE RASGOS FUNCIONALES DE ESPECIES DE ISLAS DE RECURSOS EN LA GUAJIRA, COLOMBIA

Gabriela Toro Tobón, Fagua Álvarez, Luz Marina Melgarejo

Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio de Fisiología y Bioquímica Vegetal, Departamento de Biología. Correo electrónico: gtorot@unal.edu.co

Resumen

Con el fin de entender los mecanismos fisiológicos de especies que conforman islas de recursos. Se evaluaron rasgos funcionales asociados a la hoja, conductancia estomática y fluorescencia de la clorofila a.

Palabras Clave: Árboles nodriza, islas de recursos, rasgos funcionales.

Abstract

In order to understand the physiological mechanisms of species that make up the resource islands. The functional traits associated with the leaf, stomatal conductance and chlorophyll a fluorescence were evaluated.

Keywords: Nurse trees, resource islands, functional traits.

Introducción

En ecosistemas semiáridos, la desertificación de suelos es un problema que genera pérdidas de productividad biológica y baja sostenibilidad en las comunidades. En Colombia, 17% de los ecosistemas áridos está en procesos de desertificación; donde la Guajira posee los índices más críticos. Los árboles nodriza formadores de islas de recursos permiten procesos de restauración de estos ecosistemas en deterioro, puesto que mejoran las condiciones ambientales, aumentando la disponibilidad de agua y nutrientes en el suelo [1]. El objetivo del presente trabajo fue determinar algunos rasgos funcionales en especies de islas de recursos de un ambiente semiárido de la alta Guajira.

Materiales y Métodos

El estudio se desarrolló en la Guajira, municipio Riohacha, coordenadas 11°35'38,3"N, 72°19'29,1"O. El muestreo fue realizado en noviembre del 2019, donde se seleccionaron 7 individuos de 3 especies de árboles nodriza (*Haematoxylum brasiletto*, *Pereskia guamacho* y *Pithecellobium dulce*). En los que se realizó la medición de la eficiencia fotoquímica potencial del PSII (F_v/F_m) con un fluorómetro no-modulado en horas de pre-alba (4:00h); y la conductancia estomática cada 4 horas a partir de las 6:00h hasta las 18:00h con un porómetro. Se trabajaron cinco rasgos funcionales asociados a la hoja, de especies herbáceas y arbustivas que conforman las islas de

recursos de tres especies de árboles nodriza (H. brasiletto, P. dulce y *Prosopis juliflora*). Para el análisis de los datos se realizaron gráficas de dispersión de puntos, y correlaciones con el programa R 3.6.2.

Resultados y Discusión

De acuerdo con los resultados obtenidos en la conductancia estomática, se observó el control por cierre estomático que realizan las especies P. guamacho y H. brasiletto, como posible estrategia para disminuir la pérdida de agua cuando aumenta la temperatura ambiental, contrario a lo observado en P. dulce. En la especie P. guamacho (Cactaceae) la conductancia estomática disminuye durante el día, lo que puede estar relacionado con el metabolismo CAM [2]. Respecto al Fv/Fm, las especies H. brasiletto y P. dulce presentaron valores que corresponden a plantas sanas y sin estrés, lo cual indica que no hay una alteración del aparato fotosintético; mientras que en P. guamacho los valores de Fv/Fm son menores indicando una posible afectación. Por otra parte, en las gráficas de dispersión de los rasgos funcionales no se observaron diferencias, ni tampoco correlación con el árbol nodriza con el que cohabitan.

Conclusión

Se encontraron rasgos funcionales que indican posibles mecanismos de adaptación de las especies al ambiente semiárido de la alta Guajira.

Financiación y Agradecimientos

Al Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación – MinCiencias y a la Universidad Nacional de Colombia. Contrato 80740-244-2019, por la financiación del proyecto “Caracterización de microbiota y rasgos funcionales de flora asociada a islas de recursos en un ambiente semiárido de la alta Guajira y su relación con la materia orgánica y la calidad del suelo”.

Referencias

- [1] Padilla, F. M., & Pugnaire, F. I. (2006). The role of nurse plants in the restoration of degraded environments. *Front. Ecol. Environ.* 4(4): 196-202.
- [2] Edwards, E. J., & Diaz, M. (2006). Ecological physiology of *Pereskia guamacho*, a cactus with leaves. *Plant Cell Environ.* 29(2): 247-256.

DIVERSIDAD Y COMPOSICIÓN FLORÍSTICA DE PLANTAS HERBÁCEAS EN EL SOTOBOSQUE DEL VOLCÁN CERRO MACHÍN (IBAGUÉ, COLOMBIA)

Daniel Morales, Jonathan Nuñez, Héctor Esquivel

Herbario TOLI-Universidad del Tolima. Correo electrónico: jcnunezv@ut.edu.co

Resumen

El volcán Cerro Machín es un volcán activo que se encuentra en el municipio de Ibagué (Colombia) y comprende zonas de vida de bosque Andino las cuales no habían sido estudiadas previamente; el objetivo de este estudio fue contribuir al conocimiento de la diversidad de especies herbáceas presentes en el sotobosque del área del volcán Cerro Machín, mediante su caracterización y estudio de la composición florística, la cual se presenta en este trabajo y el análisis de diversidad a partir de la caracterización de las plantas herbáceas (DAP <2cm) encontradas en el área del cono volcánico. Se levantaron un total de ocho parcelas temporales de 0.1 h, empleando Números efectivos o Números de Hill para estimar su diversidad, además se realizaron curvas de acumulación de especies para evaluar la representatividad del muestreo y se realizó una búsqueda de las especies encontradas en las bases de datos UICN y CITES, para revisar su estado de conservación. Se registraron 308 morfotipos de los cuales 246 fueron determinados al nivel de especie, 39 a género para un total de 23 familias, de estos 173 corresponden a magnoliópsidas, 93 a liliópsidas y 42 a helechos. En general la zona presenta niveles variados de diversidad destacando la parcela P5 fue la que presentó mayor diversidad, sin embargo, cabe destacar la parcela P3 se ubicó en una zona de fumarolas del domo central donde se registra vegetación perteneciente a zonas de vida de menor altura. Al comparar las parcelas empleando el método de Sorensen y Morisita-Horn modificado por Wolda arrojaron agrupaciones conforme al tipo de bosque y altitud, respectivamente.

Palabras Clave: Volcán Cerro Machín, Composición florística, Diversidad vegetal, Bosque Andino.

Abstract

Diversity and composition of Cerro-Machín volcano were analyzed, with 8 plots of 0.1ha with a gradient of 2000-2750 masl, obtaining Hill numbers, Sorensen and Morisita-Horn indices for diversity. High values of alpha-diversity were plots made in open area and native forest. The beta-diversity showed clusters by forest type and altitude.

Keywords: Cerro Machin volcano, floristic composition, Plant diversity, Andean forest.

Introducción

El volcán Cerro Machín es uno de los volcanes más peligrosos de Colombia por el número de personas que viven en su área de influencia y la presencia de la vía La Línea. Los bosques Andinos suministran servicios ecosistémicos como recurso hídrico, combustibles, recurso forestal y especies nativas con interés medicinal, artesanal e industrial. Los Andes es un área que más sufre degradación como resultado de la intervención antrópica. Nuestro objetivo fue contribuir al conocimiento de la diversidad de especies herbáceas presentes en el sotobosque del volcán Cerro Machín, mediante el estudio de la composición florística y su diversidad.

Materiales y Métodos

El volcán Cerro Machín posee un área de 13,5Km² y diámetro de cráter de 2,4Km. Está ubicado en el flanco oriental de la Cordillera Central de los Andes a 17 Km de la ciudad de Ibagué (Tolima), con coordenadas geográficas 4°29'N y 75°22'O. La base se ubica a 2000msnm mientras que su domo más alto está a 2750msnm. Se realizaron ocho parcelas temporales de 0,1ha propuestas por Gentry (1987), divididas en diez transectos de 2mx50m, en sentido perpendicular a la pendiente y se establecieron en gradiente altitudinal de 2000 a 2750msnm con parcelas cada 200m. Se censaron todos los individuos con $DAP \leq 2\text{cm}$. Para medir la representatividad del muestreo se realizaron curvas de acumulación de especies, teniendo en cuenta especies de hábito: Herbáceo, Arbustos, Subarbustos y Plántulas. La diversidad alfa se analizó con números de Hill según Jost (2006) y la Diversidad beta se analizó con índices de Sorensen y Morisita-Horn.

Resultados y Discusión

Se recolectaron 308 morfotipos: 246 fueron determinados a nivel de especie, 39 a género y 23 a familia. 173 especies fueron dicotiledóneas, 93 monocotiledóneas y 42 helechos. La familia con mayor número de especies fue Asteraceae con 38 especies y Orchidaceae con 35 (Fig.1). En cuanto a su hábito de crecimiento, las herbáceas tuvieron el mayor número de especies (188), seguido por epífitas (52 especies), luego lianas (32 especies), arbustos (18 especies), y finalmente plántulas tuvieron el menor número de especies con nueve especies. El muestreo fue significativo (mayor a 85%) para los estimadores ACE y CHA01, ningún estimador logró la asíntota en su curva, sin embargo, se consideró el muestreo como significativo. En cuanto a Diversidad alfa la parcela P5 ubicada a 2301 msnm en orientación SO mostró una mayor Riqueza total con 74 especies. La parcela P3 a 2570 msnm en orientación NE mostró mayor número de especies comunes con 23,05 especies efectivas. La parcela P5 mostró mayor número de especies dominantes con 16 especies efectivas. Para el índice de Sorensen y Morisita-Horn, los valores más altos de similaridad fueron entre las parcelas P1 y P3 (43,37% y 40,69% respectivamente).

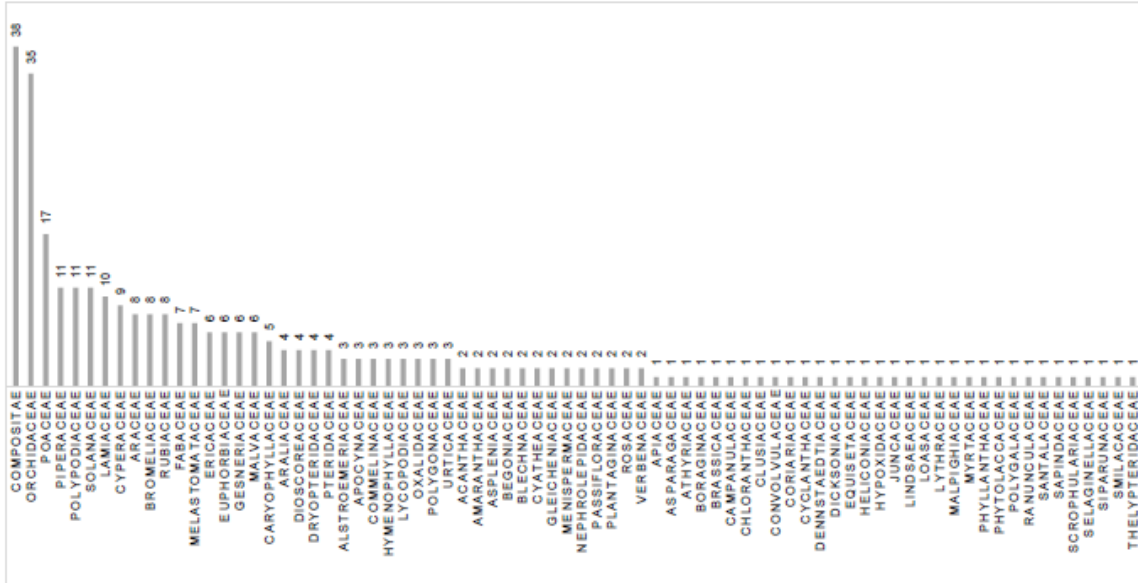


Figura 1. Gráfico de barras del número de especies por cada familia encontrada.

Conclusión

Las especies mostraron convergencia de diferentes zonas de vida con alto grado de conservación debido a las epífitas presentes. Hubo áreas de bosque nativo, sucesión secundaria que fueron intervenidos por agricultura y zonas en fumarolas, donde las especies de ésta son encontradas en bosques secos del piedemonte Andino.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a la Corporación Autónoma Regional del Tolima (CORTOLIMA) por la financiación del proyecto.

Referencias

- Gentry, A. H., & Dodson, C.H. (1987a). Contribution of nontrees to species richness of a tropical rain forest. *Biotropica*, 149-156.
- Jost, L. (2006). Entropy and diversity. *Oikos*, 113, 363–375.

CARACTERIZACIÓN FOLIAR DE LA PALMA DE ESTERA (*Astrocaryum malybo* - H. Karst.)

Eduardo Soto-Estrada* y Fagua Alvarez- Flórez

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá. e-mail: ersotoe@unal.edu.co

Resumen

Se describe anatómicamente tres tipos de hojas de *A. malybo*, mediante histología: de la plántula, foliolo del cogollo y de la hoja madura. Se identificaron fibras vasculares lignificadas y fibras no vasculares con ausencia de lignina y se relaciona su presencia con adaptaciones al hábitat y el uso en artesanías.

Palabras claves: Composición celular; palma de estera; artesanía; fibras vegetales.

Abstract

Three types of *A. malybo* leaves are anatomically described by histology: the seedling, the bud leaflet, and the mature leaf. Lignified vascular fibers and non-vascular fibers with absence of lignin were identified and their presence is related to adaptations to habitat and use in crafts.

KeyWords: cellular composition; mat palm; crafts; vegetal fibers.

Introducción

Astrocaryum malybo, es una especie de palma nativa de Colombia (García et al., 2013). Se conoce principalmente porque sus hojas son empleadas en la elaboración de artesanías como estereras, petates, canastos, entre otras. Se indica como una planta en peligro de extinción según la lista roja de palmas de Colombia (2005) y, aunque son varios los aspectos estudiados en la familia Arecaceae (palmas) a nivel global, *A. malybo*, carece de investigaciones relacionadas con su anatomía. Este trabajo busca caracterizar la lámina foliar y establecer su relación con el uso artístico artesanal.

Materiales y métodos

Se recolectó el material vegetal en el municipio de Chimichagua, Cesar. Para histología se empleó la metodología propuesta por Robles et al. (2016); impresión de estomas según lo establecido por Pérez et al (2010). Las fotografías se realizaron en microscopio Olympus BX50 con cámara Moticam-pro 28 y un estereoscopio Leica M-205 en modo multifocus con cámara MC170HD, del laboratorio de equipos ópticos del Departamento de Biología. Las imágenes fueron procesadas con Photoshop 19.0.0.

Resultados y discusión

Se obtuvo fotografías detalladas de la composición anatómica la lámina foliar de la plántula y foliolo de hoja del cogollo y hoja madura de la planta adulta.

La hoja de la plántula presenta mesófilo indiferenciado con haces vasculares hacia el centro, fibras lignificadas en ellos y conjuntos de fibras no vasculares contiguas a la hipodermis adaxial y abaxial. Las láminas foliares, tanto del cogollo como de la hoja madura, presentaron la misma estructura que la hoja de la plántula con la única diferencia de mesófilo diferenciado en parénquima en empalizada. Se encontró, además presencia de estomas únicamente en la cara abaxial del foliolo.

La presencia de hipodermis y la condición hipostomática de la hoja representan una adaptación para mitigar daños por alta radiación, estrés mecánico y evapotranspiración, respectivamente (Alvarado et al, 2011). Según la prueba de lignificación, las células que presentan estas fibras son únicamente las vasculares, mientras que las no vasculares, según lo plantea Marín et al. (2012) pueden estar formadas por celulosa. La lignina otorga rigidez al foliolo para que permanezca con la superficie expuesta al sol y la celulosa le da la flexibilidad para evitar que se fracture; característica que permite ser usada en la elaboración artesanal.

Conclusión

Se describe la anatomía de tres tipos de hoja de *A.malybo*. Se observan fibras con diferente composición en la pared. Las lignina permiten dar resistencia y soporte, mientras que las no lignificadas le dan flexibilidad. Se relaciona la anatomía con adaptación y usos de la palma.

Financiación y agradecimientos

Agradecimiento laboratorio de Equipos ópticos de del Departamento de Biología de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá por el uso de materiales y equipos.

A Oliva Días Conejo por el apoyo en el laboratorio.

Referencias

García N., G. Galeano, R. Bernal y O. Pedrozo. (2013). Cartilla para el manejo y aprovechamiento de la palma estera (*Astrocaryum malybo*). Grupo de Investigación en Palmas Silvestres Neotropicales. Instituto de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Colombia. 40 pp.

Marín M., Millán B., Kahn F. (2012). Anatomy and physicochemical properties of the chambira fiber. *Revista Peruana de Biología* 19(1), 3-9. ISSN: 1561-0837.

Robles, A., Raz, L., & Marquínez, X. (2016). Anatomía floral de *Peristethium leptostachyum* (Loranthaceae). *Revista de Biología Tropical*, 64(1), 357-368.

**COLECCIÓN DE LÍQUENES DEL HERBARIO ÁLVARO FERNÁNDEZ PÉREZ (AFP),
FUNDACIÓN UNIVERSITARIA DE POPAYÁN**

Vanessa Burbano Córdoba, Carlos Mario Gil Parada, Luis Gerardo Chilito López

Fundación Universitaria de Popayán. Correo electrónico:
luis.chilito@docente.fup.edu.co

Resumen

Se determinó la composición de líquenes del Herbario (AFP). Se revisó el material depositado en la colección y la base de datos. Posteriormente se actualizaron los nombres científicos y se determinó la composición en términos de riqueza, abundancia, hábitos, sustratos, determinadores, localidades de muestreo y proyectos asociados a las colectas.

Palabras Clave: Composición, Distribución, Herbario AFP, Líquenes.

Abstract

Herbarium lichen composition (AFP) was determined. The material deposited in the collection and the database was reviewed. Later, the scientific names were updated and the composition was determined in terms of richness, abundance, habits, substrates, determinants, sampling locations and projects associated with the collections.

Keywords: Composition, Distribution, Herbarium AFP, Lichens.

Introducción

Los herbarios son centros de investigación y conservación para el conocimiento de la biodiversidad. El Herbario Álvaro Fernández Pérez (AFP), cuenta más de 11000 ejemplares entre plantas, briófitos y líquenes (AFP, 2018) y se constituye en una herramienta para el estudio de la flora nacional, especialmente del suroccidente colombiano. Los líquenes, son organismos bioindicadores de la calidad del aire, formadores del suelo y pioneros en procesos de colonizar distintos ecosistemas. Con la investigación se buscó determinar el estado actual de la colección de líquenes, como fuente de importante de información de la liquenología del País y de la región.

Materiales y Métodos

Se tomó como referencia la colección de líquenes establecida por Chilito-López (2015) y se realizó la revisión de las etiquetas informativas de cada ejemplar. Posteriormente, se digitalizó una plantilla de Microsoft Excel (2016), anotando datos como, número de colección, jerarquía taxonómica, autor y fecha de identificación, descripción de cada muestra, forófito, color del talo, morfotipos (costroso, folioso, fruticoso, gelatinoso, etc.), sustrato (cortícota, terrestre), estructuras reproductivas asexuales (soredios, Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

isidios), sexuales (apotecios, peritecios, lirelas) y de adhesión (cilios, rizinas). Por último, se anexaron, datos de sitio de colecta, georreferenciación, ecosistema, colector, determinador, proyecto asociado y se relacionó la representatividad de la colección, en cuanto a su composición específica, áreas de colecta y determinadores reconocidos. Con la información extraída, se actualizaron los nombres científicos en las bases de datos virtuales de hongos de www.indexfungorum.org, www.mycobank.org (Robert et al. 2013) y el catálogo de plantas y líquenes de Colombia (Bernal et al. 2016).

Resultados y Discusión

Resultados arrojaron 359 ejemplares, con 334 determinados hasta Familia, 333 hasta género, 146 hasta especie y 25 indeterminadas. Así mismo, el Herbario AFP posee 34 familias, 72 géneros, distribuidos en 250 especies. Las familias más representativas fueron Parmeliaceae, Peltigeraceae, Graphidaceae, y Physciaceae. Los géneros más representativos por su riqueza y abundancia fueron *Sticta*, *Graphis*, *Lecanora*, *Leptogium* e *Hypotrachyna*. Predominan morfotipos costrosos y foliosos y los sustratos más representativos fueron los cortícolas. Lo anterior, debido, a que la gran cantidad de estudios realizados han sido enfocados con metodologías específicas de muestreos en forófitos hospederos de líquenes. Se destaca, el nuevo registro para el neotrópico de la especie *Graphis inversa* R.C. Harris (Lücking et al., 2009). Los ejemplares hacen parte de ecosistemas como páramo, bosque húmedo tropical, bosques andinos y parques urbanos, en departamentos de Cauca, Antioquia, Cundinamarca, Putumayo y Valle del Cauca. Mientras tanto, destacados investigadores han contribuido en la determinación del material, en especial, miembros del Grupo Colombiano de Liquenología (GCOL) y colaboradores internacionales. Finalmente, las colectas son producto de proyectos de aula y salidas de campo de la asignatura Sistemática y Ecología Vegetal I, trabajos de grado, proyectos de joven investigador y salidas de los Encuentros de GCOL.

Conclusión

La colección de líquenes del Herbario AFP, cuenta con información importante para distintos investigadores de la botánica y micología (hongos liquenizados), como insumo fundamental para desarrollo de estrategias encaminadas a la conservación de distintas áreas del suroccidente colombiano por medio de este grupo taxonómico.

Financiación y Agradecimientos

Docentes y estudiantes Programa de Ecología, Grupo Colombiano de Liquenología (GCOL)

Referencias

Bernal, R., Gradstein, R. & Celis, M. (eds.). (2015). Catálogo de plantas y líquenes de Colombia. Instituto de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá. Recuperado de: catalogoplantascolumbia.unal.edu.co

Chilito-López, L. G. (2015). Distribución y abundancia de líquenes corticícolas bajo influencia de condiciones micro climáticas en el Jardín Botánico de Popayán, Departamento del Cauca. (Tesis de pregrado). Programa de Ecología. Fundación Universitaria de Popayán.

Lücking, R. Archer, A. & Aptroot, A. 2009. A Word-wide key to the genus *Graphis* (Ostropales: Graphidaceae). En: *The Lichenologist* 41(4): 363-452.

CAPACIDAD GERMINATIVA DE SEMILLAS DE PLANTAS DEL PÁRAMO DE CUMBAL, NARIÑO.

Enríquez Paz Camila & Solarte Cruz María Elena

Grupo de Investigación Biología de páramos y Ecosistemas Andinos. Universidad de Nariño.
Correo electrónico: msolarte65@gmail.com

Resumen

Se caracterizaron semillas de 20 especies presentes en el páramo de Cumbal, 11 especies exhibieron germinación, siendo *Gaultheria erecta* la especie con el mayor porcentaje de germinación y *Diplostephium hartwegii* la del más bajo. Varias especies que no germinaron pueden presentar algún tipo de latencia o afectación natural o antrópica.

Introducción

Las semillas desempeñan un rol fundamental en la persistencia y dispersión de poblaciones de plantas y regeneración de ecosistemas. Estos procesos dependen de la capacidad de germinación y establecimiento de semillas, donde factores como la temperatura y la humedad generaran una señal de inicio o bloqueo fisiológico. En los ecosistemas de páramo las bajas temperaturas contribuyen a generar una menor tasa metabólica en el embrión y otros tejidos de la semilla, acción que las mantiene viables por largos periodos. Sin embargo, el cambio climático y el uso del suelo puede generar alteraciones en la capacidad germinativa de las semillas.

Metodología

El muestreo se llevó a cabo en el páramo de Cumbal, ubicado al suroccidente del departamento de Nariño, presenta un clima húmedo con fuertes vientos, bajas temperaturas y ocurrencia de heladas, a una altitud de 1600 msnm, se colectaron las semillas de 20 especies que se encontraban en etapa reproductiva, muestreando de tres a cuatro plantas semilleras de cada especie. Se llevo un registro fotográfico de los frutos y semillas, se pesaron 100 semillas y se tomaron las medidas morfológicas. Se montaron las pruebas de germinación en cámaras húmedas, con tres replicas por especie. Se utilizó un fotoperiodo natural de 12hr, a temperatura ambiente, la cual se registró con sensores. Se hizo un seguimiento diario para determinar el porcentaje de germinación, la velocidad de emergencia y el tiempo medio de germinación.

Resultados y Discusión

Los resultados obtenidos muestran que solo 11 de las 20 especies germinaron durante el periodo de estudio independientemente de su forma de crecimiento (Tabla 1), esto puede estar relacionado con diferentes mecanismos que las especies desarrollan para evitar la

competencia y lograr una adecuada captura de recursos. Se hallaron especies con bajos porcentajes y velocidad de germinación como *Hypericum laricifolium* y *Sisyrinchium convolutum*, y altos porcentajes y velocidad de germinación en especies como *Gaultheria erecta* y *Galium hypocarpium*. Se encontró una relación positiva entre el tamaño de la semilla y la capacidad germinativa, en la especie *Halenia weddelliana*, estas pueden ser más resistentes a la deshidratación en comparación con especies de semillas pequeñas como *Hypericum laricifolium*. Esto indica que semillas grandes tienden a incrementar su viabilidad, germinación y velocidad de emergencia. No obstante, las semillas de mayor tamaño pueden presentar limitaciones en su dispersión, mientras que las semillas pequeñas pueden formar bancos de semillas más grandes y evadir más exitosamente la depredación (Muller-Landau *et al.*, 2008). *Espeletia pycnophylla* no germinó, en este experimento, de acuerdo con lo reportado por Gallego (2014) para *Espeletia uribei*, esto se puede atribuir a factores relacionados con patógenos, insectos y a la presencia de embriones vacíos o abortados. Perez-Martinez *et al.*, (2014) en semillas alto-andinas y de páramo no se registró una disminución de la viabilidad respecto al tiempo de almacenamiento, por lo cual es de esperarse que la mayoría de estas semillas registren un comportamiento ortodoxo, subortodoxo o intermedio. Cabe resaltar que aspectos relacionados con la tolerancia a la deshidratación y con el tiempo de almacenamiento resultan importantes para determinar el tipo de semilla, por lo que es un aspecto a tener en cuenta en futuras investigaciones.

Conclusiones

Se encontraron variaciones en los mecanismos de germinación, tanto en el tamaño de las semillas como en el porcentaje, velocidad y tiempo medio de germinación. Conocer estos mecanismos puede apoyar procesos de conservación y regeneración de las especies, que dependerá de la información disponible de las poblaciones vegetales.

Tabla 1. Variables de germinación y morfológicas de las especies colectadas en el páramo de Cumbal

Especie	Forma de crecimiento	Porcentaje de germinación	Velocidad de germinación	Tiempo medio de germinación	Morfolología		
					Peso 100 (g)	Longitud (mm)	Grosor (mm)
<i>Calamagrostis effusa</i>	Graminoides	38,9	0,86	20,79	--	1,363	0,191
<i>Diplostephium hartwegii</i>	Arbusto	13,3	0,27	15,70	--	1,461	0,143
<i>Diplostephium schultzei</i>	Arbusto	77,8	1,90	13,08	0,015	2,029	0,221
<i>Galium hypocarpium</i>	Hierba	83,9	0,72	33,77	--	2,032	0,495
<i>Gaultheria erecta</i>	Arbusto	86,7	1,60	16,45	0,0047	0,747	0,174
<i>Gaultheria myrsinoides</i>	Arbusto	16,7	0,05	51,8	0,0048	0,647	0,102
<i>Halenia weddelliana</i>	Hierba	75,6	1,31	17,79	0,048	1,109	0,99
<i>Hypericum laricifolium</i>	Arbusto	1,1	0,01	62	0,001	0,679	0,115
<i>Lachemilla aphanoides</i>	Hierba	28,9	0,37	23,74	0,0145	1,339	0,424
<i>Sisyrinchium convolutum</i>	Hierba	5,0	0,02	66	0,0151	0,966	0,19
<i>Valeriana microphylla</i>	Arbusto	16,8	0,20	25,20	0,0097	1,061	0,503

Financiación, agradecimientos

Esta investigación forma parte del proyecto titulado “CAMBIO CLIMÁTICO Y PÁRAMOS DE NARIÑO: RESPUESTA ECOFISIOLÓGICA DE LAS PLANTAS AL INCREMENTO DE LA TEMPERATURA EN ÁREAS CON DIFERENTE HISTORIA DE USO DE SUELO” financiado por Colciencias convenio No. 80740-515-2019.

Agradecemos a todas las personas que forman parte de este proyecto y que han contribuido en las diferentes salidas de colección de semillas.

Referencias

Gallego, M. (2014). Oferta de semillas, germinabilidad y micrositios de establecimiento de *Espeletia uribei* cuatrec. 1978. en el Parque Nacional Natural Chingaza – Cundinamarca. Tesis de Maestría, Maestría en Ciencias-Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. Colombia.

Muller-Landau, HC, Wright, SJ, Calderón, O., Condit, R. y Hubbell, SP (2008). Variación interespecífica en la dispersión de semillas primarias en un bosque tropical. *Revista de Ecología* , 653-667.

Pérez-Martínez, L. V., Rodríguez, N. A., Melgarejo, L. M., & Vargas, R. O. (2014). Propagación por semilla de 13 especies de páramo. *Semillas de plantas de páramo: ecología y métodos de germinación aplicados a la restauración ecológica*. Bogotá. DC: Universidad Nacional de Colombia, 115-124.

RIQUEZA Y DISTRIBUCIÓN DE BRIÓFITOS EN UN BOSQUE SECO TROPICAL EN CÓRDOBA-COLOMBIA

Liliana Peñate Pacheco¹, Merly Yenedith Carrillo Fajardo², Jorge Enrique Gil Novoa³

^{1,2}Universidad de Córdoba, Grupo de Investigación BIODIVERSIDAD UNICÓRDOBA,

^{2,3}Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Grupo de Investigación Sistemática Biológico-SisBio

*E-mail: *lpenatepacheco@correo.unicordoba.edu.co.

Resumen

Se determinó la riqueza y distribución de briofitos en tres coberturas de un bosque seco tropical en Córdoba, utilizando tres transectos de 100 x 10m en cada cobertura. Se registraron 18 especies: 15 musgos y tres hepáticas. El sustrato con mayor incidencia es el epifito-corticola, seguido de tronco en descomposición.

Palabras clave: brioflora, sustrato, microclima.

Abstract

The richness and distribution of the bryophytes were determined in three covers of a tropical dry forest, using three 100 x 10m transects at each covers. 18 species were recorded: 15 mosses and three liver, the substrate with the highest incidence was epiphyte-corticola, followed by decomposing trunk.

KeyWords: Brioflora, sustrate, microclimate

Introducción

Los briófitos tienen gran valor en los ecosistemas, principalmente por su participación en procesos de regulación hídrica, reciclaje de nutrientes y control de la erosión. La transformación de las coberturas naturales, puede estar generando variaciones de las condiciones microambientales (luz y humedad, principalmente), que pueden influenciar cambios sobre la distribución, estructura y composición [1]. En este trabajo se presenta la posible influencia sobre la riqueza y distribución de briófitos de diferentes coberturas en un bosque seco tropical en una matriz agropecuaria.

Materiales y métodos

El estudio se realizó en la finca Las Palmeras (08°30'37.1"N - 076°06'12.9"W, Montería, Córdoba, Colombia). Los muestreos se realizaron en tres coberturas vegetales: bosque de galería (BG), vegetación secundario alto (VSA) y sistema silvopastoril (SSP). En cada una se registró la luminosidad y humedad relativa a través de una estación meteorológica Data Loggin Station Hobo U30, las mediciones se realizaron a las 9:00 am durante tres días consecutivos. Para la colecta de especies se realizaron tres

transectos de 100 x 10m y recorridos libres, con levantamientos en los sustratos epilíticos, epífita-cortícolas, suelos y materia orgánica en descomposición [2]. El muestreo de briofitos epífitos se realizó en las raíces emergentes, en la base del árbol (hasta 50 cm) y en el tronco hasta 2 m (zona 1 del forofito). Las muestras colectadas fueron identificadas mediante bibliografía como: Churchill y Linares (1995), Gradstein et al., (2001), Gradstein (2016), entre otros.

Resultados y discusión

Se registran 19 especies, 11 géneros y 8 familias (Tabla 1). Las familias con mayor número de especies son Fissidentaceae (8) y Lejeuneaceae (3). El género más representativo es Fissidens con ocho especies.

Las condiciones microclimáticas varían entre las coberturas, siendo SSP la que presenta mayor luminosidad (115.6) y menor humedad relativa (89.1%), por el contrario, VSA (25.6 y 95.6%) y BG (32.7 y 90.5%) representan las coberturas más húmedas y sombreadas. En este estudio, la riqueza de briofitos no varía significativamente entre las coberturas, esto se puede deber a que en hábitats transformados ocurre un reemplazo de briófitos sensibles a la desecación extrema (tolerantes a la sombra) por aquellas más resistentes a las variaciones ambientales (tolerantes al sol y generalistas) [3] y con mayor capacidad de adaptación a condiciones que exigen alta eficiencia hídrica expresada en rasgos que contribuyen a tolerar o evadir la sequía.

La mayor concentración de especies se presenta en la corteza de los árboles, principalmente sobre las raíces aflorantes, debido a que representan los hábitats más húmedos y sombreados para las epífitas, seguido de tronco en descomposición (10), epilítico (5) y suelo (4).

Tabla 1. Riqueza de briofitos en diferentes coberturas de un bosque seco tropical en Córdoba-Colombia.

ESPECIE	SSP	BG	VSA
<i>Lejeunea trinitensis</i> Linden	x	x	x
<i>Acrolejeunea emergens</i> (Mitt.) Steph.	x	x	x
<i>Lejeunea</i> sp. Lib.	x	x	x
<i>Frullania</i> sp. Raddi	-	x	x
<i>Fissidens streei</i> Grout.	-	x	-
<i>Fissidens zollingeri</i> Mont.	x	x	-
<i>Fissidens submarginatus</i> Bruch.	x	x	x
<i>Fissidens angustifolius</i> Sull.	-	x	x
<i>Fissidens crispus</i> Mont.	x	-	x
<i>Fissidens inaequalis</i> Mitt.	-	-	x
<i>Fissidens aff. curvatus</i>	x	x	x
<i>Fissidens dissitifolius</i> Sull.	x	x	x
<i>Octoblepharum albidum</i> Hedw.	-	x	-
<i>Calymperes palisotii</i> Schwägr.	x	x	x
<i>Hyophila involuta</i> (Hook.) A. Jaeger	x	-	x
<i>Bryum renaudii</i> Röhl.	x	-	-
<i>Eulacouphyllum culteliforme</i> (Sullivant) W.R Buck & Ireland	x	-	x
<i>Entodontopsis leucostega</i> (Brid.) W.R. Buck & Ireland	-	-	x
<i>Sematophyllum</i> sp. (Hedw.) Mitt	-	x	-
Nº total de especies	11	11	13

BG= bosque de galería, SSP= Sistema Silvopastoril, VSA= Vegetación Secundaria Alta.
X= Presencia - = Ausencia

Conclusión:

Las variaciones microclimáticas, producto de la transformación del bosque no influyen significativamente sobre la riqueza de briofitos ya que son especies adaptadas a estas condiciones. Por otra parte, la brioflora del bosque seco coloniza principalmente el sustrato epífita-cortícica, prefiriendo las zonas del árbol más húmedas y sombreadas.

Financiación y agradecimientos

Los autores agradecen a la Universidad de Córdoba, al Grupo de Investigación BIODIVERSIDAD UNICÓRDOBA, y al proyecto de Diversidad funcional en fragmentos de bosque seco tropical del departamento de Córdoba: Bases para la conservación y manejo de un ecosistema amenazado por su financiación.

Referencias

[1] Aguirre J, Rangel O. (2007). Amenazas a la conservación de las especies de musgos y líquenes en Colombia- una aproximación inicial. *Caldasia*, 29(2), 235–262.

[2] Rangel O. (2008). Colombia Diversidad biótica VI: Riqueza y diversidad de los musgos y líquenes en Colombia. (O. Rangel, Ed.). Bogota-colombia.

[3] Acebey A, Gradstein R, and Thorsten K. Species richness and habitat diversification of bryophytes in submontane rain forest and fallows of Bolivia." *Journal of tropical ecology*. 2003 [consultado 25 juL 2020]: 9-18. Disponible en: http://journals.cambridge.org/abstract_S026646740300302X

MORFOANATOMÍA DE *Espeletia standleyana* y *Espeletiopsis santanderensis* EN EL PÁRAMO DE GARCÍA PAMPLONA-COLOMBIA

Jimmy Reyes¹, Miguel Murcia¹, Fermín Rada²

¹Universidad de Pamplona. Correo electrónico: jimmyreyesvelasco@gmail.com

²Universidad de los andes, Merida

Resumen

Se comparó *Espeletia standleyana* y *Espeletiopsis santanderensis* en su anatomía, morfometría y biomasa foliar en el páramo de García-Pamplona (3350msnm), además se modeló la biomasa foliar en función de sus variables morfofisiológicas. Los resultados concuerdan con la segregación espacial ya que las especies se separaron en la morfometría y anatomía.

Palabras Clave: Anatomía Foliar, Área Foliar Específica, Biomasa foliar, Captura de Carbono, Índice de Área Foliar.

Abstract

Espeletia standleyana and *Espeletiopsis santanderensis* were compared in their anatomy, morphometry and foliar biomass in the García-Pamplona páramo (3350 msnm), in addition the leaf biomass was modeled according to their morphophysiological variables. The results agree with the spatial segregation since the species were separated in morphometry and anatomy.

Keywords: Carbon Capture, Leaf anatomy, Leaf Area Index, Leaf Biomass, Specific Leaf Area.

Introducción

En los Páramos las plantas se segregan en diferentes ámbitos para evitar la competencia por los recursos existentes en el ecosistema, así los componentes estructurales-funcionales de las poblaciones tienden a cambiar por el efecto que ejercen las variables ambientales a corta distancia provocadas por la heterogeneidad y la topografía del ecosistema de alta montaña, esto provoca que las especies tengan mecanismos adaptativos diferentes para asimilar los recursos existentes en determinado espacio[1]. Se hace necesario comparar y modelar las variables morfofisiológicas y poblacionales para explicar la segregación espacial de dos géneros contrastantes del páramo: *Espeletia standleyana* (E.s) y *Espeletiopsis santanderensis* (Es.s).

Materiales y Métodos

El muestreo se realizó en el páramo de García, municipio de Pamplona (N: 7°19'21" O: 72°39'30") a 3350 msnm: se escogieron aleatoriamente 30 individuos de *Espeletia standleyana* y *Espeletiopsis santanderensis* de diferente morfometría. Se les determinó la altura total (caule + roseta), el diámetro de la roseta, el largo y el ancho de hojas adultas y fotosintéticamente activas. El área foliar se estimó por tres métodos (la elipse, fotocopiado e ImageJ). Las hojas (N=60) se secaron en un horno a 55°C por 48 horas, para obtener el peso seco (g). Se tomaron muestras foliares y pedunculares para realizar cortes histológicos y registrar su anatomía. La relación peso seco y área foliar se estimó por regresión lineal y potencial. La biomasa foliar se explicó por regresión simple y múltiple [2].

Resultados y Discusión

La altura total, el diámetro de la roseta, el largo y ancho de las hojas (AH), el peso fresco y seco, el contenido de humedad y el índice de área foliar (IAF) fueron superiores en *Espeletia standleyana* (E.s) Manova, $p=2,6E-25$. Sin embargo, *Espeletiopsis santanderensis* (Es.s) exhibió mayor número de hojas (43 +/-19) que E.s (20 +/-7), lo cual explicaría la compensación en sus biomásas (g/m²): Es.s (351 +/-187) vs. E.s (406 +/-200). Asimismo, Es.s evidenció una mayor longitud (338,4 +/-74,1 μ m) y anchura en sus haces vasculares (229,7 +/-66,2 μ m) vs. E.s (153,2 +/-33,9; 90,6 +/-29,2 μ m). Las razones de cambio de los modelos del peso seco en función del área foliar fueron relativamente similares: E.s $y=0,0068x1,281 R^2=0,98$ ($p=1,2E-25$) y Es.s $y=0,016x1,128 R^2=0,89$ ($p=5,4E-15$). La biomasa se explicó diferencialmente: E.s = 220,8(IAF) + 39,8(AH) -163,9: $R^2=0,982$ ($p=3,8E-17$) y Es.s = 339,5(IAF) -25,5: $R^2 = 0,979$ ($p=4,7E-25$). Es.s exhibió mayores caracteres xeromórficos que E.s, lo cual explica su alta adaptabilidad a los Andes tropicales de Colombia [3].

Conclusión

Espeletia standleyana y *Espeletiopsis santanderensis* exhibieron comportamientos y tendencias altamente diferenciales que explican la segregación de sus nichos funcionales en los ámbitos anatómico, morfológico, fisiológico y ecológico.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos a la universidad de Pamplona por permitir utilizar las instalaciones para hacer las fases de laboratorio y a la bióloga Martha Ochoa por motivarnos a realizar este excelente trabajo.

Referencias

[1] Molles, M.C. & A.A. Sher (2019). Ecology: Concepts and Applications, Eighth Edition. McGraw-Hill Education. New York (572 pp).

[2] IBM Corp. Released (2019). IBM SPSS Statistics for Windows, Version 26.0. Armonk, NY: IBM Corp.

[3] Pouchon, C. et al. (2018). Phylogenomic Analysis of the Explosive Adaptive Radiation of the Espeletia Complex (Asteraceae) in the Tropical Andes. *Syst. Biol.* 67(6):1041–1060.

LIANAS DEL CARIBE COLOMBIANO: BIGNONIACEAE

Merly Yenedith Carrillo-Fajardo¹, Luis Alfonso Llanos-Banda², María Eugenia Morales-Puentes

¹Estudiante de Doctorado en Ciencias Biológicas y Ambientales, Grupo de Investigación Sistemática Biológica, Herbario UPTC, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Correo electrónico: merly.carrillo@uptc.edu.co

²Estudiante de Biología, Departamento de Biología, Grupo de Investigación Biodiversidad Unicórdoba, Universidad de Córdoba.

³Doctorado en Ciencias Biológicas y Ambientales, Grupo de Investigación Sistemática Biológica, Herbario UPTC, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

Resumen

Se presenta la línea base del conocimiento de las lianas de Bignoniaceae (Caribe colombiano), a partir del Catálogo de Plantas Nacional, colección virtual del Herbario Nacional-COL, artículos y otros insumos. Los resultados muestran la riqueza, distribución (altitudinal, ambientes, etc.) y el mapa de densidad de registros de especies amenazadas.

Palabras Clave: bejucos, mapa de calor, distribución.

Abstract

It presents the baseline of knowledge of the Bignoniaceae lianas (colombian Caribbean), from the National Plant Catalog, virtual collection of the National Herbarium-COL, articles and other inputs. The results show the richness, distribution (altitudinal, environments, etc.) and the heatmap of records of threatened species.

Keywords: woody vines, heatmap, distribution.

Introducción

Las lianas son componentes importantes de la estructura y función de los bosques tropicales y subtropicales; sin embargo, se evidencian vacíos de conocimiento (diversidad, interacciones planta-animal, etc.) dado que, son excluidas de los inventarios florísticos por la dificultad en el muestreo [1]. El Catálogo de Plantas de Colombia, es el listado de referencia y establece que Malpighiaceae (135-spp.), Bignoniaceae (100) y Fabaceae (83) son las familias de lianas mejor representadas a nivel nacional, y Bignoniaceae y Sapindaceae las más importantes del Zonobioma Tropical del Caribe. Se aporta a la línea base de las especies lianescentes de Bignoniaceae del Caribe colombiano

Materiales y Métodos

Los registros de las especies de lianas se tomaron del Catálogo de Plantas de Colombia [2]; posteriormente, se hizo la revisión de la colección virtual del Herbario Nacional Colombiano (COL), artículos científicos y bibliografía especializada, para complementar la información (altitudes, fecha de colección, categoría de amenaza, etc.). La verificación de los nombres se realizó a través de The International Plants Name Index (<http://www.ipni.org>) y The Plant List (<http://theplantlist.org>). Se estimó la riqueza a nivel de géneros y especies, y se estableció la distribución altitudinal, también se elaboró un mapa de calor (QGIS 3.10, radio 0.5°, pixel 12 m) para la identificación de la densidad y distribución a nivel nacional de las especies amenazadas a partir de los registros de las mismas.

Resultados y Discusión

Las lianas (Bignoniaceae) del Caribe cuentan con 13 géneros y 41 especies. Representan el 91% de las lianas del orden Lamiales en la región. *Fridericia* es el género más rico (9-spp.), seguido de *Bignonia* (8), *Anemopaegna* y *Tanaecium* (4c/u). *T. tetragonolobum* es el registro más bajo (5msnm) y *B. pterocalyx*, el más alto (1820 m). *B. aequinoctialis* (31-1200m), *B. pterocalyx* (57-1820m), *Dolichandra unguis-cati* (44-1400m), *Amphilophium crucigerum* (76-1600m), *A. paniculatum* (30-1600m) y *Lundia corymbifera* (36-1300m) cubren diferentes ambientes: planicie (0-100m), colinas, serranías y media montaña (100-1000m), y subandino cordillerano (1000-3200m) [3]. Hay registros exclusivos: *F. florida* y *Mansoa standleyi* (Magdalena); *F. schumanniana* y *B. corymbosa* (Córdoba); *B. hyacinthina* y *A. karstenii* (Cesar); *B. cuneata* y *D. quadrivalvis* (Atlántico) y *T. crucigerum* (Bolívar); con distribución amplia, *D. unguis-cati* (8-departamentos), *F. pubescens* (7), *A. orbiculatum*, *A. paniculatum*, *F. dichotoma* y *A. inundatum* (5). 19 especies están en LC-Preocupación menor (Nacional), cuatro Casi Amenazadas-NT; *A. inundatum* Vulnerable-VU (Regional) por distribución muy reducida y pérdida de hábitat. La figura 1, muestra mayor densidad de registros en Caribe, Pacífica y Andina, y baja en Amazonia-Orinoquia, puede ser falta de exploraciones, restricciones ambientales, u otros.

Conclusión

Esta revisión es línea base para consolidar el conocimiento de las lianas (Bignoniaceae) del Caribe colombiano y la espacialización de la distribución de las especies amenazadas, es útil para proyectar investigaciones a nivel poblacional que favorezcan el entendimiento de su estado actual a escala nacional.

Financiación y Agradecimientos

A la Dirección de Investigación y Extensión de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia por la financiación. Al Grupo de Investigación Sistemática Biológica-

Herbario UPTC por el apoyo del equipo de trabajo. A Carlos Vidal-Pastrana por la edición del mapa.

Referencias

[1] Schnitzer, S.A., Rutishauser, S. Aguilar, S. Supplemental protocol for lianas censuses. *Forest Ecol Manag.* 2008; 255:1044–9.

[2] Bernal, R., Grandstein, R.S., Celis, M. Eds. Catálogo de Plantas y líquenes de Colombia. Primera edición. Bogotá. Universidad Nacional de Colombia (Sede Bogotá), Facultad de Ciencias, Instituto de Ciencias Naturales. 2016.

[3] Rangel-Ch., O., Carvajal-Cogollo., J. Rivera-Díaz, O. Amenazas a la biota (Vegetación, Fauna, Flora, Ecosistemas). En: Rangel. Eds. Bogotá Colombia Diversidad Biótica XIII: Media y baja montaña de la Serranía de Perijá. Bogotá: Códice, 2009. 551-572.

CARACTERIZACIÓN ANATÓMICA DEL FRUTO *Sechium edule* ECOTIPO VERDE CLARO LISO

Clara María Mejía-Doria¹, Ángela María Morales-Trujillo², Rocío Stella Suárez-Román³

¹²³Centro de Estudios e Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (CIBUQ),

¹Grupo de Investigación: Agroindustria de Frutas Tropicales,

²³Grupo de Investigación en Biodiversidad y Biotecnología (GIBUQ), Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Apdo. Postal 2639 Armenia, Quindío, Colombia

*e-mail: cmmejia@uniquindio.edu.co

Resumen

La morfología del fruto de la especie *Sechium edule*, presenta diferentes características según el ecotipo. En este trabajo se realiza la caracterización morfo-anatómica del fruto de *S. edule*, ecotipo verde claro liso, especie con gran potencialidad como matriz vegetal, empleando la pulpa para la formulación de nuevos productos alimenticios con características funcionales.

Palabras clave: cidra, morfo-anatomía, ecotipo.

Abstract

The morphology of the fruit of the *Sechium edule* species presents different characteristics depending on the ecotype. In this work, the morfo-anatomical characterization of the fruit of *S. edule*, smooth light green ecotype, a species with great potential as a plant matrix, using the pulp for the formulation of new food products with functional characteristics, is carried out.

Key words: Cidra, morfo-anatomy, ecotype.

Introducción

Sechium edule (cidra, cidrapapa o guatila), especie de la familia Cucurbitaceae; presenta siete ecotipos, reportados entre 1500 a 3000 m.s.n.m. La morfología del fruto varía según el ecotipo en cuanto a forma y tamaño (aovada, globosa, ovoide, subovoide o periforme), ornamentación de la cutícula (lisa, espinas, surcos longitudinales y filas de lenticelas) y color; facilitando su categorización como verde claro liso, verde espinoso, yema de huevo, amarillo liso, amarillo espinoso; blanco liso; negro sin espinas. Dada esta variabilidad, se describe la estructura anatómica del fruto de cidra ecotipo verde claro liso, para establecer relaciones en el proceso de transformación agroindustrial.

Materiales y métodos

Se colectaron veinte frutos de *S. edule*, ecotipo verde claro liso, en el Jardín Botánico de la Universidad del Quindío. Los frutos se seleccionaron teniendo en cuenta su tamaño. La descripción morfo-anatómica, se basó en las mediciones de: a. longitud, b. diámetro del fruto, c. largo de la semilla, d. ancho de la semilla, e. largo del endocarpio, f. espesor del endocarpio, g. mesocarpio [2]; la forma se describió en la sección longitudinal y horizontal. En cuanto a los cortes (transversales y longitudinales), se utilizó la técnica de mano alzada y raspado. Las estructuras se observaron en un microscopio óptico Axiostar Plus, ZEISS®, se fotografiaron con una cámara profesional Canon EOS Rebel T3i y se midieron con el programa Image-Pro Plus Analyzer 7.0 de MediaCybernetics.

Resultados y discusión

El fruto de *S. edule* ecotipo verde claro liso, tiene forma periforme en la sección longitudinal e irregular en la sección horizontal, con lenticelas y escasas espinas en la base y el ápice; tamaño aproximado de 10.0-14.7 x 7.7-9.9 cm, peso promedio de 380g; la longitud del mesocarpio fue 2-3 cm, mientras que el endocarpio oscila entre 8-13 x 58-97 mm; la semilla mide 34-49 x 19-29 mm. Resultados similares fueron descritos para frutos de diferentes procedencias [2].

El epicarpo está conformado por epidermis uniestratificada con células isodiamétricas de 10.7-25.8 μm de diámetro, cristales romboédricos y drusas, abundantes tricomas glandulares pluricelulares y algunos simples; estomas ciclocíticos [3]. El mesocarpio verde claro, está formado de parénquima de reserva con células de forma irregular a pentagonales o isodiamétricas, abundantes. El endocarpio, es un tejido compacto de parénquima de forma ovada que se estrecha hacia la base del fruto y aerénquima en la base del fruto. Semilla blanquecina, lustrosa, aplanada, de 33.94-49.20 x 19.32-28.80 mm, ubicada en una cavidad fibrosa compuesta por células rectangulares alargadas; cubierta seminal con estomas en formación. Este análisis permite determinar la geometría del mesocarpio (cubos, láminas o paralelepípedos) que favorezca los fenómenos de transferencia para la incorporación de compuestos bioactivos que permiten el diseño de alimentos con potencial funcional [1].

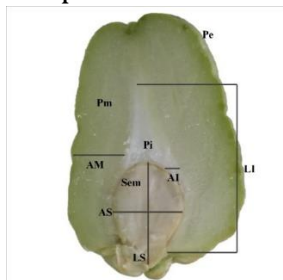


Figura 1. Corte longitudinal del fruto de *S. edule* (Cucurbitaceae), ecotipo verde claro liso. Referencias: AF, ancho del fruto; AI, ancho parte interna del fruto; AM, ancho parte media del fruto; AS, ancho de la semilla; LF, longitud del fruto; LI, largo parte interna del fruto; LS, largo de la semilla; Pe, parte externa; Pi, parte interna; Pm, parte media; Sem, semilla.

Conclusión

La descripción morfo-anatómica del fruto de cidra ecotipo verde liso, permite ampliar la información sobre trabajos realizados para esta especie, haciendo referencia al ecotipo que se comercializa principalmente en Colombia y contribuye a comprender su estructura para determinar la forma de adecuación de la matriz para elaborar productos alimenticios.

Financiación y agradecimientos

Las investigadoras agradecen al Centro de Estudios e Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología – CIBUQ y a los grupos de investigación Agroindustria de Frutas Tropicales y Grupo de Investigación en Biodiversidad y Biotecnología (GIBUQ) de la Universidad del Quindío por el apoyo logístico.

Referencias

- [1] Obando-Mejía, FF, Mejía-Doria, CM, Duque-Cifuentes, AL. (2020). Fortification of the *Sechium edule* (Jacq.) Sw. chayote biological matrix with *Lactobacillus casei* and Flavored with *Passiflora edulis* L. passion fruit. DYNA, 87(212): 236-243 January - March, 2020
- [2] Castro Rodríguez, JM, Toledo Díaz, AM, Rodríguez Galdón, B, Perdomo Molina, A, Rodríguez-Rodríguez, EM, Díaz Romero, C. (2015). Caracterización morfológica y composición química de chayotas (*Sechium edule*) cultivadas en las Islas Canarias (España). Arch. Latinoam. Nutr., 65(4): 243-253.
- [3] Cadena-Iñiguez, Soto-Hernández, MS, Arévalo-Galarza, L, Avendaño Arrazate, CH, Aguirre Medina, JF, Ruiz Posadas, LM. (2011). Caracterización bioquímica de variedades domesticadas de chayote *Sechium edule* (Jacq.) Sw. comparadas con parientes silvestres. Rev. Chapingo Ser. Hortic [online], 17(SPE2):45-55.

EFFECTOS DE LA LUZ EN LA GERMINACIÓN DE SEMILLAS EN ESPECIES DE PÁRAMO

Tannia Revelo, Fagua Alvarez.

Universidad Nacional de Colombia. Laboratorio de Fisiología y Bioquímica Vegetal. Departamento de Biología. Sede Bogotá. Correo electrónico: tmrevelol@unal.edu.co

Resumen

Se evaluó la germinación de semillas de *Escallonia myrtilloides*(EM), *Orthrosanthus chimboracensis*(OC) y *Pernettya* sp(P), bajo diferentes tratamientos de luz (Luz12: oscuridad12, azul, rojo, rojo lejano, UV) en condiciones de laboratorio; hubo inhibición de la germinación en todos los casos tratados con UV y mayor porcentaje de germinación con Luz12: oscuridad12.

Palabras Clave: Germinación, fitocromo, páramo, UV.

Abstract

The germination of seeds of *Escallonia myrtilloides* (MS), *Orthrosanthus chimboracensis* (OC) and *Pernettya* sp (P) was evaluated under different light treatments (Light12: dark12, blue, red, far red, UV) in laboratory conditions; there was germination inhibition in all cases treated with UV and higher percentage of germination with Light12: dark12.

Keywords: Germination, phytochrome, paramo, UV.

Introducción

El proceso de germinación es vital en el ciclo de vida de las plantas, pues es donde inicialmente la semilla inicia su dispersión, expansión a nuevos territorios, supervivencia, mantenimiento del germoplasma, entre otras dinámicas; este está constituido por varias fases donde factores internos como la calidad del tejido de reserva, el tipo de dormancia, la viabilidad o factores externos como disponibilidad de agua, temperatura y el tipo de luz, son condiciones que lo influyen fuertemente y es ahí donde gracias a la respuesta de los múltiples receptores de luz como fitocromos, criptocromos, fototropinas, entre otros, pueden inhibir o inducir este proceso [1].

Materiales y Métodos

Se evaluó la germinación de semillas bajo diferentes tratamientos de luz en condiciones de laboratorio de tres especies (*E. myrtilloides*, *O. chimboracensis* y *Pernettya* sp.) colectadas en el complejo lagunar Chisacá-Los Tunjos. Las semillas fueron sometidas a 6 tratamientos de luz (Luz12:Oscuridad12, oscuridad, rojo(660nm), azul(470nm), rojo

lejano(740nm) y UV(340nm). Las irradiaciones de luz rojo, azul, rojo lejano y UV se realizaron por 120 min cada 5 días durante un mes, se realizaron 5 réplicas en cajas Petri y papel filtro con 20 semillas cada una por especie en cada tratamiento y se efectuaron conteos diarios en oscuridad con luz verde de seguridad. La iluminancia y la radiación espectral producida por la luminaria fueron medidas en el laboratorio de Ensayos Eléctricos (LABE) de la Universidad Nacional de Colombia, por medio de un luxómetro (Iluminance meter T-10A Konica minolta) y un espectrómetro (Sp- 200 ORB Optronix).

Resultados y Discusión

Las especies evaluadas se las puede considerar como fotoblásticamente positivas, pues su germinación fue estimulada por la luz e inhibida en condiciones de oscuridad (Figura 1); el tratamiento Luz12: oscuridad12 fue el más óptimo, pues fue el que presentó un menor tiempo, mayor porcentaje y velocidad de germinación en todas las especies. Por otro lado, para la especie *E. myrtilloides* el tratamiento con luz roja indujo un mayor número de semillas germinadas, caso contrario ocurrió en el tratamiento con rojo lejano para las especies *O. chimboracensis* y *E. myrtilloides* pues se revirtió el efecto, disminuyendo sus porcentajes germinación; para la especie *Pernettya* sp., el tratamiento rojo lejano estimuló más su germinación que el tratamiento con luz roja [1]. También, se evidenció que la irradiación UV inhibió la germinación para todas las especies, lo cual se puede considerar como un factor limitante para la germinación de estas especies de páramo las cuales debido al aumento y las fuertes radiaciones que se presentan en estos ecosistemas, este factor puede estar influyendo en su supervivencia y establecimiento y es ahí donde este tipo de estudios se hacen de suma importancia para entender como las especies responden a los cambios en la calidad de la luz y como este aspecto puede relacionarse con otros factores ecológicos [2,3].

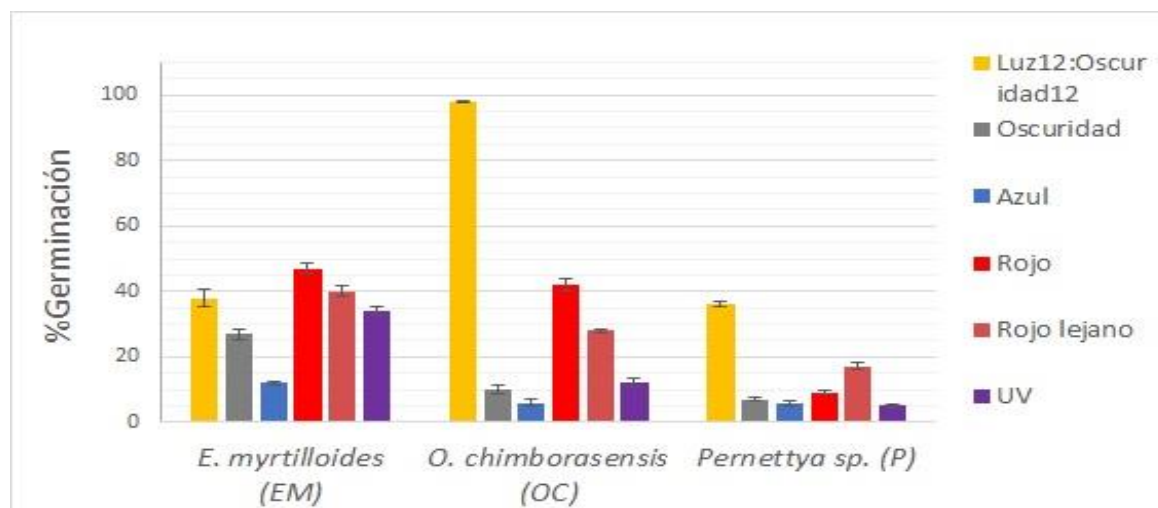


Figura 1. Resultados de germinación de las especies *E. myrtilloides*, *O. chimboracensis* y *Pernettya* sp., bajo diferentes tratamientos de luz.

Conclusión

El conocimiento frente a la fisiología de semillas de especies altoandinas, en relación con diferentes condiciones de luz, ha sido poco estudiado en Colombia y se convierte en un aspecto importante para entender como los efectos de cambio climático como el aumento de la radiación UV puede afectar su germinación.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos al laboratorio de Fisiología y Bioquímica Vegetal y al laboratorio de Cultivo de Tejidos del Departamento de Biología de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá y al Laboratorio de Ensayos Eléctricos (LABE) de la facultad de ingeniería, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

Referencias

1. Baskin CC, Baskin JM. (2014). *Seeds Ecology, Biogeography, and Evolution of Dormancy and Germination*. Second Edition. San Diego, USA: Academic Press/Elsevier.
2. Vargas, O & Pérez- Martínez, L.V. (2014). *Semillas de plantas de paramo: ecología y métodos de germinación aplicados a la restauración ecológica*. Grupo de restauración ecológica. Universidad nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
3. Foroughbakhch-Pournavab, R., Bacópulos-Mejía, E., & Benavides-Mendoza, A. (2015). Efecto de la irradiación con UV-C en la germinación y vigor de tres especies vegetales. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 2(5), 129-137.

PERFIL CROMATOGRÁFICO DE COMPUESTOS MAYORITARIOS EN CLONES COLOMBIANOS DE *Theobroma cacao* L.

Alfredo Torres-Benítez^{1,2}, Juan Guillermo Borja³, Angélica Sandoval³, Mario Simirgiotis¹, Olimpo García-Beltrán²

¹Instituto de Farmacia, Universidad Austral de Chile, Valdivia 5090000, Chile;

²Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad de Ibagué, Carrera 22 Calle 67, Ibagué 73002, Colombia. Correo electrónico: aljotobe19@hotmail.com

³Programa de Ingeniería Agroindustrial, Facultad de Ingeniería Agronómica, Universidad del Tolima, Ibagué 730001, Colombia

Resumen

Este estudio identificó mediante la técnica de ultra cromatografía líquida de alta resolución (UHPLC) la presencia de compuestos mayoritarios en los clones de cacao colombiano CCN-51 y FSV-41. Se encontraron perfiles similares entre los clones y ajustados con los reportes de diversas variedades latinoamericanas.

Palabras Clave: Cacao, semillas, extracto, UHPLC, compuestos fenólicos, xantina.

Abstract

This study identified through the technique of high-performance liquid chromatography (UHPLC) the presence of major compounds in the Colombian cocoa clones CCN-51 and FSV-41. Similar profiles were found among the clones and adjusted with the reports of diverse Latin American varieties.

Keywords: Cocoa, seeds, extract, UHPLC, phenolic compounds, xanthine.

Introducción

El cacao (*Theobroma cacao* L.) es una planta con alta diversidad de compuestos bioactivos, especialmente de tipo fenólico entre los cuales se encuentran flavanoles monoméricos-oligoméricos y metilxantinas que presentan potencial antioxidante ampliamente documentado y efectos farmacológicos en modelos biológicos de diversas patologías [1]. El estudio de los diversos clones de cacao a través de metodologías robustas de identificación y cuantificación de metabolitos de interés, permite la planificación de nuevos focos de bioprospección en cuanto a sistemas de extracción y aislamiento, al igual que potencia estrategias biotecnológicas para su mejoramiento genético, aprovechamiento agrícola y/o industrial [2].

Materiales y Métodos

Se obtuvieron extractos acuosos de semillas de los clones CCN-51 y FSV-41 de cacao. El análisis cromatográfico se realizó en un equipo de cromatografía líquida de ultra alta

resolución (UHPLC) acoplado a un detector con arreglo de diodos (DAD). Se utilizó una temperatura de 30 °C con una columna C18 en fase reversa. Las fases móviles fueron ácido acético al 0,5% (A) y metanol (B) con el siguiente gradiente lineal: 0 min-0% B, 10 min-20% B, 15 min-25% B, 25 min-35% B, 35 min-39% B, 70 min-60% B, 75 min-70% B, 78 min-80% B, 80 min-100% B, 82 min-0% B. Las condiciones de equilibrio se mantuvieron durante 15 minutos, el volumen de inyección fue de 1 mL, un flujo continuo de 15 mL/min y monitoreo con UV-Vis (280 nm). Los compuestos mayoritarios se identificaron comparando los tiempos de retención y datos espectrales de estándares, así como la revisión de literatura.

Resultados y Discusión

En los perfiles cromatográficos de los extractos de semillas de los clones CCN-51 y FSV-41 de cacao, se identificaron los siguientes siete compuestos. 1 - cafeína, 2 - epigallocatequina, 3 - galato de epigallocatequina, 4 - epicatequina, 5 - teobromina, 6 - procianidina B2 y 7 - catequina (Figura 1). En estos perfiles se observó una presencia, distribución y tiempos de retención de los compuestos similares para ambos clones. En cuanto a metilxantinas, teobromina presentó una abundancia similar en ambos clones, sin embargo, los niveles de cafeína fueron significativamente mayores en el clon CCN-51. Los flavanoles monoméricos como catequinas, epicatequinas y derivados, constituyeron la mayor riqueza química en los clones, los cuales son reportados en las variedades de cacao colombiano con patrones variables en sus perfiles cromatográficos [2]. El flavanol oligomérico procianidina B2 se encontró en ambos clones con abundancias menores frente a los demás compuestos. En general, la cafeína, teobromina y catequinas representaron los compuestos con mayor contenido en los extractos evaluados; de igual forma, en otros clones colombianos de cacao [3], estos compuestos han sido identificados y potencialmente evaluados para múltiples actividades biológicas.

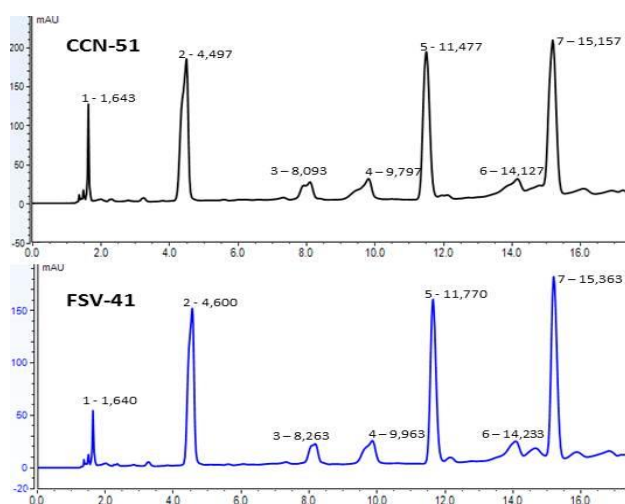


Figura 1. Figura 1. Perfiles cromatográficos de los extractos acuosos de los clones colombianos CCN-51 Y FSV-41 de *T. cacao*.

Conclusión

Los cromatogramas de extractos acuosos de semillas de los clones CCN-51 y FSV-41 de cacao evidencian la presencia y abundancia similar de compuestos mayoritarios, mediante el uso de la técnica instrumental de UHPLC por su reproducibilidad y alta calidad en la identificación y cuantificación de metabolitos secundarios de especies vegetales.

Financiación y Agradecimientos

Al Programa Ecosistema Científico-Colombia Científica del Fondo Francisco José de Caldas, Proyecto RC-FP44842-212-2018. Al proyecto FONDECYT 1180059 Chile. Al proyecto Innovación tecnológica en cacao andino FONTAGRO ATN-RF 16109-RG.

Referencias

- [1] Cádiz-Gurrea ML, Lozano-Sanchez J, Contreras-Gómez M, Legeai-Mallet L, Fernández-Arroyo S, Segura-Carretero A. (2014). Isolation, comprehensive characterization and antioxidant activities of *Theobroma cacao* extract. *Journal of Functional Foods*, 10: 485-498.
- [2] Cala M, Vásquez A, García A, Martínez JR, Stashenko E. (2011). Estudio comparativo por electroforesis capilar y cromatografía líquida de alta eficiencia de catequinas extraídas de cinco variedades de cacao colombiano. *Rev. Acad. Colomb. Cienc.*, 35, 371-379.
- [3] Sotelo L, Alvis A, Arrázola G. (2015). Evaluación de epicatequina, teobromina y cafeína en cáscaras de cacao (*Theobroma cacao* L.), determinación de su capacidad antioxidante. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 9: 124-134.

PONENCIAS CIENCIAS AGROPECUARIAS

PECTINAS DEL FRUTO DE LA ESPECIE *Passiflora tarminiana* (CURUBA INDIA)

Maira Vanessa Covaleda Cabrera, Andres Felipe Barbosa Yasnó, Jhon Fredy Castañeda Gómez, Luis Javier Narváez Zamora

Grupo Químico de Investigación y Desarrollo Ambiental, Semillero de investigación en Química, Lic. Ciencias Naturales y Educación Ambiental, Universidad Surcolombiana, Neiva-Huila. Correos electrónicos: u20161147983@usco.edu.co, u20161147237@usco.edu.co, jhon.castaneda@usco.edu.co, ljnz47@usco.edu.co

Resumen

Passiflora tarminiana o Curuba india, es una fruta silvestre que se distribuye en la zona andina de Colombia y es usada por sus propiedades antidiabéticas y ansiolíticas. Este estudio permitió la extracción de las pectinas de cascara y pulpa de su fruto y su caracterización química mediante cromatografía de gases.

Palabras Clave: *Passiflora*, Curuba india, pectinas.

Abstract

Passiflora tarminiana or Indian Curuba, is a wild fruit that is distributed in the Andean zone of Colombia and is used for its antidiabetic and anxiolytic properties. This study allowed the extraction of the pectin peel and pulp of its fruit and its chemical characterization by gas chromatography.

Keywords: *Passiflora*, pectins, extractions.

Introducción

Estudios han demostrado que la fibra dietética de frutas tiene efectos positivos en el tratamiento de enfermedades como la hiperlipidemia, diabetes y ciertos cánceres. La especie *Passiflora tarminiana* o curuba india es difundida en la zona andina del departamento de Nariño. Se adapta a una amplia gama de elevaciones en comparación con otras, principalmente en regiones tropicales y subtropicales siendo una especie silvestre. Este proyecto determina la metodología más óptima para la extracción de pectinas de esta especie. Adicionalmente, se identificó su tipo presente en la cáscara y pulpa mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas [1].

Materiales y Métodos

15 Kg de Curuba india, se colectaron en el municipio de Teruel (Huila). La cascara se separó de la pulpa y luego trozos pequeños de aproximadamente 3 mm, se colocaron en un beaker con agua destilada en proporciones 1:3, temperatura de 90°C durante 15 minutos por tres repeticiones. Las muestras se filtraron con linillo. El material vegetal

permaneció en reposo por 24 horas en etanol, se secó a 60°C, pesó, y pulverizó. Finalmente, 25 g de muestra seca y molida proceden a la hidrólisis ácida (HCl 0.003 N, pH 2), bajo reflujo con agitación, hasta una temperatura de 90°C durante 75 minutos; luego, se filtró y enfrió para minimizar la degradación por el calor. A la solución péctica se agregó etanol al 98% para precipitarla, dejándola en reposo por una hora. La pectina flotante se filtró, lavó con etanol de 95° y secó a 40°C hasta obtener peso constante [2].

Resultados y Discusión

Durante la selección del material vegetal para la extracción se empleó el albedo y la pulpa. Después del secado, se obtuvieron 68,20 g de cascara y 19,51 g de pulpa. Después de la extracción con ácido, se logró evidenciar que el albedo permitió un mayor rendimiento de la pectina, determinando una ruta óptima para la extracción de la fibra de la *Passiflora tarminiana*. Las pectinas fueron caracterizadas por cromatografía de gases y se logró determinar que algunas están constituidas por pocos grupos metoxilo en las cuales menos del 50% de los grupos hidroxilo están esterificados con etanol y cationes divalentes, de manera que se formen enlaces de dichos cationes con moléculas de pectina; los geles se pueden obtener entre pH 1 a 7 y pueden fluctuar entre 0 y 80%. Para las de alto metoxilo más del 50% de los grupos carboxilos se encuentran esterificados con etanol, influyendo directamente en su grado de esterificación, mayor es la temperatura de gelificación. Su gelificación se da a pH entre 2.8 y 3.5 y un contenido de sólidos (azúcar) de 65% [3].

Conclusión

La especie *Passiflora tarminiana* solo se ha encontrado de manera silvestre. Se empleó la cáscara y la pulpa de esta fruta para la producción de pectina. La cascara contiene mayor cantidad. Para mayor rendimiento, los procesos deben ser estrictos como lo plantea la metodología empleada.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad Surcolombiana por el financiamiento del proyecto (N° 3305) a través de la convocatoria de trabajos de grado.

Referencias

[1] Baratto, L. C., Hohlemwenger, S. V., Guedes, M. L. S., Duarte, M. R., & Santos, C. A. (2010). *Himatanthus lancifolius* (Müll. Arg.) Woodson, Apocynaceae: estudio farmacobotánico de una planta medicinal da Farmacopeia Brasileira, 1ª edição. Rev Bras Farmacog. Pp. 651-658.

[2] Ardila, S. F. (2007). Pectinas: Aislamiento, caracterización y producción a partir de frutas tropicales y de los residuos de su procesamiento industrial. Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias, Departamento de Farmacia.

[3] Axelos, Garnier, Thibault, & Renard, (1996). Interactions of pectins with multivalent cations: Phase diagrams and polymer conformation. *Pectins and Pectinases, Progress in Biotechnology*. Pp. 14, 35–45.

ACTIVIDAD FUNGICIDA IN VITRO DE ACEITES ESENCIALES PROVENIENTES DE ESPECIES DEL GENERO PIPER CONTRA EL *Fusarium solani*

Flor Palacio, Barbara Arroyo, Beatriz Jaramillo

Universidad de Cartagena. Correo electrónico: fpalacioh@unicartagena.edu.co

Resumen

El género *Fusarium solani*, se caracteriza por su gran variedad genética, amplia abundancia en ecosistemas naturales, éste causa enfermedades en plantas frutales, tales como, mango, aguacate, naranja, melón, entre otros. Los frutos infectados se convierten en hospederos de toxinas capaces de provocar impacto en la salud humana y animales.

Palabras Clave: Fitopatógenos, fungicidas, aceites esenciales, Piper, *Fusarium*.

Abstract

The genus *Fusarium solani* is characterized by its great genetic variety, wide abundance in natural ecosystems, it causes diseases in fruit plants, such as mango, avocado, orange, melon, among others. The infected fruits become hosts for toxins capable of causing an impact on human and animal health.

Keywords: Phytopathogens, fungicides, essential oils, Piper, *Fusarium*.

Introducción

El *Fusarium* es reconocido como uno de los hongos fitopatógenos más importantes, por su presencia en diversos cultivos, y por la acción de sus metabolitos secundarios, los cuales ocasionan graves problemas de salud pública, por su toxicidad; por esta razón, es necesario el uso intensivo de químicos para su tratamiento, esto ha generado resistencia a fungicidas de origen sintético. (Dallé Rosa et al, 2018). Lo que ha impulsado la búsqueda de productos naturales con actividad antifúngica, entre ellos se encuentran los aceites esenciales, extraídos de plantas aromáticas. Las plantas del género *Piper* han mostrado diferentes actividades biológicas.

Materiales y Métodos

Los aceites esenciales se extrajeron de hojas y tallos provenientes de las especies vegetales en estudio, esta se realizó por la técnica de hidrodestilación; la separación e identificación de componentes químicos presentes en las plantas se hizo mediante la cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas. Para obtener el microorganismo para dicho estudio, se aisló a partir de las frutas (mango y aguacate) contaminados por el *Fusarium*, las frutas contagiadas se escogieron por sus notables lesiones físicas en la concha y en la pulpa; su identificación se realizó por un análisis de

PCR. La evaluación de la actividad antimicrobiana de los aceites esenciales; Se midió el crecimiento micelial del hongo sembrado con 11 días de incubación, se calcularon las concentraciones inhibitorias y se evaluó la inhibición de la esporulación, los ensayos a nivel microbiológicos se realizaron por quintuplicado (Delgado, 2016; Singha et al, 2016).

Resultados y Discusión

Los principales compuestos encontrados fueron los siguientes: Piper hispidum: D-Limoneno (17.21%), p-cimeno (10.91%), 3-careno (9.6%), Y-elemeno (7.3%), (-)-espatuneol (6.08%); Piper marginatum: α -pineno (17.56%), β -pineno (12.88%), Cariofileno (7.95%), Linanool (4.84%); Piper Peltatum: Oxido de cariofileno (50.6%), Trans-calameneno (10.93%), α -pineno (9.11%), a-cubeno (7.11%), Cariofileno (7.11%); Piper auritum: (+)-viridiforol (8.96%), a-pineno (6.26%), y-gurjuneno (5.73%), terpinoleno (5.68%); estos son los componentes principales de las especies vegetales en estudio. Los aceites esenciales provenientes de la P. hispidum y la P.auritum mostraron importante comportamiento antimicrobiano frente al hongo estudiado, obteniendo un porcentaje de inhibición micelial a la concentración de 150 ppm (28.43% \pm 0.40), a 200ppm (33.54% \pm 0.25) y su porcentaje de inhibición mas alto lo presento en la concentración de 300ppm (60.78% \pm 0.60); mientras que para la P. Auritum a partir de la concentración de 100ppm obtuvo una inhibición de (43.76% \pm 0.34) y en su concentración más alta fue 300ppm obtuvo (69.58% \pm 0.40). Entre los valores de las concentraciones máxima y mínima de inhibición se encuentran en el rango de (100-250) mg / L.

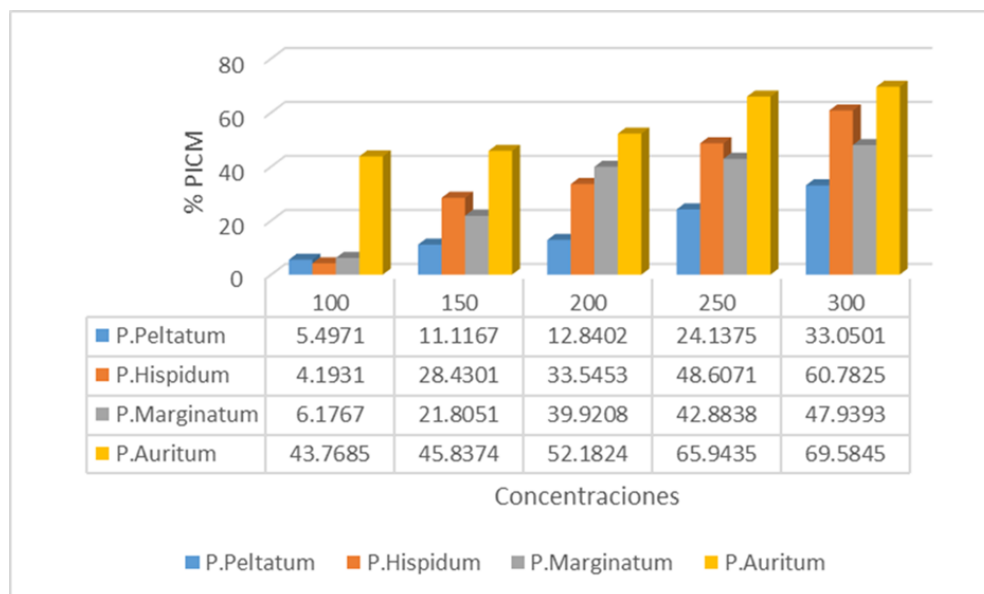


Figura 1.

Conclusión

La presente investigación sobre la actividad antifúngica de los aceites esenciales derivados de la especie Piper, demuestra que estos aceites podrían utilizarse como agentes naturales contra los fitopatógenos que afecten los cultivos frutales de postcosecha. Convirtiéndose en una solución un poco más amigable con el medio ambiente.

Financiación y Agradecimientos

Universidad de Cartagena, Grupo de Investigaciones Agroquímicas.

Referencias

Dallé Rosa, P., Ramirez-Castrillon, M., Valente, P., Fuentefria, A. M., Van Diepeningen, A. D., & Goldani, L. Z. (2018). *Fusarium riograndense* sp. nov., a new species in the *Fusarium solani* species complex causing fungal rhinosinusitis. *Journal de mycologie medicale*, 28(1), 29-35.

Singha, I. M., Kakoty, Y., Unni, B. G., Das, J., & Kalita, M. C. (2016). Identification and characterization of *Fusarium* sp. using ITS and RAPD causing fusarium wilt of tomato isolated from Assam, North East India. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 14(1), 99-105.

Ramos Delgado, Y. J. (2016). Identificación de hongos entomopatógenos de *Diaphorina citri* Kuwayama, en los departamentos del Valle del Cauca y Quindío, Colombia. Maestría Ciencias Agrarias.

HALLAZGOS PRELIMINARES DE LA QUIMIOTAXONOMÍA Y DISTRIBUCIÓN DE DOS ESPECIES DE RENEALMIA (ZINGIBERACEAE) EN LA ZONA CAFETERA DE COLOMBIA, REGIÓN QUINDÍO

Eunice Ríos Vásquez, Paula Andrea Charry Sánchez, María del Pilar Sepúlveda

Universidad del Quindío. Correo electrónico: erios@uniquindio.edu.co

Resumen

Continuando con nuestros estudios del género *Renealmia*, el objetivo de esta investigación consistió en corroborar la taxonomía de *Renealmia foliifera* y *R. cernua* y explorar su composición química en cuanto al contenido metabólico de sus aceites esenciales extraídos por hidrodestilación, analizados por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas.

Palabras Clave: Aceites esenciales, hidrodestilación, *Renealmia*, taxonomía.

Abstract

Continuing with our studies on the genus *Renealmia*, the objective of this research was to corroborate the taxonomy of *Renealmia foliifera* and *R. cernua* and to explore its chemical composition regarding the metabolic content of its essential oils extracted by hydrodistillation and analyzed by coupled gas chromatography to mass spectrometry.

Keywords: Essential oils, hydrodistillation, *Renealmia*, taxonomy.

Introducción

La familia Zingiberaceae contiene aproximadamente 53 géneros y 1300 especies. Sus miembros se caracterizan por la presencia de aceites esenciales y por la modificación del androceo que tiene aspecto petaloide.¹ Se distribuye pantropicalmente, pero el género *Renealmia*, se encuentra en el neotrópico y distribuido desde el norte de México, norte de Costa Rica a Panamá, Cuba, Bahamas, occidente de Colombia y Ecuador hasta el norte de Bolivia y sureste de Brasil.² Con amplia distribución e importancia etnobotánica de varias especies de éste género, sólo un número limitado de estudios fitoquímicos y taxonómicos, se han realizado hasta el momento.

Materiales y Métodos

El trabajo de campo se llevó a cabo en los doce municipios que corresponden al departamento del Quindío en fragmentos naturales de bosque en la franja altitudinal comprendida entre 970 y 2950 metros, para ello, se realizaron 45 salidas de campo. Cinco especies fueron colectadas e ingresadas a la colección de referencia del herbario de la Universidad del Quindío (HUQ). Para esta investigación se seleccionó a *Renealmia foliifera* Standley y (6968 HUQ) y *R. cernua* (Kuntze) H. Kenn. & Nicolson (037740 Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

HUQ). Los aceites esenciales (AE's) se obtuvieron por hidrodestilación y fueron analizados por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (CG-EM) en un equipo SHIMADZU- QP2010 ultra.

Resultados y Discusión

Los resultados del presente trabajo sugirieron que en la zona cafetera existen cerca de 15 especies de *Renealmia*, de las cuales 5 se encuentran en el departamento del Quindío. En el muestreo realizado se encontró que *Renealmia foliifera* es la menos frecuente, se caracteriza por ser delgada y de porte bajo (70 cm) o robusta y más alta (1,5-2,3 metros), la inflorescencia puede ser basal o terminal o ambas en la misma planta. En contraste, la mejor representada fue *Renealmia cernua*, se caracteriza por su inflorescencia terminal en una espiga densa bien definida con flores amarillas a anaranjadas, efímeras, brácteas coriáceas, subtendiendo una flor; su porte mediano y esbelto, y su inflorescencia terminal, la hace una especie fácilmente reconocible y atractiva. El Análisis por CG-EM del AE de *Renealmia foliifera* mostró como un total de 26 componentes, siendo los compuestos mayoritarios el espatulenol (1) (46.7%), óxido de cariofileno (2) (9%) 1,2-epoxy-5,9-ciclododecadieno (3) (8.3%). En el aceite esencial de *Renealmia cernua* se detectaron un total de 27 compuestos, siendo los mayoritarios mirtenol (4) (15.5%), 2 con 13.9%, L-trans-pinocarvona (5) (11.7%), y escualeno (6) (6.7%). Ver figura.

Conclusión

Se corroboró la taxonomía de dos especies del género *Renealmia* colectadas en el departamento del Quindío. El análisis comparativo de los AE mostró variabilidad en el contenido metabólico. Se reporta por primera vez la composición química de los AE de *Renealmia cernua* y *R. foliifera* colectadas en Región del Quindío.

Financiación y Agradecimientos

A la Universidad del Quindío por el apoyo financiero del proyecto de investigación No. 969.

Referencias

[1] Sepúlveda M.P. (2009). Tesis de Maestría en Biología Vegetal: "Estudio taxonómico de las especies silvestres del Orden Zingiberales para el Departamento del Quindío".

[2] Gómez-Betancur, I., Benjumea, D. (2014). Traditional use of the genus *Renealmia* and *Renealmia alpinia* (Rottb.) Maas (Zingiberaceae) - a review in the treatment of snakebites. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*. 7, S574-S582.

EXTRACCIÓN ASISTIDA POR ULTRASONIDO DEL ACEITE ESENCIAL DE *Renealmia ligulata* (ZINGIBERACEAE). EVALUACIÓN DE SU ACTIVIDAD BIOLÓGICA

Yeferson Ospina Balvuela, Paula Andrea Charry Sánchez, Eunice Ríos Vásquez,
Fabiana María Lora, Nelsy Loango

Universidad del Quindío. Correo electrónico: erios@uniquindio.edu.co

Resumen

Se obtuvieron aceites esenciales de las partes aéreas de *Renealmia ligulata* por hidrodestilación, con y sin tratamiento con ultrasonido. El análisis permitió establecer mayor presencia de sesquiterpenos en el aceite tratado previamente con ultrasonido. Se evaluaron como agentes antibacteriales en *Staphylococcus aureus* y *Ralstonia solanacearum* y anticancerígenos en línea HepG2.

Palabras Clave: Renealmia, Ultrasonido, agente antibacterial.

Abstract

Essential oils were obtained from the aerial parts of *Renealmia ligulata* by hydrodistillation, with and without ultrasound. The analysis allowed establishing a greater presence of sesquiterpenes in the oil previously treated with ultrasound. They were evaluated as antibacterial agents in *Staphylococcus aureus* and *Ralstonia solanacearum* and HepG2 online anticancer agents.

Keywords: Renealmia, Ultrasound, antibacterial agents.

Introducción

Renealmia (Zingiberaceae), es el único género nativo de esta familia, con alrededor de 85 especies con distribución pantropical; 23 especies son nativas de África y cerca de 62 del Neotrópico [1]. Es reportado por algunos autores que la extracción de aceites esenciales (AE's) utilizando tratamiento previo con ultrasonido (EAU), genera varias ventajas, entre ellas, que se realice en pocos minutos y con alta reproducibilidad, reduciendo el consumo de disolvente, dando una mayor pureza del producto y consumiendo solo una fracción de la energía normalmente necesaria que la requerida para un método de extracción convencional como Soxhlet, maceración o destilación [2].

Materiales y Métodos

Partiendo de 120g de las partes aéreas secas de *Renealmia ligulata* se efectuó la extracción de los AE's por hidrodestilación asistida por microondas y acoplada a Clevenger (HDMW), previo tratamiento sin y con ultrasonido (EAU). Se utilizó un baño de ultrasonido por 30 minutos, en un equipo Bransonic serie M1800-H, frecuencia de

40 Hz y potencia de 145 W. El análisis se realizó en un equipo de CG-EM- SHIDMAZU serie QP2010 ultra, los resultados se compararon con la biblioteca del equipo NIST 2013. La prueba antibacterial evaluó los AE's sobre la inhibición del crecimiento de *Staphylococcus aureus* y *Ralstonia solanacearum*; la viabilidad celular se evaluó con respecto a la proliferación de la línea celular de cáncer de hígado humano HepG2.

Resultados y Discusión

Los aceites esenciales presentaron un color amarillo claro y un olor cítrico fuerte. Se compararon entre sí en cuanto a rendimiento, calidad y composición, encontrando que el A.E con tratamiento previo por ultrasonido presentó un mayor porcentaje de rendimiento. El análisis por CG-EM de éste, mostró mayores porcentajes de sesquiterpenos (50%), alcoholes mono y sesquiterpénicos (45%). Entre los constituyentes mayoritarios se encontraron el δ -Cadinol (43%), globulol (36%), espatulenol (7.7%) y el óxido de cariofileno (2.6%). Se considera que el ultrasonido aumenta el área de contacto entre el disolvente y material vegetal, y que las burbujas generadas hacen que la membrana celular se rompa con mayor facilidad, lo que a la vez permite una mejor extracción. Se evidenció un efecto antibacterial (bacteriostático) al 25% contra *Staphylococcus aureus* y *Ralstonia solanacearum*, éste efecto es potenciado en el AE con EAU, donde las concentraciones evaluadas presentaron mejores resultados incluso que el control antibiótico (Cloranfenicol). Lo anterior podría deberse al hecho de que con el tratamiento previo de ultrasonido los componentes mayoritarios en el A.E se potenciaron, aumentando su concentración y a su vez la respuesta al efecto antibacterial. Adicional, presentaron efectos anticancerígenos en la línea celular humana HepG2, inhibiendo la proliferación celular.

Conclusión

El AE con EAU mostró aumento en la concentración de los componentes y mejor respuesta biológica. En la actividad antibacterial inhibió el crecimiento de *Ralstonia solanacearum* y *Staphylococcus aureus* y presentó baja viabilidad en la línea celular de cáncer de hígado humano HepG2, disminuyendo la proliferación de células cancerígenas.

Financiación y Agradecimientos

A la Universidad del Quindío por el apoyo financiero del proyecto 911.

Referencias

[1] Gómez I, y Benjumea D. (2014). Traditional use of the genus *Renealmia* and *Renealmia alpinia* (Rottb.) Maas (Zingiberaceae)-a review in the treatment of snakebites. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 7, 574-582.

[2] Chemat F, Rombaut N, Sicair, A, Meullemiestre A. et al. (2017). Ultrasound assisted extraction of food and natural products. Mechanisms, techniques, combinations, protocols and applications. A Review. Ultrasonics Sonochemistry. 34, 540-560.

PROPIEDADES FUNCIONALES DE UN ENCAPSULADO RICO EN POLIFENOLES EXTRAÍDOS DE *Theobroma cacao* L

Juan Borja Fajardo¹, Angélica Sandoval Aldana¹, Olimpo García Beltrán²

¹Universidad del Tolima. Correo electrónico: jgborjaf@ut.edu.co

²Universidad de Ibagué

Resumen

Los granos de cacao son ricos en polifenoles, compuestos que poseen una elevada actividad antioxidante. Sin embargo, estos sufren modificaciones en cada etapa de procesamiento, perdiendo su bioactividad en comparación con los granos crudos. Por lo tanto, este trabajo microencapsuló un extracto de cacao rico en polifenoles.

Palabras Clave: microencapsulación, polifenoles, antioxidante.

Abstract

Cocoa beans are rich in polyphenols, compounds that have high antioxidant activity. However, these undergo modifications at each processing stage, losing their bioactivity compared to raw grains. Therefore, this work microencapsulated a cocoa extract rich in cocoa polyphenols.

Keywords: microencapsulation, polyphenols, antioxidant.

Introducción

Los granos de *Theobroma cacao* L., y algunos subproductos son ricos en compuestos polifenólicos, sustancias químicas que han despertado gran interés debido a su rol en la prevención y tratamiento de patologías, las cuales se creen son asociadas a aumento del estrés oxidativo, como ciertos tipos de cáncer. Sin embargo, al igual que otros compuestos bioactivos, los polifenoles son susceptibles a degradarse fácilmente, por lo tanto, la encapsulación de estos metabolitos permite estabilizar y conservar sus propiedades funcionales por más tiempo. Este trabajo tiene el objetivo de encapsular un extracto rico en polifenoles de cacao mediante criodesecación.

Materiales y Métodos

Los granos de los clones TSH-505, ICS-1, ICS-95, IS60, e IMC67 y CCN51 fueron liofilizados, posteriormente fueron triturados y extraídos en recipientes ámbar utilizando metanol-agua (70-30); Los extractos fueron filtrados al vacío y el metanol fue removido a presión reducida. Se disolvió 10% y 20% p/v de maltodextrina y goma arábica sobre el extracto acuoso mediante agitación magnética, la mezcla obtenida fue secada en un liofilizador. Se empleó un diseño factorial 2³ para evaluar el efecto de las dos concentraciones de maltodextrina (MD) y goma arábica (GA) mencionadas sobre el

contenido de polifenoles totales. Todas las pruebas fueron realizadas por triplicado. Se aplicó un análisis de varianza de una vía (ANOVA) complementado con una comparación de medias mediante la prueba de Tukey.

Resultados y Discusión

Se encontraron diferencias significativas entre los tratamientos realizados para los valores de PT ($P < 0.05$). El contenido de PT presento valores entre 20-42 mgEAG/g. Los valores mas altos de PT se obtuvieron con MD al 10% seguido de GA 10%, MD-20% y GA-20%. Un microencapsulado de vino rico en polifenoles tuvo resultados similares a los encontrados en esta investigación para la maltodextrina, además de conservar las propiedades funcionales del producto hasta por un mes (1). Un encapsulado de un extracto de residuos de cacao mediante spray drying tuvo resultados semejantes a los reportados en esta investigación (2). El microencapsulado de polifenoles de T. Cacao L. es una alternativa atractiva que hasta el momento ha sido poco estudiada.

Conclusión

La microencapsulación de polifenoles de cacao empleando maltodextrina es una alternativa interesante que permite conservar las propiedades funcionales de estos compuestos, permitiendo que sean empleados para mejorar las propiedades antioxidantes de ciertos alimentos o ser usados en la industria de productos funcionales.

Financiación y Agradecimientos

Al proyecto Innovación tecnológica en cacao andino FONTAGRO ATN-RF 16109-RG.

Referencias

1. Sanchez V, Baeza R, Galmarini MV, Zamora MC, Chirife JF, Technology B. Freeze-drying encapsulation of red wine polyphenols in an amorphous matrix of maltodextrin. 2013;6(5):1350-4.
2. Gabbay Alves TV, Silva da Costa R, Aliakbarian B, Casazza AA, Perego P, Carrera Silva Junior JO, et al. Microencapsulation of Theobroma cacao L. waste extract: optimization using response surface methodology. J Microencapsul. 2017;34(2):111-20.

APROXIMACIONES CONCEPTUALES AL USO ETNOFARMACOLÓGICO DE ESPECIES TROPICALES: EL CASO DEL ORDEN ZINGIBERALES

María del Pilar Sepúlveda^{1*}, Eunice Ríos Vásquez²

¹Docente - Programa de Biología. Grupo de investigaciones en Biodiversidad – GIBUQ Universidad Del Quindío

²Docente - Programa de Química. Grupo Químico de Investigación y Desarrollo ambiental – QIDEA.

^{1,2}Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías – Universidad del Quindío

*e-mail: msepulveda@uniquindio.edu.co

Abstract

As part of the taxonomic study of the species present in Quindío, Zingiberales order, the use attributed to platanillos was investigated with the peasant communities. The information was collected through semi-structured interviews. The results showed that local communities identify useful medicinal properties in their flora.

Keywords: culture, local knowledge, biological activity, flora.

Resumen

Como parte del estudio taxonómico de las especies presentes en el Quindío, orden Zingiberales, se indagó con las comunidades campesinas el uso que se les atribuyen a los platanillos. La información se recopiló mediante entrevistas semiestructuradas. Los resultados mostraron que las comunidades locales identifican en su flora propiedades medicinales útiles.

Palabras claves: cultura, conocimiento local, actividad biológica, flora.

Introducción

Los miembros del Orden Zingiberales son conocidos comúnmente como platanillos, se caracterizan por su bello colorido y por prestar servicios ecosistémicos, entre ellos se destacan su relación con aves e insectos, además de la protección de fuentes de agua y de suelos erosionados. Adicional a esto, las comunidades locales las reconocen por sus propiedades etnofarmacológicas, no obstante, su actividad biológica ha sido poco explorada. Las Zingiberales agrupan 8 familias tropicales que poseen propiedades medicinales poco documentadas. Con el objetivo de conocer la actividad etnofarmacológica, se indaga acerca de las especies registradas en la memoria popular que tengan significancia medicinal.

Materiales y métodos

El muestreo se realizó en los doce municipios de la región centro andina, vertiente occidental de la cordillera central de Colombia, en el departamento del Quindío. La información se obtuvo de las entrevistas semiestructuradas a los pobladores locales y se complementó con la revisión bibliográfica, en estas se preguntó a los campesinos por los usos de las plantas tanto cultivadas como silvestres de interés para las comunidades.

Resultados y discusión

La información se recopiló como parte de los estudios taxonómicos en los que también se indagó por el uso que los pobladores les atribuyen a algunas especies del orden Zingiberales. Se evidenció que los pobladores reconocieron de la Familia Zingiberaceae una especie paleotropical naturalizada y una nativa de América: *Hedychium coronarium* Koeg (matandrea) cuyos rizomas son macerados y empleados como abortivos; *Renealmia cernua* L.f. (ginger), cuyas infusiones se emplean para aliviar las picaduras y alejar los bichos. Con relación a la familia Costaceae (cañaguates) se halló que las hojas en infusión fría de *Costus spicatus* (Jacq.) Sw., se utilizan para las hemorragias y la infección renal, y estos resultados están de acuerdo a lo publicado por Alvarez et al. (2017). Las flores y hojas de *Dimerocostus strobilaceus* Kuntze, han sido utilizadas para curar la fiebre; de la familia Marantaceae (Bihaos), *Calathea lutea* (Aubl.) E. Mey. Ex. Schult., se usan las hojas y flores para inflamaciones pos-parto y la Infusión de las flores en baños tópicos para aumentar la energía. [2]

Conclusión

El estudio taxonómico permitió corroborar la identidad de las especies y al mismo tiempo indagar acerca del uso ancestral con potencial etnofarmacológico de estas hierbas.

Financiación y agradecimientos

A la Universidad del Quindío por el apoyo financiero del proyecto 969.

Referencias

[1] Alvarez Q, V. et al. (2017). Propiedades frías y calientes de plantas medicinales zoques. *Boletín Latinoamericano y del Caribe de Plantas Medicinales y Aromáticas* 16 (4): 428 – 454.

[2] Duke, J.A. (1994). *Amazonian Ethnobotanical Dictionary*. Book. 181 p. USA.

MODELOS MATEMÁTICOS DE SIMULACIÓN DE LAS ESTRATEGIAS DE PREVENCIÓN DEL MOKO DE PLÁTANO (*Musa AAB Simmonds*)

Grajales-Amorocho Marly¹; Muñoz-Loaiza Aníbal²

¹Grupo de investigaciones en biodiversidad y biotecnología (GIBUQ)

²Grupo de Modelación Matemática en Epidemiología (GMME), Universidad del Quindío¹²

mgrajales@uniquindio.edu.co¹, anibalml@hotmail.com²

Resumen

Mediante métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos de simulación, se determinó el efecto de las estrategias de prevención sobre la incidencia de la enfermedad moko del plátano, determinando que la eliminación de plantas infectadas es lo más importante para controlar la enfermedad, confirmando con análisis de sensibilidad del umbral epidémico.

Abstract

Using quantitative methods based on mathematical simulation models, the effect of prevention strategies on the incidence of banana moko disease was determined, determining that the elimination of infected plants is the most important thing to control the disease, confirming with analyzes sensitivity of the epidemic threshold.

Introducción

El Moko es una enfermedad producida por la bacteria *Ralstonia solanacearum* filotipo II raza II, que ha ocasionado grandes pérdidas económicas y en la actualidad sigue sin un manejo adecuado; los cambios ambientales han propiciado variación en las distribuciones geográficas del patógeno representando un problema para la sostenibilidad del cultivo a nivel mundial (1). Por ello, el uso de métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos de simulación ha ganado importancia para idear programas efectivos de control e interpretar patrones epidemiológicos (2,3).

Materiales y métodos

Se presenta un modelo poblacional con ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales, que interpreta la dinámica del Moko del plátano, variando escenarios de prevención de la enfermedad con población de plantas susceptibles e infectadas en el tiempo. Se asume una población variable de plantas y un crecimiento logístico de replantación teniendo en cuenta la capacidad máxima de plantas del área de estudio delimitada. Las simulaciones se realizaron en el software Maple 18, así mismo se determinaron los

umbrales epidémicos de propagación y se confirmaron los resultados mediante el análisis de sensibilidad del umbral.

Resultados

Se graficó el comportamiento de la enfermedad Moko del plátano en una finca en estado inicial de infección, considerando a (f) la proporción de las estrategias de prevención utilizadas (desinfestación de herramientas y calzado, poda de arvenses entre otras) y la eliminación de plantas infectadas (g). En la figura 1, se observa que (g), juega un papel crucial en el control de la enfermedad. Se puede interpretar que en aproximadamente 10 semanas, con la implementación en un 80% de las estrategias de prevención (sin eliminación de plantas), se llegara alrededor de 180 plantas enfermas (línea verde) con un umbral epidémico de 1.40, mientras que en el caso contrario, al eliminar las plantas en un 80% sin tener en cuenta las demás medidas de prevención, se evita la dispersión rápida de la enfermedad (umbral 0.76); esto se puede complementar ya que el umbral epidémico mostró que existe mayor sensibilidad con respecto a (g). Sin embargo, para disminuir costos de producción por la fuerte implementación de estrategias de prevención, se muestran diferentes escenarios que favorecen el control de la enfermedad y disminuyen estos costos.

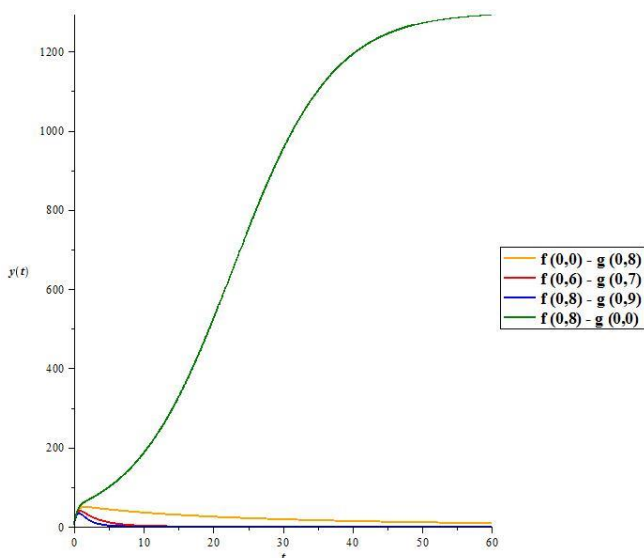


Figura 1. Comportamiento de plantas infectadas de la enfermedad Moko del plátano en el tiempo, en diferentes escenarios de prevención.

Conclusión

La erradicación de plantas de plátano infectadas juega un papel mayor que la desinfestación de herramientas, calzado, poda de arvenses entre otras, en el buen manejo agronómico del cultivo. Para disminuir costos de producción, se pueden implementar ambas estrategias en menor proporción, disminuyendo con esto la mano de obra etc, pero manteniendo la enfermedad en un estado controlado.

Financiación y agradecimientos

Al Doctorado en Ciencias de la Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías de la Universidad del Quindío y al Grupo de Modelación Matemática en Epidemiología (GMME).

REFERENCIAS

1. Blomme G, Dita M, Jacobsen KS, Vicente LP, Molina A, Ocimati W, et al. Bacterial diseases of bananas and enset: Current state of knowledge and integrated approaches toward sustainable management. *Front Plant Sci.* 2017;8(July):1–25.
2. Montesinos O, Hernández C. Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud Publica Mex.* 2007;49(3):218–26.
3. Jeger MJ, Madden L V., Van Den Bosch F. Plant virus epidemiology: Applications and prospects for mathematical modeling and analysis to improve understanding and disease control. Vol. 102, *Plant Disease. American Phytopathological Society;* 2018. p. 837–54.

MANEJO DE HUEVOS DE GUSANO DE SEDA PARA MEJORAR LA PRODUCCIÓN DE CAPULLO

Paola Londoño¹, Martha Almanza¹, Ana Milena Varela², Freddy López¹

¹Universidad del Cauca. Correo electrónico: paoandre89@hotmail.com

²Independiente

Resumen

La sericultura es una práctica rural que permite obtener seda mediante la cría de *Bombyx mori*, es importante realizar la incubación y preservación de huevos adecuadamente para obtener altos porcentajes de eclosión que afectan directamente sobre el desarrollo de las larvas y la producción de capullo.

Palabras Clave: Huevos de gusano de seda, incubación, preservación, porcentaje de eclosión.

Abstract

Sericulture is a rural practice that makes it possible to obtain silk by breeding *Bombyx mori*. It is important to carry out the incubation and preservation of eggs properly to obtain high percentages of hatching that directly affect the development of the larvae and the cocoon production.

Keywords: Silkworm eggs, incubation, preservation, hatching percentage.

Introducción

La sericultura es considerada como una agroindustria rural (de tipo artesanal) cuyo producto final es la obtención seda, mediante la cría comercial de *Bombyx mori* (Chauhan & Tayal, 2017). Durante el ciclo biológico del insecto se analizan etapas críticas, destacándose la etapa de huevo, susceptible a la variación de condiciones ambientales como temperatura y humedad relativa que afectan directamente el porcentaje de eclosión, el desarrollo larval y la producción de capullo, por esta razón, es importante evaluar protocolos de incubación y preservación con el fin de brindar condiciones adecuadas para cada material genético (Singh et al., 2010; Rahmathulla, 2012).

Materiales y Métodos

INCUBACIÓN: dos protocolos de incubación uno con temperatura gradual (15, 20, 24 y 25°C, con y sin fotoperiodo) y otro con temperatura constante (25°C con y sin fotoperiodo), Manejándose H.R. entre el 75 a 80% y un fotoperiodo de 12:12. **PRESERVACIÓN:** dos protocolos; uno con gradiente (25, 20, 15, 10 y 5°C) y otro constante (5°C). Los huevos fueron preservados por cuatro meses y fueron incubados

empleando los dos protocolos de incubación (gradiente y constante) con fotoperiodo y sin fotoperiodo. Se tomaron tres repeticiones por tratamiento (incubación gradiente y constantes, Preservación: gradiente y constantes), cada una con 100 individuos. Los datos fueron analizados mediante un diseño completamente al azar con arreglo factorial 3*3*3 para evaluar la variable productiva porcentaje de eclosión.

Resultados y Discusión

Incubación: con gradiente y constante (25°C), el análisis de varianza arrojó diferencia significativa entre los tratamientos, los genotipos y en la interacción tratamiento*genotipo, encontrando que el genotipo AECA presentó porcentajes por encima del 90% al ser incubado con luz, seguido por AENA y AEBA el cual obtuvo % bajos (< al 80%). Neelaboina et al., (2019) encontraron que el % de eclosión varía de acuerdo al material genético, sin embargo, la evaluación permitió identificar que los embriones de AECA estimulan su desarrollo cuando son incubados con luz, porque fisiológicamente esta activa la producción de enzimas que estimulan el nacimiento de las larvas, mientras que en el caso del AEBA los embriones tardaron más tiempo en desarrollarse. Preservación constante y con gradiente. El análisis de varianza arrojó diferencia significativa entre los tratamientos, los genotipos y la interacción, sin embargo, se identificó que los dos protocolos de preservación son adecuados para los tres materiales genéticos dado que la mayoría de los tratamientos permitieron obtener porcentajes de eclosión por encima del 90%, a excepción de los huevos que fueron preservados con gradiente e incubados a 25°C por presentar los porcentajes bajos de eclosión.

Conclusión

Los protocolos de incubación y preservación evaluados permitieron obtener eclosiones con porcentajes recomendados, garantizando así, el desarrollo homogéneo de larvas durante la cría, siendo este uno de los principales factores que influyen sobre el rendimiento y calidad del capullo.

Financiación y Agradecimientos

Agradezco a la Gobernación del Cauca y al Sistema General de Regalía por el apoyo financiero, a Corseda por compartir su conocimiento tradicional y cariño por la sericultura, a mi alma mater la Universidad del Cauca por todo su apoyo académico y conocimiento científico y en especial a las Doctoras Martha Almanza y Ximena Ruíz Erazo por su valiosa compañía, dirección y apoyo incondicional.

Referencias

Rahmathulla, V. K. (2012). Management of climatic factors for successful silkworm (*Bombyx mori* L.) crop and higher silk production: A Review. *Journal of Entomology*, 2012.

Singh, T., Saratchandra, B. (2004). Principles and techniques of silkworm seed production. Singh, T., Bhat, M. M., Khan, M. A. (2010). Silkworm egg science: principles and protocols. Daya Publishing House, pp. 276.

ENRAIZAMIENTO DE ESTACAS DE MORERA (*Morus sp.*) EMPLEANDO AUXINAS Y UN SISTEMA DE INMERSIÓN EN AGUA

Geovanny López Bolaños¹, José Luis Hoyos Concha², Freddy Javier López Molina²

¹Independiente

²Universidad del Cauca. Correo electrónico: geovanylopez@unicauca.edu.co

Resumen

El enraizamiento de estacas de morera depende de la variedad y del método; la presente investigación, evaluó el efecto de tres auxinas y un sistema de inmersión en agua. Los resultados mostraron un enraizamiento del 90% y 150 ppm de AIB en la sección basal, estimuló la mayor formación radicular.

Palabras Clave: *Morus sp.*, Kanva 2, auxinas.

Abstract

The rooting of mulberry cuttings depends on the variety and the method; the current investigation evaluated the effect of three auxins and a water immersion system. The results showed a rooting of 90% and 150 ppm of IBA in the basal section, it stimulated greater root formation.

Keywords: *Morus sp.*, Kanva 2, auxins.

Introducción

La morera es un componente esencial en la sericultura y gran parte del área sembrada en Colombia es de la especie *Morus indica*, variedad Kanva 2; por consiguiente, existe la necesidad de establecer otras especies y variedades, para lo cual se debe disponer de materiales con buenas características agronómicas. El objetivo del trabajo fue desarrollar un método de enraizamiento eficiente para estacas de morera variedad Kanva 2, empleando tres auxinas y un sistema de inmersión en agua, para lograrlo se determinó en condiciones de invernadero el efecto del tipo de auxina, la concentración y la posición topofísica de las estacas.

Materiales y Métodos

Las ramas de morera Kanva 2, para la obtención de estacas, se seleccionaron de plantas de dos años, cuya poda se realizó 6 meses antes; se dividieron en tres secciones, basal, media y apical, cortando estacas de 6 cm de longitud y provistas de una yema, que fueron desinfectadas y colocadas verticalmente en recipientes plásticos en grupos de 20, sumergiendo 2 cm de su base en solución acuosa de auxina durante 24 horas. El diseño fue un completamente al azar en arreglo factorial, los factores fueron las auxinas (ANA, AIA y AIB), la concentración de auxina (0, 50, 100, 150 y 200 ppm) y la posición de la yema en la rama. Se evaluó el porcentaje de estacas enraizadas y peso seco de las

raíces, los valores correspondientes a esta variable fueron sometidos a análisis de varianza y se realizaron contrastes polinomiales para estimar la concentración óptima de auxina.

Resultados y Discusión

El porcentaje de enraizamiento mostró un 97, 92 y 84% para AIB, ANA y AIA respectivamente y 0% para el testigo, indicando un efecto positivo de los fitorreguladores en la formación de raíces; resultado superior al compararlo con enraizamientos donde se utiliza suelo como sustrato [2]. El análisis del peso seco de la raíz presentó diferencias significativas ($P < 0,0001$) y se observó que las estacas basales obtuvieron el mayor peso con 0,0180 g, difiriendo significativamente de las apicales con 0,0168 g e intermedias con 0,0119 g, la respuesta de las basales se debe posiblemente a que acumulan y disponen de mayor cantidad de reservas, principalmente de carbohidratos, importantes en el aporte de energía, formación de moléculas y elementos estructurales [2]. La auxina de mejor respuesta fue AIB, con la cual se obtuvo un 60% más de peso seco de raíz que con ANA y un 75% más que con AIA. Aunque todas las concentraciones lograron un efecto positivo en el enraizamiento, 150 ppm de auxina fue el mejor valor, resultado importante porque la mayoría de investigaciones de enraizamiento de estacas de morera, recomiendan concentraciones auxínicas mayores a 1000 ppm [3].

Conclusión

Se determinó que la auxina AIB aplicada en la sección basal, estimula la mayor formación de raíces en estacas de morera Kanva 2. Se estimó que con una concentración de 164 ppm de AIB, se obtiene el mayor desarrollo de raíces en las estacas de morera Kanva 2.

Financiación y Agradecimientos

Al Proyecto “Desarrollo Tecnológico para la Obtención de Productos Orgánicos e Innovadores de Seda Natural”, sus directivos, compañeros y a la Universidad del Cauca.

Referencias

[1] Hicks, C.R. (1982). Fundamental Concepts in Design of Experiments. Publicado por Sanders College.

[2] Jackson, M.B. (2012). Nueva formación de raíces en plantas y esquejes. Springer Science y Business Media.

[3] Husen, A., Iqbal, M., Siddiqui, S. N., Sohrab, S. S., y Masresha, G. (2017). Effect of indole-3-butyric acid on clonal propagation of mulberry (*Morus alba* L.) stem cuttings: rooting and associated biochemical changes. Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences, 87(1), 161-166.

PERFIL QUÍMICO Y ACTIVIDAD INHIBITORIA DE ACEITES ESENCIALES DE *Lippia alba* y *Lippia origanoides* CONTRA FITOPATÓGENOS DEL CULTIVO DE *Persea americana* MILL. EN LOS MONTES DE MARÍA

Marcelo David Márquez Castillo

Estudiante de Maestría en Ciencias Ambientales SUE-Caribe, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia. Correo electrónico: mdavidmarquez@gmail.com

Resumen

La investigación tiene como objetivo determinar *in vitro* el potencial antifúngico de los aceites esenciales de *Lippia alba* y *Lippia origanoides* contra los fitopatógenos *Fusarium* sp., *Pythium* sp. y *Phytophthora* sp. en el cultivo de aguacate (*Persea americana* Mill.) en los Montes de María, Sucre, Colombia.

Palabras Clave: *Lippia origanoides*, *Lippia alba*, Actividad inhibitoria.

Abstract

The objective of the research is to determine *in vitro* the antifungal potential of the essential oils of *Lippia alba* and *Lippia origanoides* against the *phytopathogens* *Fusarium* sp., *Pythium* sp. and *Phytophthora* sp. in the avocado (*Persea americana* Mill.) in Montes de María, Sucre, Colombia.

Keywords: *Lippia origanoides*, *Lippia alba*, Inhibitory activity.

Introducción

El cultivo de aguacate en Colombia ha producido incremento en cuanto al área cultivada en los últimos 10 años. Los resultados encontrados de diversos estudios señalan que la marchitez es el principal problema del cultivo de aguacate, causado por el hongo *Phytophthora cinnamomi*. Así mismo, *Fusarium* sp., *Pythium* sp, *Verticillium* spp. y *Rhizoctonia* sp. entre otros. Por lo tanto, se plantea evaluar la actividad inhibitoria y potencial de biocontrol *in vitro* de aceites esenciales de hojas de las especies de *L. alba* y *L. origanoides* contra los fitopatógenos *Fusarium* sp, *Pythium* sp. y *Phytophthora* sp. en cultivo de aguacate. [1].

Materiales y Métodos

El material vegetal *Lippia alba* y *Lippia origanoides* fue colectado en la granja de ASOPROAGRO en el corregimiento de Segovia, Sampués, Sucre. La extracción de los aceites esenciales se realizó a partir de hojas frescas, secadas a 28°C y 40°C, de los cuales se prepararon concentraciones de 1,000, 3,000, 6,000 y 9,000 mg/L. La actividad antifúngica fue evaluada sobre el crecimiento micelial. Los aceites esenciales se caracterizaron por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masa (GC-MS).

Los resultados se expresaron como la medias \pm D.E; se realizó un ANOVA previamente estableciendo el criterio de normalidad mediante un diseño de experimento completamente al azar con arreglo factorial 2x3x3x4 para la actividad antifúngica, mientras que para los rendimientos de los aceites esenciales se realizó una factorial 2x3. La prueba de Tukey (p -valor \leq 0,05) se realizó para determinar las diferencias significativas. Todos los datos se analizaron en el software InfoStat versión libre. [2].

Resultados y Discusión

La especie vegetal que presentó mayores porcentajes de rendimientos fue las hojas secadas a 30°C de *L. origanoides* con un rendimiento de 4,21%. El aceite esencial más efectivo fue el de las hojas de *L. origanoides* secadas a 30°C y 40°C a concentraciones de 9.000 mg/L, presentando diferencias significativas con los controles positivos, con 95,22% y 92,26% respectivamente. Como metabolitos mayoritarios el aceite esencial de *L. alba* mostró a la carvona con porcentajes de área de 43,74% para las hojas frescas, 40,026% para las hojas secadas a 30°C y 40,636% para las hojas secas a 40°C. Mientras que el aceite esencial de *L. origanoides* mostró al timol con 54,171% para las hojas frescas, 55,935% para las hojas secadas a 30°C y 57,46% para las hojas secadas a 40°C. Cabe destacar que la presencia de los metabolitos secundarios en abundancia o en menos proporción en las especies vegetales están relacionadas con factores como la temperatura, debido a que las altas temperaturas pueden volatilizar diversos compuestos. El timol se usa contra infecciones causadas por hongos; este actúa directamente sobre la pared celular del hongo, de manera que facilita el intercambio iónico, aumentando la permeabilidad y dificultando la supervivencia celular. [3].

Conclusión

Las hojas secadas a 30°C de *L. origanoides* presentaron mayores porcentajes de rendimientos con respecto a *L. alba*. El aceite esencial de *L. origanoides* mostro mayor eficiencia inhibitoria a concentraciones de 9.000 mg/L. Los principales metabolitos encontrados fueron en la carvona en *L. alba* y el timol en *L. origanoides*.

Financiación y Agradecimientos

Universidad de Sucre. Grupo de investigación Bioprospección Agropecuarias. Granja ASOPROAGRO.

Referencias

- [1] Pérez-Jiménez, R. M. (2008). Significant avocado diseases caused by fungi and oomycetes. *Eur J Plant Sci Biotechnol*, 2(1), 1-24.
- [2] Vitola, D., Pérez, A. (2016). Bioactividad de extracto de *Annona muricata* y aceites esenciales de *Citrus aurantium* contra *Phytophthora cinnamomi*. *RECIA*, 8 (1), 325-334.

[3] Del Puerto, A., Suárez, S., Palacio, D. (2014). Efectos de los plaguicidas sobre el ambiente y la salud. Revista Cubana de Higiene y Epidemiología. 52 (3), 372-387.

REVISIÓN SISTEMÁTICA DE BACTERIAS ASOCIADAS A LA FIJACIÓN BIOLÓGICA DE NITRÓGENO EN SUELO Y SU IMPACTO EN LA AGRICULTURA COLOMBIANA

Daniela González¹, Nicol Orozco¹, Janeth Sanabria², Doris Rosero¹

¹Grupo de Investigación en Microbiología, Industria y Ambiente (GIMIA), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: doris.rosero00@usc.edu.co

²Grupo de Investigación de Procesos Avanzados de Oxidación (GAOX), Facultad de Ingenierías, Universidad del Valle.

Resumen

Las bacterias fijadoras de nitrógeno contribuyen con el crecimiento de las plantas. En Colombia, se conoce poco sobre la biodiversidad de este grupo de bacterias. El presente documento muestra los resultados de una búsqueda de bacterias reportadas en estudios colombianos de los últimos 30 años.

Palabras Clave: nitrógeno, fijación, Colombia.

Abstract

Nitrogen-fixing bacteria contribute to plant growth. In Colombia, the biodiversity of this group of bacteria is little known in Colombia. This document shows the results of a search for fixing bacteria reported in Colombian studies of the last 30 years.

Keywords: nitrogen, fixation, Colombia.

Introducción

La atmósfera está constituida en un 78% por nitrógeno molecular (N₂). Elemento esencial para la vida y factor determinante en el crecimiento de plantas. Sin embargo, es un compuesto inerte y no asimilable. Solo algunos microorganismos tienen la capacidad de fijar nitrógeno atmosférico (FBN). Permitiendo la asimilación de nitrógeno en las plantas para el crecimiento [1]. El presente estudio busca conocer cuáles son las bacterias fijadoras que han sido aisladas de suelos en Colombia y su impacto en la agricultura.

Materiales y Métodos

Se realizó una búsqueda bibliográfica sobre las bacterias asociadas a la fijación biológica de nitrógeno y su impacto en la agricultura colombiana. Se emplearon diferentes bases de datos como: PubMed, Science direct, Scopus, SPRINGER, SciELO, Redalyc y DOAJ. Adicionalmente, se empleó como buscador de literatura gris Google scholar, haciendo uso de los conectores booleanos. Se establecieron criterios de inclusión para la selección de las publicaciones a analizar, incluyendo los artículos Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

publicados desde 1977 hasta agosto del año 2020, estudios realizados en suelos agrícolas, tesis, publicaciones en inglés, español y realizados en Colombia. Se usaron palabras claves como: nitrógeno, fijación, bacteria, suelo agrícola, Colombia, y combinaciones de estas. Como criterios de exclusión se definieron: artículos de revisión y artículos con muestras colectadas en matrices acuáticas y artículos con reportes de hongos o arqueas con capacidad de fijar nitrógeno.

Resultados y Discusión

Con un total de 65 documentos analizados, se encontró que, en Colombia, desde el año 1977 se desarrollan investigaciones relacionadas con las BFN en los suelos agrícolas. En el año 2007 se presentó un incremento en el número de publicaciones, probablemente debido a que se creó la Ley 1133 de 2007 cuyo objetivo fundamental, fue mejorar la competitividad y la productividad del sector agropecuario [2]. Los años con más publicaciones fueron: 2011, 2013 y 2017 y los departamentos con más investigaciones reportadas son: Cundinamarca, Valle del Cauca y Cesar. Dentro de los cultivos que más se destacan se encuentran: papa, caña de azúcar, arroz, frijol, cacao y la soya. El análisis de la literatura muestra que los géneros bacterianos fijadores de nitrógeno aislados en los suelos de importancia agrícola en Colombia son *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*; asimbióticos aeróbicos: *Azotobacter*, *Azospirillum* y anaerobios facultativos: *Klebsiella* y *Enterobacter*. El impacto en la agricultura que estas bacterias ejercen es variado, fijan nitrógeno atmosférico, sintetizan diferentes fitohormonas, optimiza la disponibilidad del nutriente en la rizósfera, incrementa los rendimientos, disminuye la adición de fertilizantes y es rentable con el medio ambiente.

Conclusión

Las bacterias fijadoras de nitrógeno aisladas de suelos colombianos que se reportan con más frecuencia pertenecen a los géneros: *Azotobacter*, *Azospirillum*, *Beijerinckia*, *Derxia*, *Rhizobium*, *Gluconacetobacter*, *Bacillus* y *Bradyrhizobium*. Estos microorganismos tienen potencial para fijar nitrógeno atmosférico en los cultivos agrícolas contribuyendo con la mejora de los cultivos y frutos.

Financiación y Agradecimientos

Universidad Santiago de Cali, financiación proyecto código: 934-621119-436.

Referencias

- [1] Cerón E, Ancízar R. (2012). Dinámica del ciclo del nitrógeno y fósforo en suelos. Rev. Col. Biotecnol. Vol. XIV No. 1.
- [2] República de Colombia. (2007). LEY 1133 DE 2007 por medio de la cual se crea e implementa el programa Agro, Ingreso Seguro – AIS.
- [3] Montenegro S, Barrera S. (2014). Biofertilización como aporte a la sustentabilidad de la agricultura colombiana. Rev. Inv. Agr. Amb. Vol. x. No. 2.

CARACTERIZACIÓN DEL MANEJO DE RESIDUOS SERÍCOLAS COMO MEDIDA DE SUSTENTABILIDAD PARA PEQUEÑOS Y MEDIANOS PRODUCTORES EN LA MESETA DE POPAYÁN

Marina Constanza Pérez Galíndez, Iván Enrique Paz Narváez, Germán Álvarez Ayala,
Freddy Javier López Molina

Universidad del Cauca. Correo electrónico: mcperez@unicauca.edu.co

Resumen

La sericultura es una actividad que integra los componentes: agrícola (cultivo de morera), pecuario (cría del gusano) y agroindustrial (devanado del hilo de seda); durante el proceso se generan volúmenes considerables de residuos orgánicos, que son compostados y usados como enmienda en el suelo, siendo una alternativa sustentable para sericultores.

Palabras Clave: Sericultura, residuos orgánicos.

Abstract

Sericulture is an activity that integrates the components: agricultural (mulberry cultivation), livestock (worm rearing) and agro-industrial (silk thread winding); During the process, considerable volumes of organic waste are generated, which are composted and used as a soil amendment, being a sustainable alternative for sericulturists.

Keywords: Sericulture, waste organic.

Introducción

En la actividad serícola se genera una cantidad considerable de residuos como: tallos, hojas y un material comúnmente denominado “gusanaza”; sin embargo, se presentan inconvenientes con el manejo de residuos de cultivo y de caseta, por el volumen generado; en esta medida, el proyecto “Desarrollo Tecnológico para la Obtención de Productos Orgánicos e Innovadores de Seda Natural” y en concordancia con el compromiso de los productores caucanos de hacer sericultura con perspectiva orgánica, se caracterizó el manejo de residuos derivados durante el proceso, para proponer en posteriores investigaciones una metodología de transformación y así disminuir el uso de insumos externos.

Materiales y Métodos

Con el objetivo de documentar el manejo de los residuos generados en la actividad serícola y transformación en compost, se caracterizaron tres procesos: el primero, Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali **129**

realizado en el Centro de Estudios Vegetales - La Rejoja, de la Universidad del Cauca, a partir del material sobrante de las podas del cultivo de morera (*Morus sp.*) obtenido a partir de las actividades del proyecto de Sericultura; y dos procesos, desarrollados por dos sericultores de las veredas Clarete Alto (Popayán) y La Muyunga (El Tambo), mediante el aprovechamiento de los residuos generados de la cama de cría del gusano de seda. Como parámetros de caracterización se tuvo en cuenta: tipo y cantidad de residuos, método de transformación de residuos, manejo de las condiciones internas y externas durante el proceso de transformación, duración del proceso y forma de aprovechamiento del producto obtenido.

Resultados y Discusión

Como resultado de la caracterización del manejo de residuos derivados de la actividad serícola de tres procesos, se estableció que en la elaboración de abonos orgánicos se usan adicionalmente y en diferentes proporciones, materiales generados en otras actividades agropecuarias, como: residuos de podas de pasto, arvenses, plátano, cascarilla de café; residuos de la cría de ovejos, conejos, cuyes y ganado bovino; microorganismos eficientes y gallinaza como insumo externo. Los tres procesos transforman residuos mediante pilas de compostaje; sin embargo, en el CEV-La Rejoja se realiza a libre exposición, los materiales se apilan y no se realizan volteos que regulen sus condiciones internas; y, en las fincas de los dos sericultores se hace dentro de una caseta que protege a la pila del impacto directo de las condiciones externas, los materiales usados son fraccionados mediante una máquina pica-pasto y se realizan volteos para regular la temperatura y humedad (parámetros determinados de manera empírica mediante prueba de puño). En el CEV - La Rejoja el proceso dura entre 8 a 12 meses, mientras que en las fincas de los sericultores entre 1 a 2 meses. En los tres procesos se usa el material obtenido como enmienda orgánica para el cultivo de morera.

Conclusión

La sericultura es una actividad que genera grandes volúmenes de residuos, siendo el compostaje un método adecuado para la biodegradación de la materia orgánica que permite dar un manejo agronómico y ambiental; sin embargo, se deben establecer metodologías para desarrollar un adecuado proceso de transformación y aprovechamiento de residuos.

Financiación y Agradecimientos

Proyecto Desarrollo Tecnológico para la Obtención de Productos Orgánicos e Innovadores de Seda Natural Universidad del Cauca, Cooperativa de Sericultores del Departamento del Cauca, Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural del Cauca Directores: Iván Enrique Paz, Germán Álvarez Ayala, Freddy Javier López Molina.

Referencias

CORSEDA (2012)

Gallego y Pérez (2015)

Paz (2018)

IDENTIFICACIÓN MORFOLÓGICA Y COMPROBACIÓN DE PATOGENICIDAD DE AGENTES BIOLÓGICOS ASOCIADOS A *Tabebuia rosea* (Bertol) EN ETAPA DE VIVERO EN MORELIA (RISARALDA)

Daniela Domínguez Castaño¹, Fabiana María Lora Suarez¹, Jairo Enrique Arrubla Rendón².

¹Universidad del Quindío, Programa de Biología, Grupo de Estudio en Ciencias Biológicas y Educación (GICBE). Correo electrónico: danieladominguez24@gmail.com

²Empresa ambiental "Jaimar Soluciones ambientales"

Resumen

Las plantas estas expuestas a agentes que pueden ocasionar efectos nocivos en su desarrollo; es el caso de *T. roseo* que evidencia daños irreversibles en el tejido vegetal, por posibles patógenos identificados como *Colletotrichum*, *Candida* y *Meloidogyne*, los cuales han afectado el crecimiento normal de las plántulas.

Palabras clave: Enfermedad, Patógeno, síntoma.

Abstract

Plants are exposed to agents that can cause harmful effects on their development; This is the case of *T. roseo* that shows irreversible damage to plant tissue, due to possible pathogens identified as *Colletotrichum*, *Candida* and *Meloidogyne*, which have affected the normal growth of seedlings.

Keywords: Disease, pathogen, symptom.

Introducción

Las susceptibilidades de las plantaciones al ataque de organismos dañinos pueden ocasionar efectos nocivos para su desarrollo, cuando se considera que el nivel de daños ocasionado no se puede tolerar, es indispensable determinar la naturaleza del agente causal, sea éste tipo biótico o abiótico; la acertada determinación del problema fitosanitario en un vivero o plantaciones forestales, se fundamenta en un análisis detallado de los factores que la pueden estar afectando. *Tabebuia rosea* es una especie forestal nativa de amplia aceptación en el mercado, que presenta durante su etapa de vivero, limitantes en las fases de germinación, emergencia y sobrevivencia.

Materiales y métodos

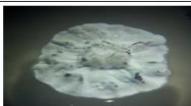
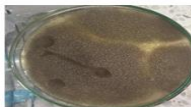
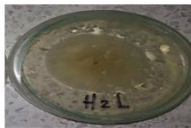

Se tomaron plántulas de vivero, las cuales se les realizó un análisis de los signos y los síntomas, luego un aislamiento y siembra de las zonas estructurales que evidenciaban traumas por agentes externos, estas fueron dedesinfestadas y llevadas un medio de agar papa dextrosa. En las raíces se aislaron organismos del interior los cuales fueron

identificados y conservados en medios estériles. En los cultivos mixtos se identificó los posibles agentes patógenos, los cuales fueron sembrados para obtener cultivos puros, y utilizados en la prueba de patogenicidad, para la inoculación de las estructuras sanas (hojas, peciolo y tallos) y su respectivo control. Se evaluó la afectación de las plántulas por medio de una relación foliar con la altura.

Resultados y discusión

Se aislaron tres géneros de hongos *Colletotrichum*, *Rhizopus*, y *Candida*. Un género de nematodo denominado *Meloidogyne* identificado por medidas morfométricas, es un fitopatógeno, considerados como uno de los principales constituyentes en plagas agrícolas con una gran variedad de cultivos (Goeldi 1892). La prueba de patogenicidad aclara que varios de los síntomas no son consecuencia directa de los patógenos, sino del efecto que tiene el patógeno sobre el hospedero en ciertos ambientes. El patógeno no puede entrar al susceptible debido a características anatómicas especiales de la planta. Cuando estas características se modifican en una dirección favorable para el patógeno, éste queda capacitado para entrar al susceptible y causar enfermedad (Stakman y Hart, 1933), en esta prueba de patogenicidad de *Colletotrichum sp.* y *Candida sp.* evidenciaron relaciones significativas en el proceso de infección principalmente en estructuras foliares a diferencia de *Rhizopus sp.* que no mostro afectación alguno en ninguna de las estructuras de *T. rosea*. En cuanto al afectación de las plántulas estas mostraron una relación significativa entre las deficiencias por los posibles patógenos y su desarrollo normal.

Tabla 1. Identificación de microorganismos aislados de *T. rosea*

Microorganismos	Familia	Género	Foto
Hongos	Glomerellaceae	<i>Colletotrichum</i>	
	Mucoraceae	<i>Rhizopus</i>	
	Saccharomycetaceae	<i>Candida</i>	
Nematodos	Heteroderidae	<i>Meloidogyne</i>	

Conclusión

Se concluye dos nuevos posibles géneros patógenos para *Tabebuia rosea* evidenciados en la prueba de patogenicidad. Y se corrobora que *Meloidogyne* es un patógeno severo

en el guayacán rosado que ocasiona anomalías morfológicas en la raíz; cabe resaltar que es el primer reporte para el departamento de Risaralda.

Financiación y agradecimientos

Agradecimientos a la Universidad del Quindío y el programa de Biología, por los materiales y reactivos prestados, a la empresa “Jaimar Soluciones Ambientales” por el apoyo financiero para el transporte de las plántulas y al grupo GICBE, por las asesorías y recomendaciones dadas para el proyecto.

Referencias

[1] Goeldi, E. (1892). Relatorio sobre a molestia do cafeeiro na provincia de Rio de Janeiro. Arquivos doo Museu Nacional, 8.

[2] Stakman, E., y Hart, H. (1933). The nature of resistance oE cereals to rust. 3rd Int. Congr. Comp. Path. Rept. 12: 253-266.

[3] Teruel, D. (1995). Modelagem do índice de área foliar de cana açúcar em diferentes regimes hídricos. Tesis de maestria. Escola Superior de Agricultura, ESALQ, Piracicaba, 93.

PONENCIAS CIENCIAS AMBIENTALES

MICRONUTRIENTES EN LA BIOMASA AÉREA DE *Schizolobium parahyba* ESTABLECIDO EN RIONEGRO, SANTANDER

Andrés Prato, Miguel Pabón, Jhon Zuluaga

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA)

Correo electrónico: aprato@agrosavia.co

Resumen

El frijolito tuvo una biomasa seca aérea de 63.6 Mg ha⁻¹. Mayor acumulación de Fe ocurrió en las hojas, Cu y Mn en la corteza del fuste y corteza de ramas > 5 cm, mientras para Zn fue en las ramas de 1 a 5 cm de diámetro.

Palabras clave: frijolito, nutrición forestal, reforestación

Abstract

The frijolito had an aerial dry biomass of 63.6 Mg ha⁻¹. Greater accumulation of Fe occurred in the leaves, Cu and Mn in the stem bark and branches bark > 5 cm, while for Zn was in branches of 1 to 5 cm in diameter.

KeyWords: frijolito, forest nutrition, reforestation

Introducción

El frijolito (*Schizolobium parahyba* (Vell.) S.F. Blake) es una leguminosa pionera de crecimiento rápido. En el Centro de Investigación La Suiza de AGROSAVIA localizada en Rionegro, Santander (7°22'11.1" N; 73°10'39.2" O; 530 m de altitud), se encuentra una plantación de frijolito a 5 m x 5 m y establecida en septiembre de 2014. Se cuantificó la distribución de su biomasa aérea y concentración de micronutrientes porque su aporte a la conservación de la fertilidad del suelo podría ser relevante durante la cosecha forestal, como se ha verificado en otras especies (Vogel et al., 2015).

Materiales y métodos

A los 56 meses de establecimiento y durante la estación lluviosa fueron apeados tres árboles, según los valores medios de DAP (18.9 cm) y altura (19.8 m), siendo fraccionados en siete componentes pesados en campo con una balanza digital colgante. Fueron colectadas alícuotas de 0.5 a 1 kg de cada componente y seis discos de 3 cm de espesor de diferentes partes de ramas y fuste. Con los valores de humedad y peso seco (65°C por 72 horas en horno), se estimó la biomasa seca de cada componente y la concentración de micronutrientes (Fe, Cu, Mn y Zn), según los resultados de muestras compuestas (representativa de los tres árboles) enviadas al laboratorio. Para el caso de la corteza del fuste y corteza de ramas > 5 cm de diámetro, se usó una muestra

homogénea para el análisis químico. Los resultados de biomasa seca se expresaron en Mg ha.1.

Resultados y discusión

La biomasa seca total fue de 63.6 Mg ha⁻¹ distribuida en mayor proporción por la madera del fuste con el 63%, seguido por las ramas de 1 a 5 cm de diámetro con el 13.5% (Tabla 1). Para los micronutrientes, la corteza del fuste y corteza de ramas > 5 cm de diámetro acumularon más Cu (27.5 mg kg⁻¹) y Mn (32.9 mg kg⁻¹). Por otro lado, mayor concentración de Fe ocurrió en las hojas (95.2 mg kg⁻¹), mientras que de Zn fue en las ramas de 1 a 5 cm de diámetro (41.4 mg kg⁻¹) (Tabla 1).

Tabla 1. Biomasa seca y distribución relativa (%) de los componentes, y concentración de micronutrientes (Fe, Cu, Mn y Zn) de *Schizolobium parahyba*, a los 56 meses de establecimiento. C.I La Suiza -AGROSAVIA.

Componente biomasa seca (Mg ha ⁻¹) ¹	de	Fe ²	Cu ²	Mn ²	Zn ²
		mg kg ⁻¹			
Hojas	3.49 (5.5)	95.2 2	8.55	29. 5	14.9 3
Ramillas < 1 cm	0.34 (0.5)	40.6 3	14.9 1	14. 91	34.3
Ramas de 1 a 5 cm	8.56 (13.5)	34.6 8	13.7 2	13. 72	41.4 2
Ram as > 5 cm	cortez a 0.91 (1.4)	47.2 1	27.5	32. 92	21.7 1
	mader a 4.44 (7.0)	17.6 8	33.7	5.0 0	6.54
	cortez a 5.96 (9.4)	47.2 1	27.5	32. 92	21.7 1
Fuste	mader a 39.9 (62.7)	21.8 1	19.5	5.0 0	3.46
Total	63.6 (100)				

¹ Calculado para una densidad de siembra de 400 árboles ha⁻¹. ² espectrofotetría

La menor acumulación de micronutrientes se verifico en la madera del fuste y la madera de ramas > 5 cm de diámetro, excepto para Cu que presento valores altos. Los presentes resultados se asemejan a los encontrados por Vogel et al. (2015) para un bosque subtropical de Brasil. También, en una plantación de Eucaliptus dunnii a los cinco años,

el patrón de acumulación de micronutrientes en los componentes de biomasa fue similar (Dick et al., 2017).

Conclusión

El aporte de micronutrientes al suelo vía hojarasca de frijolito tiene gran relevancia en ciclaje de nutrientes y en la conservación de la biodiversidad pues hace parte de los procesos biológicos en el suelo.

Financiación y agradecimientos

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) adscrita al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural.

Referencias

Dick, G., Schumacher, M., Momolli, D., Guimarães, C., Souza, J., Ludvichak, A. 2017. Micronutrients and biomass in *Eucalyptus dunnii* Maiden Stand. *Arvore* 41(1): 1-7.

Vogel, H., Schumacher, M., Trüby P. 2015. Micronutrientes na biomassa acima do solo em uma floresta estacional subtropical. *Cerne* 21 (2): 175-182.

LA ECOLOGÍA DEL SUELO, UNA VISIÓN AMBIENTAL QUE INVOLUCRA A LA SOCIEDAD EN LA URGENCIA DE LAS CRISIS CLIMÁTICA Y SANITARIA ACTUALES

Juan Carlos Linares

Universida de Córdoba. Correo electrónico: jlinares@correo.unicordoba.edu.co

Resumen

Las explicaciones y comprensión del funcionamiento de la complejidad del suelo, debe llegar a la sociedad para gestionar adecuadamente el suelo y ayudar a enfrentar el calentamiento global, la restauración de los ecosistemas terrestre y combatir las enfermedades infecciosas y las plagas para beneficio de la salud de la humanidad.

Palabras Clave: diversidad del suelo, cambio climático, suelos superiores.

Abstract

Explanations and understanding of how soil complexity works, must reach the whole of society to properly manage soil and help tackle global warming, restoring terrestrial ecosystems and combating infectious diseases and pests for the benefit of human health.

Keywords: soil diversity, climatic change, suppressive soils.

Introducción

El suelo es un sistema complejo que involucra biodiversidad y múltiples procesos naturales de implicaciones globales para la vida en la tierra. Reconocido por los servicios ecosistémicos de aprovisionamiento, debido a la perspectiva tradicional de cómo vemos este recurso soporte de la agricultura y lo relacionamos con las plantas cultivadas, aproximándonos a su conocimiento por el desarrollo de las ciencias agrícolas. Pero la visión moderna y la comprensión ulterior alcanzada por múltiples ciencias, nos permite avances en la comprensión del complejo sistema del suelo. Que involucra procesos definitivos, incluso para la evolución de la vida en el planeta tierra.

Materiales y Métodos

El suelo encierra procesos bioquímicos, climáticos, de diversidad, reciclaje, almacenamiento y regulación que sin lugar a duda nos ofrece servicios de abastecimiento, regulación, culturales y de soporte, desestimados hasta ahora. La variabilidad climática registrada como resultado del calentamiento global observado muestran cambios en el régimen de temperatura y en la variación de precipitación (1), estos abruptos cambios tiene consecuencias aun indeterminadas en las actividades humanas y en la respuesta de los ecosistemas naturales, sin embargo se ha establecido que funciones de regulación del suelo y capacidad de servicios que presta, suelos en

mejor condición de conservación son más capaces de amortiguar los cambios regionales o locales. Por efecto de la capacidad de acumular CO₂ y la de retención de humedad con estructuras integras y buenos contenidos de materia orgánica. También el calentamiento global causara efectos sobre la dinámica edáfica, especialmente en lo que tiene que ver con la diversidad.

Resultados y Discusión

Menos precipitación puede impactar negativamente en la biomasa fungal y la menor humedad del suelo afectara el microbioma, descomposición aumentando el CO₂, teniendo mayor efecto sobre zonas mas secas donde la humedad es limitante. (2) De otra parte, la salud de la humanidad depende de un ambiente y suelos sanos. El estado del suelo influye cualitativa y cuantitativamente en la disponibilidad de macro y micronutrientes esenciales, también define la presencia de metales pesados, toxinas y otros contaminantes. Por su capacidad de desnaturalización y filtración de poluentes y pesticidas, tiene influencia en la exposición de riesgos para plantas animales y personas a plagas y patógenos. Pero también se ha establecido que los suelos pueden tener la capacidad de suprimir, atenuar o eliminar patogenicidad de agentes causantes de enfermedades en lo que se conoce como suelos supresores (3). Atribuido a antibiosis, competencia, parasitismo y depredación en virtud de la compleja red de interacciones bióticas. También los atributos físicos del suelo modulan la compleja dinámica química resultante, en un ambiente lleno de enzimas, sustancias húmicas de diferentes tamaños moleculares conjugadas con el complejo de arcillas dinámicas, en un entorno cambiante en los contenidos de humedad, pH y tensiones de gases.

Conclusión

Salvar los suelos del mundo su biodiversidad y procesos microbiales gobernados por el uso de la tierra nos prepara para enfrentar la variabilidad climática, es fundamental para la restauración de los ecosistemas, conservación de la diversidad y asegura la salud y la vida de la humanidad.

Financiación y Agradecimientos

grupo de Biodiversidad Unicordoba.

Referencias

1. Sanches-Moreno S, Ferris H. 2007. Suppressive services of the soil food web: effects of environmental management. *Agric. Ecosyst. Environ.* 119:75–87
2. Orgiazzi, A., Bardgett, R.D., Barrios, E., Behan-Pelletier, V., Briones, M.J.I., Chotte, J-L., De Deyn, G.B., Eggleton, P., Fierer, N., Fraser, T., Hedlund, K., Jeffery, S., Johnson, N.C., Jones, A., Kandeler, E., Kaneko, N., Lavelle, P., Lemanceau, P., Miko, L., Montanarella, L., Moreira, F.M.S., Ramirez, K.S., Scheu, S., Singh, B.K., Six, J., van der Putten, W.H., Wall,

D.H. (Eds.), 2016, Global Soil Biodiversity Atlas. European Commission, Publications Office of the European Union, Luxembourg. 176 pp.

3. Uffe N. Nielsen, Diana H. Wall, and Johan Six Soil, 2015, Biodiversity and the Environment *Annu. Rev. Environ. Resour.* 40:4.1–4.28 pp.

HONGOS SILVESTRES COMESTIBLES EN CUATRO MUNICIPIOS DE LAS VERTIENTES DEL ORINOCO Y DEL MAGDALENA EN ANDES NORORIENTALES, COLOMBIA

Yeina Milena Niño Fernandez, Ehidý Rocio Peña Cañón, Luis Guillermo Henao Mejía

Universidad Tecnológica y Pedagógica de Colombia -UPTC. Correo electrónico: ehidy.pena@uptc.edu.co

Resumen

15 especies de hongos comestibles asociados a *Q. humboldtii*; se resalta el uso de *Pleurotus* spp. y *Ramaria* spp. Información sobre formas de preparación, nombres comunes y épocas de aparición. El uso de hongos involucro intercambio de conocimientos para la conservación de los bosques y la apropiación de servicios ecosistémicos.

Palabras Clave: Uso tradicional, etnomicetología, Importancia cultural, Boyacá.

Abstract

15 species of edible fungi associated with *Q. humboldtii*; Use of *Pleurotus* spp. and *Ramaria* spp. Information on forms of preparation, common names and times of appearance. The use of fungi involved knowledge sharing for forest conservation and the appropriation of ecosystem services.

Keywords: Traditional use, Ethnomycetology, Cultural importance, Boyacá.

Introducción

La documentación etnomicológica en Colombia ha incrementado y está centrada entre las comunidades campesinas e indígenas del país [1]. Existen alrededor de 50 especies de hongos silvestres que son consumidas; los pobladores conocen los sitios donde fructifican, su fenología y productividad. La relación gente-hongos-territorio en Andes Nororientales es un sincretismo de saberes dinámico, recientemente algunos conocedores los han incorporado en su dieta, después de conocer su comestibilidad. Para ampliar la documentación de las formas tradicionales de uso de los hongos silvestres y posibilitar la comparación con otras regiones micetófagas, se estimó el índice de importancia cultural [2].

Materiales y Métodos

La obtención de información y los registros de las especies fúngicas con uso tradicional fueron realizadas en los municipios de San Mateo, Pauna (vertiente del Magdalena) y Miraflores (vertiente del Orinoco) del departamento de Boyacá (Colombia). La Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

metodología estuvo dividida en dos etapas: estimar la diversidad de hongos silvestres comestibles asociados a robledales (*Quercus humboldtii*) Norandinos con la recolección, descripción e identificación del material fúngico; la identificación de las especies se corroboró utilizando claves taxonómicas y asistencia de especialistas. Con la participación de las comunidades y conocedores locales, se realizaron recorridos, entrevistas, talleres y calendarios de cosechas, aparición y caza de hongos para documentar las formas tradicionales de uso de los hongos silvestres y la importancia cultural de las especies. Se buscó que la valoración de la biodiversidad proyectada cuente con los saberes: tradicional y científico

Resultados y Discusión

Se registraron 47 especies de macromicetos asociados a bosques de *Q. humboldtii*; *Suillus luteus*, *Hydnum repandum* var. *repandum*, *Laetiporus sulphureus*, *Lactifluus deceptivus*, *Pluteus cervinus*, *Auricularia auricula-judae*, *Pleurotus* sp., *Hydnum repandum* var. *album*, *Lentinula* aff. *aciculospora*, *Pleurotus* sp., *Laetiporus sulphureus*, *Ramaria* sp.1, *Ramaria* sp. 2, *Lepista nuda* y *Russula brevipes*, corresponden a 15 especies de hongos silvestres comestibles (Figura 1), catalogadas como un servicio ecosistémico de provisión para las comunidades locales [3]. Se recopiló información relacionada con la forma de preparación de los hongos como parte de guisos, sopas, asados o crudas con sal. Son nombrados comúnmente con adjetivos relacionados a su morfología y/o sustrato. Las épocas de aparición corresponden a los meses de abril a mayo y de julio a noviembre de acuerdo con los regímenes de precipitación de los municipios. Se resalta la importancia del uso de *Pleurotus* spp. (orejas blancas, congos, nacumas) como un hongo silvestre comestible apreciado entre los habitantes de Miraflores y Pauna; *Ramaria* spp. (Manitas, Manos, Pericocas) se distinguen por su palatabilidad y aprovechamiento por la comunidad en Pauna. Se documenta el uso de *Bovista* sp. para aliviar la pañalitis en San Mateo, no obstante, no existe consumo de hongos silvestres en este municipio.

Conclusión

La participación de la comunidad en la trasmisión del saber ancestral sobre el uso de hongos involucra un intercambio de conocimientos que debe verse reflejado en el mejoramiento de metodologías y el fortalecimiento de argumentos de los habitantes para la conservación de los bosques y apropiación de sus servicios ecosistémicos.

Financiación y Agradecimientos

Esta investigación está financiada por el Fondo Nacional de Financiamiento para la Ciencia, la Tecnología y la Innovación, el Fondo Francisco José de Caldas, MINCIENCIAS, la Gobernación del Departamento de Boyacá y la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

Referencias

Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020
Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

[1] Peña, R. Eno, L. G. (2014). Conocimiento y uso tradicional de hongos silvestres de las comunidades campesinas asociadas a bosques de roble (*Quercus humboldtti*) en la zona de influencia de la Laguna de Fúquene, Andes Nororientales. *Etnobiol.* 12 (3): 28-40.

[2] Garibay-Orijel, R. Caballero, J. Estrada-Torres, A. Cifuentes, J. (2007). Understanding cultural significance, the edible mushrooms case. *J. Ethnobiol. and Ethnomed.* 3, 4. <https://doi.org/10.1186/1746-4269-3-4>.

[3] Melgarejo E. (2014). Dos hongos silvestres comestibles de la localidad de Incachaca, Cochabamba (Yungas de Bolivia). *Acta Nova.* 6(4): 521-522.

BACTERIAS CIANO REDUCTORAS AISLADAS DE SUELOS TRANSFORMADOS POR MINERÍA DE ORO EN EL DEPARTAMENTO DEL QUINDÍO

Geraldine Gordillo Rodas, Benyi Juliana Marin Gallego, Fabiana Maria Lora Suarez, Nelsy Loango Chamorro

Universidad del Quindío. Correo electrónico: ggordillor@uqvirtual.edu.co

Resumen

Cerca del 23.49% del territorio del departamento del Quindío está siendo afectado por la explotación minera; a partir de suelos de estas zonas se logró aislar bacterias como: *Proteus vulgaris*, *Vibrio fluvialis*, *Kluyvera ascorbata*, *Pantoea agglomerans* y *Citrobacter freundii*, capaces de reducir el 80% de cianuro de sodio a una concentración.

Palabras Clave: Biodegradación, Degradación bacteriana, contaminación con NaCN.

Abstract

About 23.49% of the territory of the department of Quindío is being affected by mining; from soils in these areas it was possible to isolate bacteria such as: *Proteus vulgaris*, *Vibrio fluvialis*, *Kluyvera ascorbata*, *Pantoea agglomerans* and *Citrobacter freundii*, capable of reducing cyanide to 4 ppm in vitro culture media.

Keywords: Biodegradation, bacterial degradation, NaCN contamination.

Introducción

La cianuración, proceso en el cual se da la recuperación del 90% del oro presente en minerales mediante la utilización del cianuro de sodio, ocasionando contaminación del agua tierra. Sin embargo, el cianuro de sodio se puede transformar en compuestos menos tóxicos e inofensivos mediante la biodegradación utilizando microorganismos, como bacterias. El 0.4% de los páramos de Colombia y el 23.49% de territorio del Quindío está siendo afectado por la explotación minera, se pretende determinar la presencia de bacterias cianuro-reductoras en suelos con explotación minera en el departamento del Quindío, mediante la siembra en medios de cultivo in vitro.

Materiales y Métodos

Se tomaron 200gr de suelo en zonas transformadas por minería de oro en el Quindío. Las bacterias aisladas se sembraron en caldo peptonado para el enriquecimiento bacteriano y las cepas puras, se inocularon en medio nutritivo; posteriormente fueron sembradas en medio con NaCN a 0,5 ppm, y se seleccionaron las bacterias con potencial reductor, las cuales se sembraron posteriormente a 1, 2, 3 y 4 ppm. La dinámica de crecimiento se evaluó con datos de absorbancia, y la reducción del NaCN en un espectrofotómetro UV-VIS sobre una curva de calibración. Se identificaron las bacterias

que sobresalieron por reducir NaCN con CRYSTAL MIND. Para determinar si las bacterias estaban reduciendo o bioacumulando el NaCN, se realizó una lisis mecánica, y un análisis de (FTIR) para determinar a qué compuestos estaba siendo transformado el NaCN. Finalmente se realizó un modelo lineal general para evaluar la reducción del compuesto en el tiempo.

Resultados y Discusión

Se aislaron un total de 14 morfotipos de las muestras de suelo, de los cuales se identificaron 5 bacilos gram negativos capaces de degradar el NaCN. *Citrobacter freundii*, fue reportada por degradar cianuro de potasio (Porteret al., 1979) en nuestro estudio redujo hasta un 76% de NaCN. *Proteus vulgaris* y *Vibrio fluvialis* se ha reportado que son capaces de reducir hidrocarburos hasta un 9,26 %; en este trabajo se observa que redujeron hasta un 80% (Fig. 1) y 40% de NaCN respectivamente (Ramirez et al., 2016). *Kluyvera ascorbata* y *Pantoea agglomerans* redujeron hasta un 70% y 72% del NaCN; se ha reportado, que son bacterias fijadoras de nitrógeno en el suelo y actúan en el ciclo biológico del mismo, revirtiendo la reducción y degradación del suelo permitiendo la conservación del mismo. La lisis mecánica, determinó que estaban reduciendo el compuesto y en el análisis de degradación de NaCN por FT-IR, evidenció la transformación del compuesto posiblemente a aminas primarios y secundarias visibles entre 2,400 y 3,400 cm^{-1} , esto debido a que la cianotrofia, es la transformación de cianuro a amonio mediante una ruta bioquímica bacteriana capaz de disociar este compuesto convirtiéndolo a compuestos nitrogenados asimilables en el medio (Moreno., 2019).

Conclusión

Se aislaron 14 morfotipos de bacterias, de los cuales el 40% se destacaron por su potencial degradador de NaCN siendo *P. vulgaris*, *V. fluvialis*, *K. ascorbata*, *P. agglomerans* y *C. freundii* las que mejor redujeron el NaCN, y se determinó que la totalidad de las bacterias son bioreductoras y no bioacumuladoras.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos al Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y educación (GICBE), Programa de Biología, al Grupo de Investigación en Ciencia Aplicada para el Desarrollo de la Ecorregión (GICADE), Programa de Química.

Referencias

Moreno, C. 2019. Asimilación de cianuro por bacterias. “lo que no mata engorda” SEBBM divulgación la ciencia al alcance de la mano. Disponible en: https://www.sebbm.es/web/images/archivos/archivos_tinymce/julio2014_conradomorenovivian.pdf. Consultado: 02/06/2019

Porter, N., y Knowles, C. J. (1979). Cyanide-resistant growth in *Citrobacter Freundii* and other Enterobacteriaceae. *FEMS Microbiology Letters*, 5(5), 323-326.

Ramírez, B., Hidalgo, A., Viera, P., Ordinola, Z., Ramirez, S., Palacios, M., y Ordinola, M. (2016). Eficiencia de las bacterias del manglar Tumbes en la biorremediación de suelos contaminados con petróleo. Universidad Nacional De Tumbes.

DESCONTAMINACIÓN DE UN COLORANTE CATIONICO MEDIANTE EL USO DE MATERIALES ADSORBENTES DE ORIGEN LIGNOCELULÓSICO, TRATADOS QUÍMICA Y TÉRMICAMENTE

Julieth Michel Petano-Duque, Laura Constanza Collazos-Joven, Luis Fernando Rodríguez-Herrera, Cesar Augusto Jaramillo-Páez

Universidad del Tolima. Correo electrónico: jmpetanod@ut.edu.co

Resumen

Se evaluó la capacidad de adsorción de Violeta de Genciana sobre 8 materiales preparados a partir de cascarilla de arroz mediante tratamiento químico y térmico. Se encontró que los materiales tratados removían más del 60% del colorante mientras que el material sin ningún tratamiento muestra menor capacidad de adsorción.

Palabras Clave: Cascarilla de arroz, Violeta de Genciana, adsorción.

Abstract

Adsorption capacity of Gentian Violet was evaluated on 8 materials prepared from rice husk by chemical and thermal treatments. It was found that the treated materials removed more than 60% of the dye while the material without any sample treatment had lower adsorption capacity.

Keywords: Rice husk, Gentian violet, adsorption.

Introducción

Los colorantes en aguas residuales generan un alto impacto ambiental por la disminución de la zona fótica y una probable pérdida de biodiversidad (1). Debido al elevado uso a nivel industrial de los colorantes y a la mala disposición que hacen de ellos, se ve la necesidad de buscar opciones eco-amigables para el tratamiento de efluentes contaminados. Una alternativa es el uso de un residuo lignocelulósico de la región como la cascarilla de arroz (2). La cascarilla de arroz modificada se ha utilizado para la remoción de metales pesados y otros contaminantes como los colorantes catiónicos (2).

Materiales y Métodos

Se prepararon materiales adsorbentes a partir de cascarilla, mediante tratamiento químico (HCl 0.5 M luego NaOH 0.5 M) y térmico a 300, 500 y 700 °C. RH corresponde a la cascarilla sin tratar y RHc a la cascarilla tratada químicamente, los números (300, 500 y 700) indican las temperaturas a las cuales se realizaron los tratamientos térmicos. Como adsorbato se utilizó Violeta de Genciana (VG). Con una relación adsorbato/adsorbente de 3 g/L, se evaluó el tiempo de contacto. Se realizaron ensayos

a diferente concentración del adsorbato. Se determinó la influencia del pH entre 5 y 8. Los resultados obtenidos, se modelaron con las isothermas de Langmuir y Freundlich y se determinó la cinética del proceso. La variación en la concentración del colorante se realizó por espectrofotometría UV-Vis a un $\lambda_{\text{máx}} = 585 \text{ nm}$. Todos los ensayos se realizaron por triplicado.

Resultados y Discusión

Se presume que la alta adsorción de RH500, RHc500 y RHc700 se deba a los altos niveles de sílice presente en la cascarilla de arroz (3). Y la adsorción de RHc y RHc300 posiblemente sea favorecida por las interacciones químicas entre los grupos hidroxilo de la cascarilla y las moléculas del colorante (2). Los materiales que presentaron mayor remoción del colorante se modelaron con las isothermas de Langmuir y Freundlich, encontrando que RHc y RHc300 se ajustaron a la isoterma de Langmuir y RH500, RHc500 y RHc700 a la isoterma de Freundlich, lo que nos permite inferir que la superficie de RHc y RHc300 es homogénea, mientras que la de los otros materiales es heterogénea (2). Con estos mismos materiales se evaluó la influencia del pH, encontrando que la remoción del colorante no se ve afectada, excepto para RHc300, que a pH=8, aumentó la adsorción a 85%. La cinética de los materiales se ajusta al modelo de pseudo segundo orden con un tiempo de equilibrio cercano a 1 h.

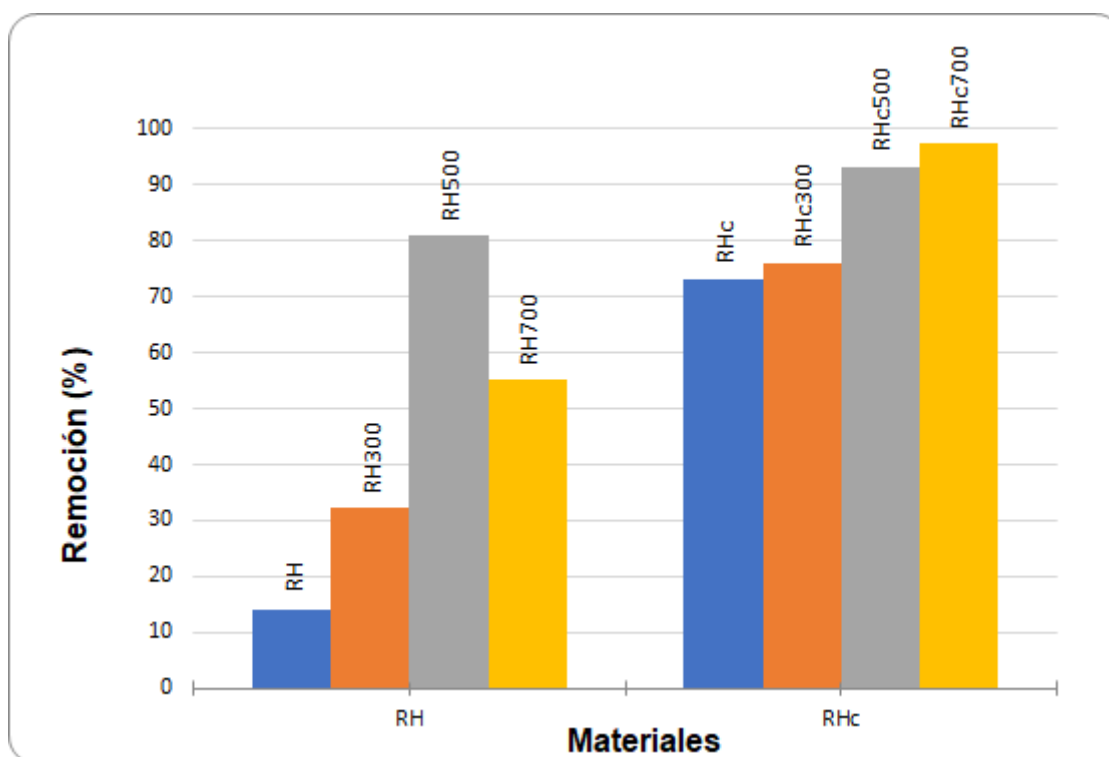


Figura 1.

Conclusión

La cascarilla transformada es un buen material adsorbente de colorantes catiónicos. El pH evaluado no afecta la remoción del colorante. Se debe evaluar la relación costo beneficio a la hora de preparar materiales adsorbentes. El mejor material adsorbente es RHc700 alcanzando una remoción máxima del 98%.

Financiación y Agradecimientos

Oficina de Investigaciones y desarrollo científico Universidad del Tolima.

Referencias

- [1]. Ocampo, M. B., Londoño, A., Giraldo, G. I., & Sanabria, N. R. (2017). Remoción de mercurio en lixiviados de un relleno sanitario empleando carbón activado impregnado con azufre. *Producción + Limpia*, 12(2):1-41. DOI: 10.22507/pml.v12n1a4
- [2]. Chakraborty, S., Chowdhury, S., & Das Saha, P. (2011). Adsorption of Crystal Violet from aqueous solution onto NaOH-modified rice husk. *Carbohydrate Polymers*, 86(4), 1533-1541. Doi:10.1016/j.carbpol.2011.06.058
- [3]. Doria, M. G., Hormaza, A., & Gallego, D. (2013). Caracterización estructural de la cascarilla de arroz modificada como adsorbente alternativo y eficiente para la remoción de Cr (VI) en solución. *Rev Investig Agrar y Ambient*, 4(1):21-29.

VEGETACIÓN Y ESPECIES POTENCIALES PARA LA RESTAURACIÓN ECOLÓGICA DEL PÁRAMO PAN DE AZÚCAR, DUITAMA, BOYACÁ

Oscar Roa-Casas, Deisy Ramírez-Montoya, David Hernández-Velandia, Francisco Cortes-Pérez

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia – UPTC. Correo electrónico: oscar.roa@uptc.edu.co

Resumen

El páramo Pan de Azúcar es una de las principales fuentes de agua de Duitama (Boyacá), pero se conoce poco de su vegetación, y por eso el objetivo fue determinar la composición y estructura vegetal e identificar las especies con potencial para la restauración ecológica de este páramo.

Palabras Clave: Páramo seco, Vegetación de páramo, Fuentes de agua.

Abstract

The Pan de Azúcar páramo is one of the main sources of water in the municipality of Duitama (Boyacá), but little is known about its vegetation, and therefore the objective was to determine the composition and plant structure and identify the species with potential for restoration ecological of this páramo.

Keywords: Dry moorland, Paramo vegetation, water resource.

Introducción

Los páramos son ecosistemas de alta montaña que se encuentran en Sudamérica sobre la cordillera de los andes en Colombia, Ecuador, Perú y Venezuela, que brindan varios servicios ecosistémicos como: regulación hídrica, del clima y los ciclos biogeoquímicos, hábitat para muchas especies, polinización, almacenamiento de carbono, entre otros. El páramo Pan de Azúcar ubicado en el municipio de Duitama – Boyacá es de gran importancia, pero se conoce poco de su vegetación, y por eso el objetivo fue determinar su composición y estructura vegetal e identificar las especies con potencial para la restauración ecológica de los páramos secos.

Materiales y Métodos

Realizamos muestreos de octubre a enero del 2019-2020. Usando mapas identificamos las coberturas vegetales (Corine land Cover, 2010), y en salidas de campo identificamos tres unidades de vegetación, instalado para cada una de ellas parcelas de 128 m² para herbazales, de 64 m² del Arbustales y 25 m² para la plantación forestal. Usando una grilla de georreferenciación sobrepuesta al mapa determinamos aleatoriamente los puntos geográficos de las parcelas. Tomamos datos de altura, cobertura, CAP ≥ 4 cm, y

diámetro del tallo parte basal de las especies. Recolectamos muestras de cada especie que se almacenaron en el herbario de la UPTC. Aplicamos los índices de riqueza específica, índice de Shannon-Wiener y de Simpson, el índice de importancia ampliado (IIA) (Lozada, 2010), y el índice de importancia simplificado (IIS) (Ramírez, 2006). Construimos una tabla de atributos vitales de las especies que permitió identificar aquellas con mayor potencial en la restauración de páramos.

Resultados y Discusión

Se encontraron un total de 106 especies distribuidas en 32 familias: Asteraceae, Poaceae, Rosaceae, Cyperaceae, Hypericaceae y Ericaceae; géneros como *Pernettya*, *Vaccinium*, *Gynoxis*, *Espeletia*, *Gaultheria*; *Castratella*, *Puya*, *Espeletia*, *Pentacalia*, *Valeriana*, *Gentianella* y *Baccharis*, y especies como *Calamagrostis effusa*. La riqueza específica fue $S=55$ en el herbazal, $S= 43$ en el arbustal y $S= 23$ en la plantación forestal, el índice de Shannon-Wiener fue mayor en herbazal con un 2.85, y el de Simpson fue mayor en la plantación forestal con un 0.52. Para el arbustal los valores más altos de IIA se presentaron en las especies *Hypericum* sp6, *Hypericum* sp5 y *Baccharis* sp2, *Lachemilla* sp2 y *Monina* sp1, y en la plantación forestal el IIA mayor se presentó para la especie *Pinus patula* y *Calamagrostis effusa*. En el herbazal el IIS para todas las especies estuvo por debajo del 30%. De todas las especies registradas se observó que las de hábito arbustivo como *Bucquetia glutinosa*, *Chusquea tessellata*, *Monnina salicifolia*, *Ageratina tinifolia*, *Arcytophyllum nitidum* tuvieron un mayor número de atributos vitales y se caracterizan por tener la capacidad de formar banco de semillas del suelo, establecerse en áreas transformadas, servir de refugio para la fauna y ser especies captadoras de neblina.

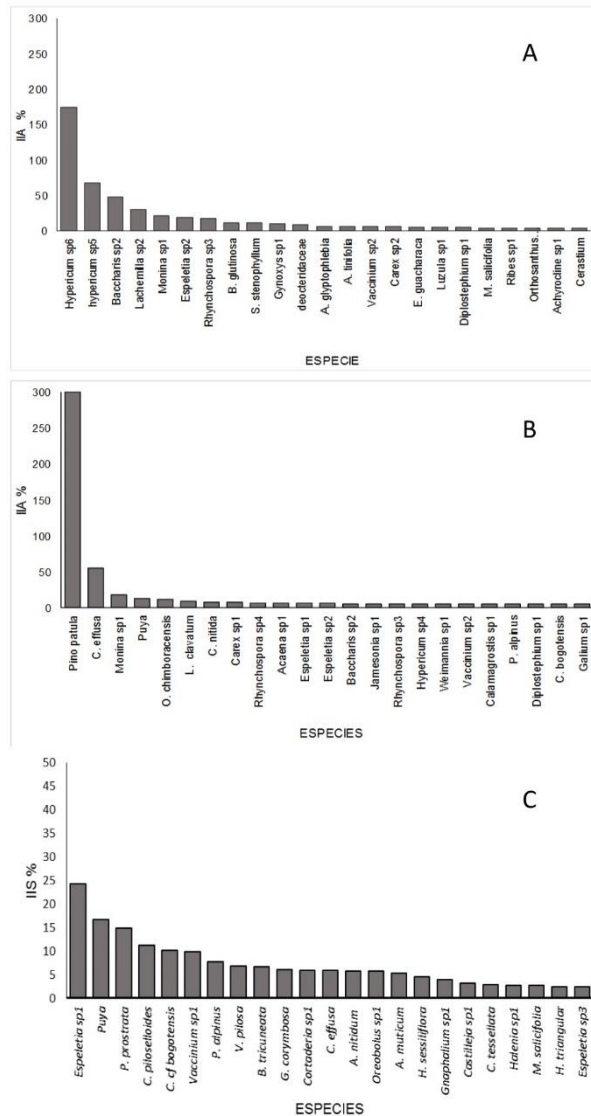


Figura 1.

Conclusión

Las familias representativas ASTERACEAE e HYPERICACEAE. *C. effusa* *Pernettya*, *Vaccinium*, *Gynoxis*, *Espeletia*, *Gaultheria* y *Castratella* indican una recuperación natural. *Hypericum* y *Espeletia* altamente representadas debido a sus mecanismos de dispersión. *B. glutinosa*, *C. tessellata*, *M. Salicifolia*, *A. tinifolia*, *A. nitidum* y *Baccharis* sp. tienen el potencial de restauración en páramos.

Financiación y Agradecimientos

A la gobernación de Boyacá, a la UPTC y el grupo EBAC, Empoduitama SA ESP, Corpoboyacá y TIBAIRA como entidades aliadas del proyecto “Efecto de captadores de

niebla y plantación de especies nativas para la recuperación del agua en la laguna Pan de Azúcar, Duitama-Boyacá” de la convocatoria 794 de MINCIENCIAS.

Referencias

IDEAM, 2010. Leyenda Nacional de Coberturas de la Tierra. Metodología CORINE Land Cover adaptada para Colombia Escala 1:100.000. Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales. Bogotá, D. C., 72p.

Lozada, J. (2010). Consideraciones metodológicas sobre los estudios de comunidades forestales. *Rev. Forestal Venezolana*, 54(1), 77–88.

Ramirez, A. (2006). *Ecología: métodos de muestreo y análisis de poblaciones y comunidades*. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá.

ECOTOXICIDAD DE NANOPARTÍCULAS DE ZnO SINTETIZADAS POR LA TÉCNICA SOL-GEL EN LA ECLOSIÓN DE *Artemia sp.*

Nelson Fernando Niño Gutierrez, César Augusto Jaramillo Páez, Ximena Carolina Pulido Villamil

Universidad del Tolima. Correo electrónico: nfninog@ut.edu.co

Resumen

Durante los últimos años se han desarrollado diferentes productos de uso cotidiano a base de nanopartículas de ZnO, sin embargo, se desconoce acerca de su impacto a nivel ambiental. Por esta razón, este trabajo de ecotoxicología utiliza como modelo *Artemia sp.* para determinar la toxicidad en los procesos de eclosión.

Palabras Clave: Nanopartículas, ZnO, *Artemia sp.*

Abstract

In recent years, different products for daily use based on ZnO nanoparticles have been developed, however their impact on the environment is unknown. For this reason, this ecotoxicology work uses *Artemia sp.* to determine toxicity in hatching processes.

Keywords: Nanoparticles, ZnO, *Artemia sp.*

Introducción

El uso de nanopartículas ZnO se ha incrementado en sectores como ciencia y tecnología; lo que ha diversificado la variedad de aplicaciones disponibles, entre las que están: energéticas, biomédicas, cosméticas y de cuidado personal. Sin embargo, esta producción masiva, genera desechos que puede conducir a una nueva clase de peligros ambientales, debido a los efectos secundarios que pueden causar en los diferentes organismos. Por lo que la implementación de un modelo biológico útil como lo es *Artemia sp.* para diferentes pruebas toxicológicas es una herramienta útil para conocer el verdadero impacto que pueden generar los mencionados en los sistemas biológicos [1],[2].

Materiales y Métodos

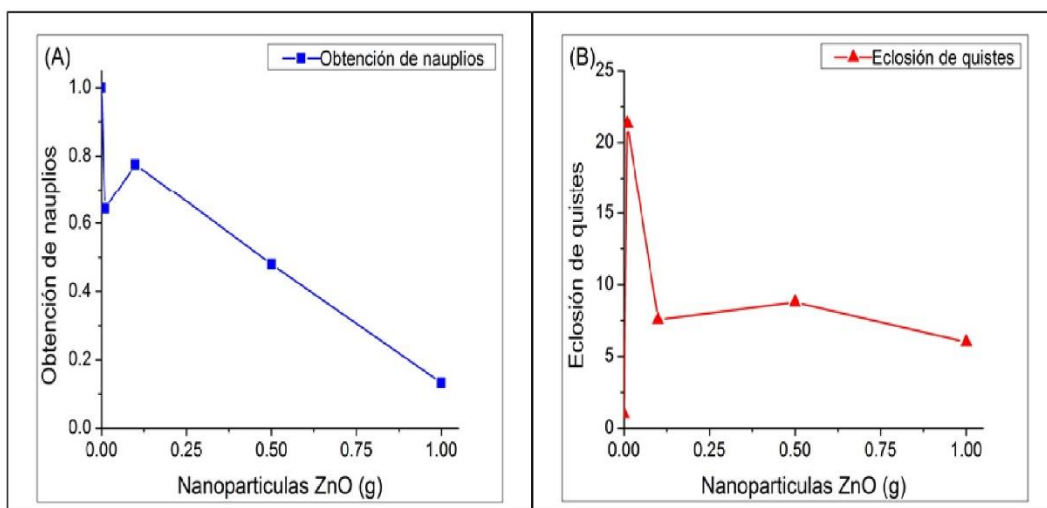
Las nanopartículas ZnO se sintetizaron vía sol-gel, a partir de soluciones de acetato de zinc y carbonato de sodio con agitación constante; posteriormente se lavaron, filtraron y calcinaron a 600°C durante 2-horas. Para los ensayos de toxicidad con *Artemia sp.* se hidrataron 0.025g de quistes en 250mL de H₂O destilada durante 1-hora, se seleccionaron los quistes viables, y se incubaron en una solución con el nanomaterial a

concentraciones entre 0.01-1g en 100mL de H₂O destilada. Luego se llevó la solución a un fotorreactor bajo agitación constante e irradiación solar simulada durante 2-horas. Finalmente, se lavaron los quistes, se transfirieron a 100 mL de solución salina, y se distribuyeron en cinco recipientes. Pasados 72-horas, se realizó un conteo de nauplios y quistes eclosionados post-filtración del material; con estos datos obtenidos se realizó el análisis con la prueba de Shapiro Wilk y ANOVA y también se determinó el porcentaje de eclosión [3].

Resultados y Discusión

Los resultados obtenidos permitieron identificar el efecto de la concentración de nanopartículas ZnO sobre dos estadios de *Artemia sp* durante el proceso de eclosión. En el estadio de nauplio se pudo demostrar la influencia de la concentración del nanomaterial, viéndose ampliamente disminuido la generación de ésta al aumentar la cantidad de ZnO presente en la solución, alcanzándose una diferencia de 11.76 veces menos cantidad de individuos obtenidos entre la muestra patrón y la máxima concentración de ZnO. Igual comportamiento se observó en los quistes eclosionados, donde se evidenció un aumento significativo en su obtención, al alcanzar un máximo de 20.95% para luego disminuir a 12.47% con 0.01 y 1g de ZnO en disolución, esto representa 6.46 y 3.84 veces mayor cantidad de quistes eclosionados respectivamente con relación a la muestra patrón (Figura-1); con esto se evidencia que el exceso de ZnO en el medio de eclosión afecta el inicio del desarrollo de la especie. Por consiguiente, las dos variables analizadas presentaron diferencias significativas entre los tratamientos evaluados según lo demostró el ANOVA con un p-valor de <0.0001. De manera que el ZnO promueve la eclosión efectiva de *Artemia sp*. a bajas concentraciones, pero afecta considerablemente la formación de los nauplios.

Figura 1. Efecto de Nanopartículas ZnO sobre dos diferentes estadios de *Artemia sp*. **A.** Obtención de nauplios. **B.** Eclosión de quistes.



Conclusión

La presencia de nanopartículas ZnO en el medio de desarrollo de *Artemia* sp. altera significativamente tanto la eclosión de los quistes al promover su obtención cuando se aumenta la concentración de nanomaterial, como también la formación de los nauplios que disminuye conforme se adiciona ZnO al medio de desarrollo.

Financiación y Agradecimientos

Universidad del Tolima, Laboratorio de Química Aplicada a Procesos Ecológicos (QUAPE) y Laboratorio de Microbiología y Micorrizas (LMM).

Referencias

[1] Gajardo, Gonzalo, M., & Beardmore, John, A. (2012). The brine shrimp *Artemia*: adapted to critical life conditions. *Frontiers in Physiology*, 3:1–8.

[2] Kolahalam, L, A., Viswanath, I, V., Diwakar, B, S., Govindh, B., Reddy, V., & Murthy, Y, L, N. (2019). Review on nanomaterials: Synthesis and applications. *Materials Today: Proceedings*, 18: 2182–2190. [3] Sorgeloos, P., Lavens, P., Lè, P., & Versichele, D. (1986). Manual Para El Cultivo Y Uso De *Artemia* En Acuicultura. <http://www.fao.org/3/AB474S/AB474S00.htm>

ORGANIC CARBON FEATURES AND PROVENANCE IN CORES SEDIMENTS AT THE ATRATO RIVER DELTA, COLOMBIA

Liliana Betancurth, Julio Cañón

Universidad de Antioquia. Correo electrónico: gliliana7@gmail.com

Resumen

En los sedimentos someros del Delta del Atrato - Colombia, se estimó el contenido de Carbono Orgánico (CO) y su relación con el tamaño de grano. La distribución espacial del CO se determinó realizando perforaciones en ciénagas y bahías. Se hallaron concentraciones significativas de CO en ambientes lacustres y marinos.

Palabras Clave: Delta del Atrato, Carbono Orgánico, Sedimentos de núcleo, granulometría.

Abstract

The shallow sediments of Atrato Delta - Colombia were studied to estimate the Organic carbon (OC) content and its relationship with grain size. The spatial distribution of OC was determined by drilling three swamps and three bays. High abundances of OC are present in both lacustrine and marine settings.

Keywords: Atrato Delta, Organic Carbon, Core sediments, grain size.

Introducción

Atrato Delta (AD) clusters a variety of sediments that differ in size, mineralogical, chemical composition and organic matter content. AD frames a very significant ecosystem with a stream net, the Atrato river and its secondary outflows, swamps, mangroves and estuary ending into the Uraba Gulf. The OC content is high in swamps and evidences the alternation of warm and humid periods with peaty levels. OC content on the bays is high and reflects the source of the fluvial inputs as well mangroves. This research offers new knowledge about this fluvial-marine setting and its importance for capture and accumulation of OC.

Materiales y Métodos

AD is at the Norwest corner of Colombia next to the Gulf of Urabá (76°55 E - 8°00" N y 77°00"E - 8° 20" N). Core sediments (180 cm depth) at six localities within Atrato delta and connected bays at Urabá Gulf, were sampled using a Livingstone Bolivia Piston in February 2018. The calcination losses (LOI) for 41 subsamples were analyzed in a process of weighing and drying at 105 ° C for 24 hours and then heated at 550°C for four hours. Both Organic Matter (OM) and Organic Carbon (OC) were quantified [1]. For grain size estimation, subsamples were treated with 10% HCl for two hours removing

carbonate content and then treated with 15% H₂O₂ for 24 hours to avoid the organic matter content and treated with Na₂PO₅ preventing particles coagulation. The analysis were performed with a Laser Particle Sizer (Beckman Coulter LS13320) using the Laser Diffraction method.

Resultados y Discusión

OC content varies from 4 – 29% in swamps reflecting the alternation of warm and humid periods. This OC fraction is supported by the presence of peaty levels with fine grain sediments layers intercalation (mud and silty size) in swamps cores. OC content at the bays (located near the river influence) varies from 4 – 18% and shows similar values compared to swamps, evidencing the influence of the fluvial organic matter inputs and the coastline mangroves (fig. 1). However peaty levels are not detected in marine setting, where the OC fraction is scattered along the cores depths but not related with visible peaty accumulation is an exact period of time. We considered the tidal and waves action and the salty wedge [3] are the major responsible of the decreasing, fractioning, scattering and OC removing at the marine sites. Regarding the weather conditions of the area (dry season: December - February; raining season: March - November); it exists a clear mixture between the warm temperatures and wet rainfall regimes [2]. This mixture favors the continuous and high contribution of organic matter from the Atrato river that feeds both swamps and bays. High OC content is linked mainly to small grain size.

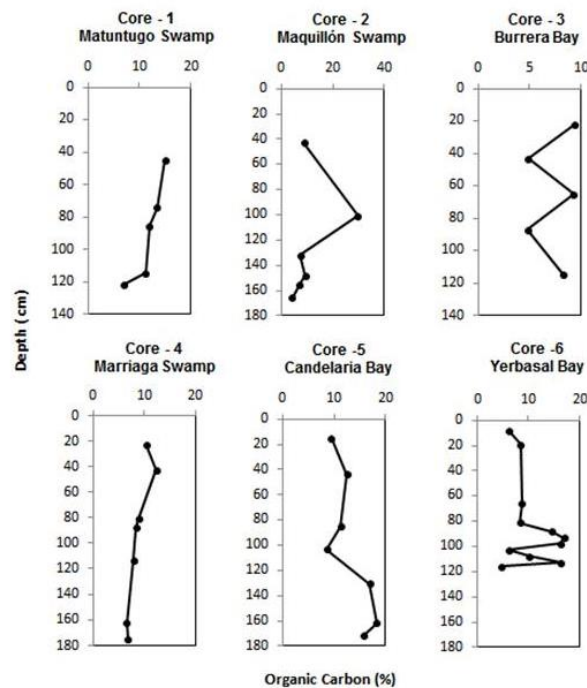


Figura 1.

Conclusión

OC content is not restricted to lacustrine setting as expected and shows also important values at the marine settings. A strong allochthonous source derived from the continental erosion and captured during transport as well the OM derived from mangroves are the responsible of the OC distribution along the Delta.

Financiación y Agradecimientos

This research was partially funded by the Colombian Administrative Department of Science, Technology and Innovation (COLCIENCIAS) as part of the PhD. research (Call 727/2015). We greatly appreciate the technical support and use of the GAIA Research group and the Spectrometry laboratories of the University of Antioquia, as well to the Laboratories of the University of Cologne – Germany for grain size analysis.

Referencias

[1] Van Bemmelen, J.M. 1890. Über die bestimmung des wassers, des humus, des schwefels, der in den colloïdalen silikaten gebundenen kieselsäure, des mangans u. s. w. im ackerboden. Die Landwirthschaftlichen Versuchs-Stationen 37, 279-290.

[2] Khodse, V. B., & Bhosle, N. B. (2012). Nature and sources of suspended particulate organic matter in a tropical estuary during the monsoon and pre-monsoon : Insights from stable isotopes ($\delta^{13}\text{C}$ POC , $\delta^{15}\text{N}$ TPN). Marine Chemistry, 145–147, 16–28.

[3] Galeron, M. A. et al., (2018). Lipoxygenase-induced autoxidative degradation of terrestrial particulate organic matter in estuaries: A widespread process enhanced at high and low latitude. Organic Geochemistry, 115, 78–92.

USO DE SIG PARA ESTABLECER CONFLUENCIA DE DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DEL OSO ANDINO (*Tremarctos ornatus*) CON EL SINAP EN COLOMBIA

Claudia Alejandra Idrobo Montañez, Gina Alejandra González Caro, Deisy Lorena Ahumada Becerra

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia- UPTC. Correo electrónico: claudia.idrobo@uptc.edu.co

Resumen

Se buscó establecer la confluencia de las áreas protegidas con los esfuerzos de conservación del Oso Andino; tomando datos de observaciones de SIB Colombia y usando SIG se obtuvieron tres mapas. El 82% de los registros coinciden geográficamente. Indicando que el SINAP contribuye con la conservación del oso.

Palabras Clave: Áreas protegidas, Conservación, Observaciones, Oso Andino y Porcentaje de confluencia.

Abstract

It was sought to establish the confluence of the protected areas with the conservation efforts of the Andean Bear; Taking data from observations from SIB Colombia and using GIS, three maps were obtained. 82% the records coincide geographically, indicating that SINAP contributes to the conservation of the bear.

Keywords: Andean Bear, Confluence percentage, Conservation, Observations and Protected areas.

Introducción

El oso andino (*Tremarctos ornatus*), es el único úrsido en Latinoamérica, habita desde los 250 - 4750 msnm¹. Se distribuye desde Colombia hasta Argentina². Está catalogado como vulnerable por la UICN, el CITES; en Colombia también se tiene la misma categoría. Colombia creó el Sistema Nacional de Áreas Protegidas en pro de la conservación de especies de interés, como el Oso Andino. Teniendo en cuenta que estas no necesariamente coinciden, se emplearon herramientas SIG para establecer digitalmente si las áreas protegidas del país confluyen geográficamente con los esfuerzos de conservación del Oso Andino.

Materiales y Métodos

La metodología empleada comprende tres etapas, inicialmente la obtención de información del portal de datos en el Sistema de información sobre Biodiversidad de Colombia (SiB Colombia). Seguida por el tratamiento de datos, donde se categorizaron en avistamientos por observación directa (humana) y observación mecánica, Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

posteriormente se excluyeron los registros duplicados en cada una de las zonas. La tercera etapa fue el procesamiento de datos, en la que se generaron salidas gráficas (mapas), de los datos obtenidos en la etapa anterior, empleando el software QGIS versión 3.8. Adicionalmente se determinó la relación de los puntos evaluados, con el sistema de áreas protegidas.

Resultados y Discusión

Se elaboraron tres mapas, el primero de la distribución de observaciones directas (humanas), el segundo de observaciones mecánicas y el tercero de la unión de todos los avistamientos evaluados. De otro lado, con ayuda del software Excel se determinó el porcentaje de confluencia, encontrando que el 82% de los avistamientos confluyen en áreas protegidas y el del restante 13.5% se encuentran en zonas limítrofes de estas. Se encontró que 16 avistamientos tanto mecánicos como humanos se encuentran en la cordillera Oriental, lo que concuerda con lo reportado por Parra-Romero et al. (2019) quien menciona que las Corporaciones Autónomas Regionales de Corpochivor, CAR Cundinamarca, Corpoboyacá, Corpoguvio, Corporinoquia y Cormacarena, junto con seis PNN, así como el SFF Guanentá Alto Río Fonce acordaron la coordinación de acciones de protección y conservación de la especie, con el apoyo de la Alianza para la Conservación del Oso Andino (ABCA) y Wildlife Conservation Society (WCS). Respecto a la cordillera Occidental y Central se reportaron 62 avistamientos cada una que coinciden con los esfuerzos que se vienen realizando en el corredor de conservación asociado a los Parques Nacionales Naturales Tatamá, Farallones de Cali y Munchique3, dentro del Proyecto de Conservación del Oso Andino.

Conclusión

El SINAP, alberga una amplia proporción superior al 80% del área de distribución de la especie dentro del país, según los avistamientos registrados en SIB Colombia, esto sugiere que estas áreas contribuyen eficientemente con la protección y conservación del Oso Andino, principalmente en las cordilleras central y occidental.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a los Doctores Camilo Andrés Roa y Hooz Angela Chaparro por su apoyo y colaboración durante el desarrollo de este estudio.

Referencias

Del Moral, J., & Bracho, A. (2009). Indicios indirectos de la presencia del oso andino (*Tremarctos ornatus* Cuvier, 1825) en el noreste de Argentina. *Rev. Mus. Argentina Cienc. Nat.* (11), 69-76.

Jorgenson, J., Patiño, M., & Silva, L. (2006). Oso de anteojos *Tremarctos ornatus*. En A. M. Rodríguez-Mahecha JV, *Libro Rojo de los Mamíferos de Colombia*. (págs. 381-386).

Bogotá: Conservación Internacional Colombia, Ministerio de Ambiente, Vivienda y Desarrollo Territorial.

Parra, R., Zamudio, L., Camargo, C., Palacios, M., Torres, L., Castro, E., Espíndola J., Meneses, H., Vera, V., Moreno, G., López, V., Sáenz, F., Rodríguez, M., Franco, N., Clavijo, R., Rivera, T., López, O., Pachón, B., Jiménez, P., Gutiérrez, C., Ayala, C., Matiz, C., Tobar, V., Guayacán, H., Pardo, M., Beltrán V., Márquez, R., PNN de Colombia., CAR Cundinamarca., Corpoboyacá., Coporiniquía., Corpochivor., Cormacarena., Corpoguavio., ABCA, WCS. (2019). Ocupación del oso andino (*Tremarctos ornatus*) en la región centro-norte de la Cordillera Oriental de Colombia. 32p. ISBN 978-958-8426-63-1.

NANOPARTÍCULAS DE MAGNETITA FUNCIONALIZADAS CON PÉPTIDOS RICOS EN CISTEÍNA PARA FUTURAS APLICACIONES EN LA REMOCIÓN DE METALES PESADOS.

Navarro-Duran Ginna Niyiretha, Guarnizo Franco, Andersona, Varón-López
Maryeimyb, Guzmán Fannyc, Pulido Villamil, Ximena Carolinaa

aDepartamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia.

bDepartamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia.

cNúcleo de Biotecnología Curauma, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

Correo electrónico: gnavarro@ut.edu.co

Resumen

Las fitoquelatinas (PC) y el glutatión (GSH) son péptidos naturales ricos en cisteína. Las PC actúan como quelantes de metales. Las nanopartículas de magnetita se sintetizaron mediante precipitación química de sales y se conjugaron con estos péptidos. Se espera que estos nanoconjugados sean aplicables en la remoción de metales pesados.

Palabras claves: Fitoquelatinas, Magnetita, Nanopartículas.

Abstract

Phytochelatin (PC) and glutathione (GSH) are natural cysteine-rich peptides. PCs act as chelating agents for heavy-metals. Magnetite nanoparticles (MNPs) were synthesized via chemical precipitation of salts and conjugated with these peptides modifying their surface. These nanoconjugates are expected to be applicable in heavy-metals removal.

KeyWords: Phytochelatin, Magnetite, Nanoparticles.

Introducción

Los nanoconjugados de magnetita tienen una gran perspectiva para la remediación ambiental de una amplia gama de contaminantes presentes en las aguas, debido al costo, facilidad de fabricación y la posibilidad de modificar su superficie mediante la formación de grupos funcionales. Las nanopartículas de magnetita al ser funcionalizadas con glutatión o fitoquelatinas, una familia de péptidos ricos en cisteína, puede ser una alternativa para futuras aplicaciones en la remoción de metales pesados en el tratamiento de aguas residuales. Dado que estas últimas tienen la capacidad de enlazarse fuertemente a iones metálicos por medio de una unión que forma complejos tiolato [1].

Materiales y métodos

Se sintetizaron MNPs mediante la técnica de co-precipitación química de sales de sulfato de hierro (II-III); Éstas se disolvieron en agua desionizada y amoniaco en un matraz por 1h en agitación constante a 50°C y seguidamente se lavaron y secaron al vacío. Posteriormente se modificó la superficie de las MNPs con (3-aminopropil) trietoxisilano en etanol bajo atmósfera inerte, manteniéndose la reacción por 17h en agitación y finalmente las MNPs fueron secadas al vacío. En cuanto a la conjugación MNPs@PCII, primero se activó la fitoquelatina con N-hidroxisuccinimida y N, N'-diciclohexilcarbodiimida en tetrahidrofurano. Esta reacción se realizó a 0°C por 2h. Seguidamente se dejó reposando por 16h a 4°C, después se filtró y el sobrenadante resultante fue secado al vacío. La conjugación de MNPs@GSH se realizó en atmósfera inerte y ultrasonido durante 2h. Los nanoconjugados se caracterizaron mediante espectroscopía de infrarrojo (FT-IR) y microscopía electrónica de transmisión (TEM).

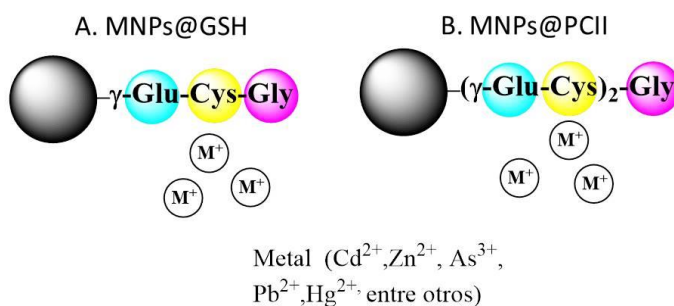
Resultados y discusión

Se logró sintetizar dos nanoconjugados (Figura 1), que fueron caracterizados por TEM, lo cual mostró la distribución del tamaño de las partículas y sus morfologías. MNPs@PCII presentó una morfología irregular, observándose ramificaciones que rodean las MNPs; lo que posiblemente indique un apilamiento de las fitoquelatinas. El nanoconjugado MNPs@GSH mostró una morfología esférica regular. Estos nanocompuestos poseen una distribución de tamaño de 9.3 ± 2 nm y 7.7 ± 2 nm respectivamente. Ambos conjugados mostraron aglomerados.

Los espectros infrarrojos confirmaron la conjugación exitosa de MNPs@PCII y MNPs@GSH. Las bandas a 574-569 cm^{-1} se atribuyen al Fe-O y la banda a 990 cm^{-1} se le asignó al Si-O del APTES en MNPs@PCII. Las bandas fuertes a 1667 cm^{-1} para MNPs@PCII y 1635 cm^{-1} para MNPs@GSH corresponden al estiramiento de C=O. El estiramiento del pico C-O aparece en 1209 cm^{-1} solo en MNPs@PCII [3].

Los costos y aplicación de estos materiales en operaciones de descontaminación aún están por estudiar.

Figura 1. Nanoconjugados peptídicos. A. MNPs@GSH
B. MNPs@PCII



Conclusión

Se sintetizaron dos nanoconjugados de magnetita funcionalizados con fitoquelatina II y glutatión, los cuales fueron caracterizados por FT-IR y TEM demostrando la eficaz unión entre estos, lo que posibilita el uso de estos nanoconjugados como moléculas promisorias en futuros ensayos para la detoxificación de metales pesados en medio acuoso.

Financiación y agradecimientos

Proyecto de investigaciones con código 30118 financiado por la Universidad del Tolima.

Referencias

- [1] Praveena, B. & Murthy S., 2016. Review on the phytochelatin and its role in detoxification. *Asian Journal of Biochemical and Pharmaceutical Research*, 6(1), pp.2231–2560.
- [2] Baskar, T., Zhaohua, J., Dai, L., Liu, D., & Du, W. (2016). Effect of silica coating on Fe₃O₄ magnetic nanoparticles for lipase immobilization and their application for biodiesel production. *Arabian Journal of Chemistry*. <https://doi.org/10.1016/j.arabjc.2016.09.004>
- [3] Warner, C. L., Addleman, R. S., Cinson, A. D., Droubay, T. C., Engelhard, M. H., Nash, M. A., Warner, M. G. (2010). Based heavy metal sorbents for removal of contaminants from natural waters. *ChemSusChem*, 97239, 749–757. <https://doi.org/10.1002/cssc.201000027>

CONCENTRACIÓN DE CADMIO EN PESCADO GUISADO DE LAS ESPECIES (*Caquetaia kraussii* y *Sorubim cuspicaudus*) CONSUMIDAS EN LA REGIÓN MOJANA, COLOMBIA.

Maira Alejandra Discuviche Rebolledo¹, Luty Gómez cáceres Pérez², Carlos Vergara Rivera³

¹Maestría en Ciencias Ambientales SUE CARIBE. Correo electrónico: mdiscuviche@gmail.com

²Grupo de investigación Salud pública y auditoria CECAR

³Grupo de investigación recursos hídricos y alimentos de la Universidad de Sucre.

Resumen

Objetivo: determinar si la cocción afecta la concentración de cadmio en las especies *Caquetaia kraussii* y *Sorubim cuspicaudus*. Se determinó la concentración de cadmio antes y después de ser guisado. En las especies estudiadas, no hubo diferencias significativas en las concentraciones antes y después de cocción.

Palabras Clave: Método de cocción Guisado, Cadmio, Concentración.

Abstract

Objective: to determine if cooking affects the cadmium concentration in *Caquetaia kraussii* and *Sorubim cuspicaudus* species. The cadmium concentration was determined before and after being cooked. In the species studied, there were no significant differences in concentrations before and after cooking.

Keywords: Cooking method Stew, Cadmium, Concentration.

Introducción

Dentro de los agentes tóxicos de mayor preocupación en los recursos hídricos se encuentran los metales pesados, siendo el cadmio uno de los elementos de mayor riesgo debido a su alta toxicidad, vida media biológica alta y a los problemas de salud asociados que varían desde el cáncer hasta la toxicidad de los sistemas esquelético, urinario, reproductivo, cardiovascular, nervioso y respiratorio [1]. En las mujeres embarazadas, la amenaza es más grave debido a las implicaciones que afectan no solo la salud de la madre sino también al desarrollo fetal. Produciendo cambios en el desarrollo fetal y alteraciones como discapacidades cognitivas.

Materiales y Métodos

En este estudio fue utilizado un diseño completo al azar DCA. Donde la variable independiente fue el método de cocción guisado y la variable dependiente la concentración de Cadmio en el tejido de los peces. Las muestras fueron obtenidas en el

municipio de San Marcos (Sucre), por ser epicentro de comercialización del producto. El estudio se desarrolló en dos fases 1. Caracterización mediante encuesta de los métodos de cocción y especies de peces consumidas por la población de la región Mojana. Mediante la cual se seleccionaron las especies *Caquetaia kraussii* (mojarra amarilla), y *Sorubim cuspicaudus* (blanquillo), como dos de las especies de mayor consumo [2], y el método de cocción guisado como uno de los más utilizados. 2. Determinación de la concentración de cadmio, en el músculo de las dos especies seleccionadas, crudo y después de ser sometido al método de cocción guisado, mediante espectrofotometría de absorción atómica (GFAAS).

Resultados y Discusión

No fueron encontradas diferencias estadísticamente significativas entre la concentración de Cadmio en el musculo de pescado crudo y sometido a cocción mediante el método guisado (Tabla 1). Además, la concentración de Cd para *Caquetaia kraussii* y *Sorubim cuspicaudus* no presentaron valores superiores a los límites establecidos internacionalmente por FAO, BFL y MHSP, tanto crudo como posterior al proceso de cocción. Sin embargo un estudio determinó que las concentraciones más altas de cadmio se encontraron en las branquias, y las menores concentraciones en el tejido muscular de los peces [3] Esto sugiere que si los pobladores consumen el músculo de las especies y sus vísceras o que la carga contaminante de las vísceras está siendo usada como alimento para otras especies como aves de corral estas concentraciones pueden aumentar con el paso del tiempo y la frecuencia de consumo, convirtiéndose en un problema de salud para los pobladores de la región.

Conclusión

El método de cocción guisado produce leves cambios en la concentración de Cadmio en las especies *Caquetaia kraussii*, y *Sorubim cuspicaudus*, sin embargo, estas variaciones no son estadísticamente significativas.

Financiación y Agradecimientos

Al grupo de investigaciones Simulación de tecnologías para procesos industriales de la Corporación Universitaria del Caribe CECAR por financiar completamente este proyecto.

Referencias

[1] Ibrahem S, Hassan M, Ibraheem Q, & Arif K. (2020). Genotoxic Effect of Lead and Cadmium on Workers at Wastewater Plant in Iraq. *Journal of environmental and public health*, 2020, 9171027.

[2] Mendoza M, Soler F, & Pérez M. (2008). Los mamíferos salvajes terrestres como bioindicadores: nuevos avances en Ecotoxicología. *Observatorio Medioambiental*, 11: 37-62.

[3] Muawiya M, Edward O, & Sanusi B. (2017). Bioaccumulation of heavy metals in some tissues of croaker fish from oil spilled rivers of Niger Delta region, Nigeria. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*. p 563-568.

ESTIMACIÓN DE LOS INDICES DE FRAGMENTACIÓN DEL PAISAJE EN LA VEREDA EL DIAMANTE, TIERRALTA - CÓRDOBA

Maria José Romero¹, Caty Milena Martínez¹, Carlos Vidal²

¹universidad de córdoba. Correo electrónico: catymilenam@correo.unicordoba.edu.co

²PNN Paramillo

Resumen

Utilizando la metodología planteada por Steenmans y Pinborg (1999) para los indicadores, se estimó los indicadores de fragmentación del paisaje en la vereda El Diamante, Tierralta-Córdoba, donde las coberturas de bosque en fragmentación baja presentan mayor grado de conservación.

Palabras Clave: Fragmentación, Conservación.

Abstract

Using the methodology proposed by Steenmans and Pinborg (1999) for the indicators, the indicators of landscape fragmentation in the village of El Diamante, Tierralta-Córdoba, were estimated, where the forest covers in low fragmentation present a higher degree of conservation

Keywords: Fragmentation, Conservation.

Introducción

La fragmentación es definida como la transformación de un bosque continuo en unidades más pequeñas y aisladas entre sí, cuya área resultante es mucho menor a la del hábitat original (Bizama et al., 2011). Ocasionada principalmente por el cambio de uso del suelo en ecosistemas naturales por diferentes factores. La vereda El Diamante se caracteriza por presentar coberturas de BhT, con vulnerabilidad a los efectos de borde fenómeno que desencadena alteraciones en la funcionalidad del ecosistema.

Materiales y Métodos

Este trabajo se realizó en La Vereda El Diamante, ubicada al noroccidente de la serranía de San Jerónimo, en inmediaciones del Parque Nacional Natural Paramillo. Fase de análisis espacial para estimar fragmentación. • Se descargaron y procesaron imágenes satelitales SENTINEL. • Para el procesamiento de la imagen se utilizó la herramienta ERDAS 2018. • Para estimar la fragmentación se usó la metodología planteada por Steenmans & Pinborg (1999). • Los datos obtenidos requirieron de una normalización de acuerdo a la metodología de Triviño et al. 2007.

Resultados y Discusión

Se identificaron 833.1 hectáreas de coberturas de bosque en la zona de estudio, correspondiente a 1.511 hectáreas de la extensión veredal. El bosque que aún persiste en el territorio presenta una condición variable respecto a su estado de conservación, el 11,68% se categoriza en fragmentación alta, el 39,89% en media y el 48,42% en baja; Principalmente por la extracción selectiva de especies forestales, la expansión de la frontera agropecuaria, el establecimiento de especies forestales exóticas, entre otros factores que han modificado el paisaje, reduciendo notablemente las coberturas de bosque natural (Racero, et al., 2008). Los efectos de la fragmentación no se manifiestan de igual manera en todas las especies, esto puede depender de las condiciones de vulnerabilidad relacionadas con sus requerimientos de calidad y disponibilidad de hábitat (Santos & Tellería, 2006).

Conclusión

El mantenimiento de áreas con baja fragmentación va a permitir el flujo de especies animales a áreas con fragmentación media y baja, favoreciendo de esta manera el recurso faunístico necesario para la seguridad alimentaria de las poblaciones indígenas arraigadas en las cercanías al PNN Paramillo.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos al Parque Nacional Natural Paramillo y al grupo de investigación BIODIVERSIDAD de la Universidad de Córdoba.

Referencias

Bizama, G., Torrejón, F., Aguayo, M., Muñoz, M. D., Echeverría, C., & Urrutia, R. (2011). Pérdida y fragmentación del bosque nativo en la cuenca del río Aysén (Patagonia-Chile) durante el siglo XX. *Revista de Geografía Norte Grande*, (49), 125-138.

Racero-Casarrubia, J. A., Vidal, C. C., Ruiz, Ó. D., & Jesús, B. C. (2008). Percepción y patrones de uso de la fauna silvestre por las comunidades indígenas Embera-Katíos en la cuenca del río San Jorge, zona amortiguadora del PNN-Paramillo. *Revista de estudios sociales*, (31), 118-131.

Santos, T., & Tellería, J. L. (2006). Pérdida y fragmentación del hábitat: efecto sobre la conservación de las especies. *Revista Ecosistemas*, 15(2).

DIVERSIDAD TAXONÓMICA DE LIANAS EN UN FRAGMENTO DE BOSQUE SECO TROPICAL EN EL DEPARTAMENTO DE CÓRDOBA

Liseth Paola Ossa Aguilar, Juan Pablo Chica Vargas, Merly Yenedith Carrillo Fajardo

Universidad de Córdoba. Correo electrónico: lossaaguilar@correo.unicordoba.edu.co

Resumen

Se reconocieron 91 individuos en un fragmento de bosque seco tropical (Bs-t), en la localidad Las Palmeras, municipio de Montería. Las familias con mayor riqueza fueron Fabaceae, Bignoniaceae y Arecaceae, mientras que las especies con mayor abundancia fueron *Desmoncus orthacanthos*, *Bauhinia glabra* y *Hiraea reclinata*.

Palabras Clave: taxonomía, abundancia, Las Palmeras.

Abstract

91 individual were recognized in a fragment of tropical dry forest (Bs-t), in the town of Las Palmeras, municipality of Montería. The families with the highest wealth were Fabaceae, Bignoniaceae and Arecaceae, while the species with the highest abundance were *Desmoncus orthacanthos*, *Bauhinia glabra* and *Hiraea reclinata*.

Keywords: taxonomy, abundance, Las Palmeras.

Introducción

Las lianas cumplen funciones ecológicas claves en los bosques tropicales; constituyen un microhábitat para la anidación de aves, producen frutos y semillas que son de alimento para los animales silvestres, además de facilitar el movimiento de animales entre los árboles. A pesar de su importancia aún se desconocen aspectos sobre su taxonomía [1]. Determinar la riqueza y abundancia de lianas presentes en un bosque seco tropical en el departamento de Córdoba permitirá aportar información que contribuya a al entendimiento de este grupo de plantas y su función dentro del estado sucesional de los bosques.

Materiales y Métodos

Se trazaron 4 transectos de 50x2 m, siguiendo la metodología de Gentry (1982), en un fragmento de bosque seco tropical, en la localidad Las Palmeras, municipio de Montería, entre las coordenadas 8° 30' 37.1" N y 76° 06' 12.9" W. El área total de la finca son 560 has, de las cuales 28 ha presentan formaciones vegetales con diferentes etapas sucesionales e inmerso en matrices de sistema silvopastoril (SSP). Se registraron los individuos establecidos sobre los hospederos, se registraron muestras de tejido vegetal para la respectiva identificación de lianas y se midió el diámetro de cada individuo de acuerdo el protocolo de Schitzer et al. 2008 [2].

Resultados y Discusión

Se registraron 91 individuos agrupados en 20 especies, distribuidas en 20 géneros y 14 familias. Las familias con mayor riqueza fueron Fabaceae, Bignoniaceae y Arecaceae. La especie *Desmoncus orthacanthos*, presentó la mayor abundancia con 21 individuos, seguida de las especies *Bauhinia glabra* y *Hiraea reclinata* con 15 cada una (Tabla 1). La mayor abundancia de *D. orthacanthos*, puede ser atribuido a su amplia distribución en los bosques secos tropicales, por su capacidad de tolerar un amplio rango de condiciones edáficas; además de desarrollarse muy bien en sitios perturbados y con alta iluminación. En cambio, la especie *B. glabra*, se caracteriza por presentar variaciones en la forma de sus hojas y poseer un acelerado crecimiento, lo cual le permite tener una alta capacidad de colonización sobre los hospederos [3].

Conclusión

La riqueza de lianas en el fragmento de bosque seco tropical estudiado está constituida por alrededor de 20 especies, de las cuales se observa una alta abundancia de las especies *D. orthacanthos*, *B. glabra* e *H. reclinata*. La información obtenida, contribuye a la gestión integral del bosque seco tropical.

Financiación y Agradecimientos

Agradezco a Angie Almanza y Yesmith Conde, por su acompañamiento y colaboración durante la salida a campo.

Referencias

- [1] Arellano Nicolás, E. (2015). Evaluación de diversidad taxonómica y funcional de lianas en el gradiente altitudinal Caribe-Villa Mills, Costa Rica (No. Thesis A679e). CATIE, Turrialba (Costa Rica).
- [2] Schnitzer, SA; Rutishauser, S; Aguilar, S. (2008). Supplemental protocol for liana censuses. *Forest Ecology and Management*.
- [3] Orellana, R. y N. Ayora. 1993. Population structure of two palm species in a community of sand dune scrub in the Yucatan peninsula, Mexico. *Principes* 37 (1): 26-34.

ADAPTACIÓN DEL MODELO BITPASE PARA LA PLANEACIÓN ESTRATÉGICA DEL JARDÍN BOTÁNICO DE POPAYÁN

Ivonne Andrea Narváez, Carlos Andrés Durán, Marcy Marín, Ana Cristina Salazar

Fundación Universitaria de Popayán. Correo electrónico: ivonne.narvaez@docente.fup.edu.co

Resumen

La adaptación del modelo BITPASE permitió la construcción de lineamientos para la planificación estratégica del JBP. La consolidación de proyectos y programas en pro del mejoramiento y funcionamiento; la construcción de prospectiva estratégica: el desarrollo de servicios ambientales, alianzas estratégicas con entidades ambientales e integración de dimensiones del desarrollo.

Palabras Clave: Planificación estratégica, Jardín Botánico de Popayán, modelo BITPASE.

Abstract

The adaptation of the BITPASE model allowed the construction of guidelines for strategic planning of the JBP. The consolidation of projects and programs for improvement and operation; the construction of strategic prospective through scenarios: the development of environmental services, strategic alliances with environmental entities and integration of development dimensions.

Keywords: Strategic prospective, Popayán botanical garden, BITPASE model.

Introducción

La planificación estratégica facilita la articulación entre la institucionalidad, la comunidad universitaria y la ciudadanía para la generación de estrategias económicas que permitan la autosostenibilidad, fundamental para fortalecer los procesos de educación ambiental, conservación in-situ y ex-situ y la investigación sobre la biodiversidad albergada en el jardín botánico. El presente trabajo se enfocó en diagnosticar las condiciones actuales del jardín botánico de Popayán (JBP), partiendo de tres dimensiones ambiente, sociedad y economía; la consolidación de un eje estratégico que integre programas, subprogramas, objetivos, metas e indicadores y la creación de tres escenarios prospectivos.

Materiales y Métodos

Se utilizó el modelo BITPASE (Figura 1), el cual desarrolla una ruta metodológica de seis pasos, que es empleada para la comprensión integral de la dinámica poblacional y sus interacciones con otras dimensiones del desarrollo. El modelo fue adaptado para el

JBP, con el fin de que la investigación respondiera a los objetivos planteados, y se integró con la herramienta DOFA que permitió consolidar el eje estratégico. En el modelo se utilizan seis matrices que evalúan las dimensiones del desarrollo a través del reconocimiento inicial del territorio y de la identificación y valoración de situaciones problemáticas con y sin intervención. Adicionalmente, se emplearon la Matriz Ansoff, los ejes de Schwartz y la matriz de importancia de gobernabilidad. La parte estratégica se estableció con respecto a aspectos como la conservación, educación ambiental y finanzas.

Resultados y Discusión

Las tensiones identificadas en la zona de estudio incluyen las competencias sectoriales sobre el suelo, la vegetación, la conservación y protección de patrimonio histórico y cultural. Para acercarse a la solución de dichos problemas asociados a las competencias sectoriales, es necesaria una estructuración estratégica que establezca lineamientos, objetivos, proyectos y acciones, que integren las dimensiones del desarrollo de tal forma que involucre actores, institución, comunidad, y población universitaria; los cuales contribuirán en la solución de problemas para contrarrestar la situación actual. Entonces, la planeación estratégica es el producto de integrar a la sociedad dentro de los procesos ambientales y la institución dentro los procesos económicos. Los resultados del balance proyectado a futuro muestran una problemática grave, indicando que el direccionamiento estratégico no se ha consolidado y las dimensiones del desarrollo no han interactuado en pro del mejoramiento y funcionamiento del ecosistema. Para el JBP, la vegetación registró una clasificación grave, resultado de actividades de deforestación que se presentan en mediana magnitud en las zonas de expansión, la ampliación de la frontera agrícola, ganadería extensiva y la inasistencia de la institución; las acciones no funcionan de manera correcta por falta de asignación del recurso económico para manejo y mantenimiento.

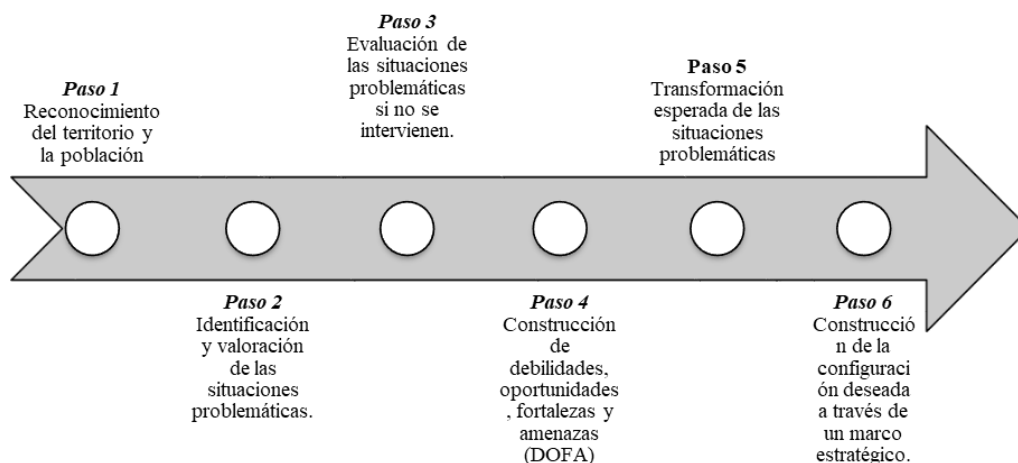


Figura 1.

Conclusión

La ejecución del plan estratégico garantiza el cumplimiento de objetivos misionales del JBP y el desarrollo de la adecuada prestación de servicios ambientales. El segmento al que se dirigen estos escenarios se enfoca al fortalecimiento económico, así que la estrategia de posicionamiento se enfoca en incluir nuevos actores y productos.

Financiación y Agradecimientos

El equipo de trabajo agradece a los investigadores de la Corporación autónoma regional del Cauca, asociados al proyecto de investigación financiado por el sistema de investigación de la Fundación Universitaria de Popayán.

Referencias

- [1] Durán Enríquez, C., Narvaez, I., Concha Lozada, C. M., Vente, J., Villa, L., & Ordoñez, A. (2018). «Jardín Botánico de Popayán, una Unidad Sostenible para la Conservación, Investigación y Educación Ambiental». Proyecto, Fundación Universitaria de Popayán.
- [2] Krupnick, G., & Knowlton, N. (2017). Earth Optimism: Success Stories in Plant Conservation. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 102. 331-340. 10.3417/D-16-00010A.
- [3] Recaman, L. (2011). Planificación Ambiental como Estrategia Para la Conservación de una fuente de Abastecimiento. *Revista del Doctorado Interinstitucional en Ciencias Ambientales*, 9.

APORTES A LA GESTIÓN DEL JARDÍN BOTÁNICO DE POPAYÁN

Clara Milena Concha Lozada¹, Ivonne Andrea Narváez Zambrano², Gehovell Juliana Vidal Pinilla¹, Andrés Esteban Hernández Pastrana²

¹Corporación Universitaria Autónoma del Cauca. Correo electrónico: clara.concha.l@uni-autonoma.edu.co

²Fundación Universitaria de Popayán

Resumen

El jardín botánico de Popayán provee importantes servicios ecosistémicos, por lo que identificar actividades antrópicas y sus efectos se cimienta en la premisa de que la gestión debe partir de actos coparticipativos, donde la percepción del usuario cuenta, ya propone estrategias para el uso/conservación/preservación y perpetuación de sus funciones.

Palabras Clave: Pensamiento de diseño, gestión, conservación, jardín botánico de Popayán.

Abstract

Popayán botanical garden provides important ecosystem services, so identifying anthropic activities and their effects is based on the premise that management must start from co-participatory events, where user perception counts, already proposes strategies for the use / conservation / preservation and perpetuation of its functions.

Keywords: Design thinking, management, conservation, Popayán botanical garden.

Introducción

Los jardines botánicos representan unidades estratégicas de conservación, preservación y gestión de la biodiversidad ex situ e in situ; son espacios que aportan herramientas para la mitigación y/o control de los efectos del cambio climático a nivel local [1]. De lo anterior, el Jardín Botánico de Popayán, es un ecosistema influenciado por infraestructura y linderos productivos, por lo que se realizó la valoración de impactos ambientales en el jardín, con el fin de vislumbrar la vulnerabilidad del área y sus potencialidades; este trabajo muestra una transversalización metodológica donde la coparticipación y corresponsabilidad fundamenta la gestión oportuna y eficiente del área.

Materiales y Métodos

Esta investigación se realizó en el Jardín Botánico de Popayán, propiedad privada de la Fundación Universitaria de Popayán; se ubica a 8 km, vía sur del municipio de Popayán. El trabajo fue transversalizado por el método coparticipativo “Design Thinking” o pensamiento de diseño, el cual se basó en las percepciones y necesidades de los usuarios (grupos focales) para resolver o diseñar estrategias de mitigación de impactos ambientales para la modernización y gestión del jardín [2]. También se aplicó una evaluación de impacto ambiental participativa-EIAp, por medio de una lista de chequeo, valoración de los impactos y valoración contingente [3]. La concatenación de resultados permitió formular estrategias de control y/o mitigación de impactos visando la gestión sostenible del área de estudio.

Resultados y Discusión

El pensamiento de diseño identificó seis grupos focales: estudiantes de media vocacional y universitarios, tercera edad, familias de tres o cuatro integrantes, diseñadores y docentes universitarios; algunos grupos indicaron que desconocían la existencia del jardín, otros expresaron conocerlo, pero que no comprendían su relevancia; los docentes universitarios, quienes indicaron haber realizado trabajos en el área mostrando interés en continuar ejecutando actividades académico-científicas. la EIAp indicó la presencia verificada de dos actividades antrópicas irrelevantes, tres moderadas, cinco significativas y ninguna grave; los efectos de estas actividades van desde el deterioro paisajístico del jardín hasta la pérdida de servicios y funciones ecosistémicas del área (Tabla 1).

Tabla 1. Clasificación impactos ambientales

Clasificación	Impacto	Actividad
≤ 2,5	Irrelevante	- Mantenimiento de infraestructura. - Producción de especies menores (unidad productiva interna). - Manejo silvicultural.
>2,5 y ≤ 5,0	Moderado	- Tránsito terrestre (vía panamericana). - Extracción de madera (colindantes). - Siembra de pancoger (unidad agropecuaria). - Vertimiento de aguas (domesticas, laboratorio, cafetería y agropecuarias)
>5,0 y ≤ 7,5	Significativo	- Manejo del lago artificial - Tala y quema de árboles en la zona de conservación - Pastoreo del ganado (colindantes) en la zona de conservación - Transito del ganado (colindantes) en la zona de conservación
>7,5	Grave	

Fuente: [3]

La valoración contingente indicó que la sensibilización previa de los grupos focales sobre los beneficios de conocer, cuidar, conservar y preservar el jardín botánico permitió que los usuarios plantearan opciones de pago de acuerdo con su estrato e interés sobre el área de estudio; se encuentra que la variable de género es sensible a proveer mayores expectativas para el pago del ingreso, sin embargo, el colectivo encuestado plantea alternativas para realizar actividades de corresponsabilidad

socioambiental; la información recopilada permitió la formulación de estrategias para el control/mitigación de efectos adversos y el fortalecimiento de misión/visión del jardín.

Conclusión

La transversalización del proyecto, usando métodos coparticipativos, facilitó la identificación de necesidades, percepciones y expectativas que los posibles usuarios tienen sobre el uso, cuidado, conservación y preservación del jardín botánico de Popayán, evidenciando que su gestión debe orientarse al control de tensores y mitigación de sus efectos sobre este territorio.

Financiación y Agradecimientos

- El equipo de trabajo agradece al proyecto macro “Jardín botánico de Popayán, una unidad sostenible para la conservación, investigación y educación ambiental”, el cual fue financiado con rubros de la Fundación Universitaria de Popayán, a través de la convocatoria 015 para proyectos Universidad-Estado-Empresa-Sociedad de la Fundación Universitaria de Popayán.

- Agradecemos a la CRC por el apoyo brindado para verificación de áreas de humedal no reconocidas en el jardín botánico de Popayán.

Referencias

[1] Diazgranados, M. (2015). El rol de los jardines botánicos en la transformación de las ciudades del futuro: el caso del Jardín Botánico de Bogotá. Revista del Jardín Botánico Chagual, año XIII, 13:5-15.

[2] Brown, T., Wyatt, J. (2010). Design thinking for social innovation. Development Outreach, 12(1):29-43.

[3] Conesa Fernández-Vitora, Vicente. (2009). Guía metodológica para la evaluación del impacto ambiental. Mundi-Prensa Libros.

ESTRATEGIAS COMUNITARIAS PARA AL ATENCIÓN DE LA COVID-19 DESDE EL CONOCIMIENTO TRADICIONAL

Marta Elena Montaña, Carlos Andrés Durán, Angie Valentina Bolaños,
Santiago Andrés Cajas

Fundación Universitaria de Popayán. Correo electrónico:
marta.montano@docente.fup.edu.co

Resumen

Se han identificado 114 plantas medicinales de 50 familias botánicas, que han sido usadas en 7 países. Los tratamientos se dividen entre aquellos que buscan fortalecer el sistema inmunológico, los que contienen antivirales y los que se enfocan en tratar los síntomas relacionados con las inflamaciones.

Palabras Clave: Plantas, Medicina tradicional, COVID-19, SARS-COV-2.

Abstract

114 medicinal plants from 50 botanical families have been identified, which have been used in 7 countries. Treatments can be divided into those that seek to strengthen the immune system, those that contain antivirals to neutralize the virus, and those that focus on treating symptoms primarily related to inflammation.

Keywords: Plants, traditional medicine, COVID-19, SARS-COV-2.

Introducción

La pandemia actual de SARS-COV-2, ha generado incertidumbre frente al tratamiento, lo que ha llevado a las comunidades a hacerle frente desde sus conocimientos tradicionales, generan recetas para el tratamiento del virus y sus síntomas. Se partió de la revisión en fuentes secundarias y entrevistas a representantes de comunidades, para identificar las plantas que se han usado y sus efectos curativos.

Materiales y Métodos

Se emplea una revisión sistematizada del contexto mundial y nacional sobre las plantas usadas por las comunidades para tratar la infección respiratoria viral y el cuadro sintomático general, causados por la COVID-19. Para lo cual se usa el mapeo sistemático (Grant & Booth, 2009) y se complementa esta información con entrevistas a líderes comunitarios en diferentes municipios de Cauca, Nariño y Caquetá. Para este caso se indaga el conocimiento tradicional de las comunidades y el uso de las plantas, posteriormente se realiza un análisis documental para verificar los principales constituyentes fitoquímicos y sus efectos antivirales, antiinflamatorios y/o para el fortalecimiento del sistema inmunológico. Se examinan recetas comunitarias, partes de

las plantas utilizadas; finalmente, las dimensiones comunes y relevantes se tabulan para su síntesis y los resultados globales se evalúan.

Resultados y Discusión

Se presenta la caracterización de 114 Especies de plantas utilizadas en siete países para hacerle frente a la COVID-19, pertenecientes 50 familias, con mayor número de especies utilizadas la asteraceae (14), Lamiaceae (10), Fabaceae (6), Rutaceae (5), entre otras. En Colombia se registraron 23 especies de plantas empleadas por las comunidades para combatir los síntomas, entre los más empleadas se referencian el Eucalipto (*Eucalyptus globulus*), Jengibre (*Rhizoma Zingiberis recens*), Orégano (*Origanum vulgare*), Frutos cítricos (Rutaceae), Ortiga (*Urtica dioica*) y la Moringa (*Moringa oleifera*). Se han identificado 32 tratamientos a base de plantas medicinales, divididos entre aquellos que buscan fortalecer el sistema inmunológico, los que contienen antivirales y los que se enfocan en tratar los síntomas fundamentalmente relacionados con las inflamaciones. En los tratamientos revisados se han identificado 10 plantas con efectos antivirales, 14 antiinflamatorias y 8 que fortalecen el sistema inmunológico, de estas se ha reconocido su potencial curativo y se encuentran en el vademécum de plantas medicinales de Colombia. La revisión bibliográfica asocia los siguientes metabolitos secundarios con efectos antivirales, antiinflamatorios, y/o el fortalecimiento del sistema inmunológico, entre ellos se resaltan el Eucaliptol, cumarina, Kanferol, Quercetina, Luteolina-7-glucósido, Luteolina-7-glucoside, Apigenina-7-glucosido, Demethoxycurcumina, Curcumina, Naringenina y galato de epicatequina.

Conclusión

Se establece la relación entre conocimientos tradicionales y el uso de por lo menos 114 especies de plantas a nivel internacional y 23 en Colombia con efectos asociados al fortalecimiento del sistema inmunológico, antiinflamatorio y antiviral. Los resultados permiten conocer tratamientos y revisar su potencial para tratar el SARS-COV-2.

Financiación y Agradecimientos

Esta investigación viene siendo financiada por la Fundación Universitaria de Popayán, en el marco del proyecto “Estrategias comunitarias frente a la COVID-19, desde el conocimiento tradicional”, desarrollado por el Grupo de Investigación UNIET, Programa de Ecología, Facultad de Ciencias Naturales.

Referencias

- Grant M. J. & Booth A. (2009). A typology of reviews: An analysis of 14 review types and associated methodologies. *Health Info. Libr. J.*, vol. 26, no. 2, pp. 91–108.
- Moncada-Mapelli, E., & Salazar-Granara, A. (2020). Medicina tradicional y COVID-19, oportunidad para la revaloración de las Plantas Medicinales Peruanas. *Revista del Cuerpo Médico del HNAAA*, 13(1), 103-104.
- Sandalio, Y. (2008). *Vademecum colombiano plantas medicinales*. Ministerio de Protección social, República de Colombia.

AVANCES DE LA CARACTERIZACIÓN ETNOZOOLOGICA ASOCIADA A LAS HUERTAS DE LOS CUSTODIOS DE SEMILLAS DE LA COMUNIDAD INDÍGENA KOKONUCO RESGUARDO DE PURACÉ, CAUCA, COLOMBIA

Carlos David Gallego Pedraza¹, Sandra Milena Vivas Trujillo¹,
Olga Lucia Sanabria Diago²

¹Semillero de Investigación en Etnobiología (SIE) – Universidad del Cauca. Correo electrónico: cdgallego@unicauca.edu.co

²Universidad del Cauca Grupo Etnobotánico Latinoamericano (GELA)

Resumen

La red de custodios de semillas La Batea, permite que se desarrollen y conserven las huertas tradicionales, rescatando semillas nativas y conocimiento biocultural. Dicho conocimiento está amenazado por la ausencia de relevo generacional, por lo que este estudio documentó el conocimiento tradicional y la fauna del área de estudio.

Palabras Clave: Etnozoología, Conservación Biocultural, Custodios de semillas.

Abstract

The seeds guardians network La Batea has allowed the development and the conservation of the traditional orchards, it's saving native seeds and biocultural knowledge. That knowledge is been threaten by the absence of generational replacement, in this way this investigation reported the traditional knowledge associated to the study area fauna.

Keywords: Ethnzoology, Biocultural conservation, Seeds guardians.

Introducción

El pueblo Kokonuko pertenece al resguardo indígena de Puracé, localizado en el centro del departamento de Cauca con parte de su territorio dentro del PNN Puracé. Esta comunidad hace 10 años creó una Red de Custodios de Semillas, que se organizó para desarrollar cultivos tradicionales de tubérculos y plantas medicinales fomentando la conservación in situ de especies biológicas (semillas, vegetación, aves, etc) y conocimiento biocultural. Este proceso ha sido afectado por la falta de incorporación de los jóvenes impidiendo un relevo generacional, por lo que la caracterización etnozoológica busca documentar y preservar la memoria zoocultural de los custodios.

Materiales y Métodos

• Caracterización de la avifauna y murciélagos Avifauna: se realizaron observaciones en a 13 huertas tradicionales con binoculares y registros de Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

vocalizaciones. Se instaló una red de niebla y se estableció un punto de conteo, monitoreándose desde las 5:30 h hasta las 12:00 h por 15 minutos cada hora. Se registraron datos de riqueza, abundancia y cuando fue posible se registro la dieta y frecuencia de consumo. Murciélagos: en cada parcela se instaló una red de niebla (12 m x 3 m) que se operó desde las 17:00 h hasta las 21:00 h. • Identificación de las prácticas de conocimiento, uso y manejo de la fauna Este año se han realizado entrevistas semiestructuradas a los custodios de semillas de las parcelas muestreadas, realizando recorridos guiados y se usó la observación participativa para identificar las prácticas de conocimiento, uso y manejo de la fauna.

Resultados y Discusión

Se registraron 49 especies de aves, las cuales pertenecen a 9 ordenes, 20 familias y 41 géneros, lo que contrasta con (Stiles, 1998), quién registró más de 200 especies de aves para este tipo de ecosistemas. Sin embargo, se debe resaltar que estos datos son de muestreos parciales y posiblemente este número aumente. Del total de registros, 24 especies estan asociadas a las huertas, siendo más abundantes *Zonotrichia capensis*, *Turdus fuscater* y *Lesbia nuna*. Fueron capturados 36 individuos del genero *Glossophaga* en una de las huertas muestreadas. En las otras cuatro parcelas no se capturó ningún murciélago, dado que viven en cuevas según la información tradicional. Se documentaron 44 nombres comunes, según Sicard-Ayala et al., (2019), esta variedad de nombres comunes da cuenta de la diversidad lingüística, cultural, biológica y geográfica que tienen los pobladores. Además, se registraron 6 especies de aves y 1 orden de invertebrados como bioindicadores de cambios en el medio ambiente, 5 especies de animales medicinales, 7 especies de animales comestibles y 4 especies que afectan las actividades humanas.

Conclusión

La riqueza de aves y fauna asociada a los agroecosistemas y su íntima relación con los pobladores indígenas permite que a través del cultivo y cuidado de las huertas tradicionales se aporte en la conservación de las dinámicas ambientales y culturales en el área de estudio.

Financiación y Agradecimientos

Proyecto ID 4851 VRI Minciencias Unicauca La jirapucha de la conservación Semillero de Investigación en Etnobiología (SIE) Grupo Etnobotánico Latinoamericano (GELA), Universidad del Cauca, Cabildo del resguardo Indígena de Puracé.

Referencias

Sicard-Ayala, A. M., Jaramillo-Mejia, L., & Ayerbe-Quiñones, F. (2019). Un ave, muchos nombres: un pluriverso. In *Ornitología Colombiana* (p. 17: eC01).

Stiles. (1998). Listado de las aves de alta montaña. In M. E. Cháves & M. Santamaría (Eds.), Estado de la diversidad biológica en Colombia (pp. 197–200). Instituto de Recursos Biológicos alexander Von Humboldt.

CARACTERIZACIÓN TOXICOLÓGICA DE AGROQUÍMICOS UTILIZADOS A NIVEL OCUPACIONAL EN CULTIVOS DE PAPA EN UNA REGIÓN DEL SUR DE COLOMBIA

Diana Milena Muñoz Solarte¹, Edier Humberto Pérez²

¹Corporación Universitaria Autónoma del Cauca. Correo electrónico: diana.munoz.s@uniautonoma.edu.co

²Universidad del Cauca

Resumen

El uso de plaguicidas en la agricultura genera problemas ambientales y de salud pública. Se realizó un inventario de sustancias químicas en una zona de cultivo de papa, con criterios establecidos por GTC45. Los agroquímicos más utilizados son carbamatos y organofosforados categorías II y III, moderadamente y ligeramente peligroso.

Palabras Clave: Riesgos, categoría toxicológica, exposición.

Abstract

The use of pesticides in agriculture creates environmental and public health problems. An inventory of chemical substances was carried out in a potato growing area, with criteria established by the GTC45. The most widely used agrochemicals are carbamates and organophosphates categories II and III, moderately and slightly dangerous.

Keywords: Risks, toxicological category, exposure.

Introducción

El uso de químicos en la agricultura ocupa un lugar cada vez más importante en salud pública de los países como Colombia. Las intoxicaciones por plaguicidas se han duplicado en los últimos 10 años en el mundo. Buena parte de la papa del Cauca sur de Colombia es producida en el corregimiento de Gabriel López. Es pertinente el estudio, debido a que el Cauca es un departamento agrícola que representa gran actividad productiva para el país. Se espera fortalecer las investigaciones relacionadas, motivando a las entidades gubernamentales de vigilancia epidemiológica y monitoreo ambiental para la prevención de los riesgos.

Materiales y Métodos

Para la identificación del grupo químico de los agroquímicos utilizados en el cultivo de papa, se inspeccionaron 40 parcelas de 70 totales que se orientan al cultivo de papa en la zona de reserva campesina, fueron escogidas según criterio no probabilístico por conveniencia. Se realizó un inventario de sustancias químicas con los criterios establecidos por la guía técnica colombiana para la identificación de los peligros y la

valoración de los riesgos en seguridad y salud en el trabajo GTC45. Se realizó la revisión de las fichas químicas de las sustancias encontradas, se categorizaron por grupo químico y categoría toxicológica. Se estableció un protocolo de manejo seguro de los agroquímicos [1].

Resultados y Discusión

El grupo químico más frecuente fué carbamatos con un 30,5%, seguido de Organofosforados con un 20,5%, organoclorados con un 20% y fertilizantes, abonos, aditivos de crecimiento N, P, K con un 29%. De acuerdo a la categoría toxicológica se categorizan: 43% III Ligeramente peligroso, 30% II Moderadamente peligroso, 22% IV que no ofrece peligro y 5% I Altamente peligroso, las categorías más frecuentes se encuentra dentro de un rango aceptable para la agricultura según la Guía Técnica Colombiana GTC 45, debido a que no genera daños severos en el ambiente, sin embargo, se pudo evidenciar que los agricultores a nivel ocupacional emplean dosis de 2 o más agroquímicos que no son compatibles [2].

Conclusión

Los agroquímicos más utilizados en Gabriel López (Cauca- Colombia), pertenecían a los grupos químicos de carbamatos y organofosforados con categorías II y III Moderadamente y ligeramente peligroso.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a la Universidad del Cauca, a la Corporación Universitaria Autónoma del Cauca por el apoyo en el desarrollo del proyecto y especialmente a la comunidad de agricultores de Gabriel López (Totoró-Cauca).

Referencias

[1] Instituto colombiano de normas técnicas y certificación (ICONTEC). (2012). Guía para la identificación de los peligros y la valoración de los riesgos en seguridad y salud ocupacional GTC 45. Colombia.

[2] Ministerio de protección social. (2007). Guía de Atención Integral de Salud Ocupacional Basada en la Evidencia para Trabajadores Expuestos a Plaguicidas Inhibidores de la Colinesterasa (Organofosforados y Carbamatos) (GATISO-PIC) Colombia.

EVALUACIÓN DE RESIDUOS DE PLAGUICIDAS ORGANOCORADOS PRESENTES EN SUELOS GANADEROS DEL MUNICIPIO DE CODAZZI - CESAR

Gloria Tete P.

Licenciatura en Ciencias Naturales y Salud. Facultad de Ingeniería y Tecnología
SUE Caribe - Universidad Popular del Cesar. Valledupar – Colombia. Correo electrónico:
glorytete@hotmail.com

Resumen

La presencia de plaguicidas organoclorados (POC's) en componentes ambientales es uno de los tantos indicadores, por su bioacumulación, de contaminación ambiental en el municipio Agustín Codazzi. Esta investigación evaluó la presencia de plaguicidas organoclorados en muestras de suelo ganadero durante los períodos secos (enero-2019) y húmedos (julio-2019), tales como, Endosulfan y sus metabolitos, DDT y sus derivados, Endrin, Endrin cetona, Aldrín y Dieldrin. Las concentraciones fueron determinadas por cromatografía de gases utilizando un detector de captura de electrones recomendado por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura de la mano con la OMS, las áreas de estudio abarcaron los lugares de entierro de pesticidas y Fincas productoras.

Palabras clave: Contaminación; Cromatografía de gases; Exposición; Residuos de POC's; Riesgo de cáncer.

Abstract

The presence of organochlorinated pesticides (POC's) in environmental components is one of the many indicators, for their bioaccumulation, of environmental pollution in the municipality Agustín Codazzi. This research assessed the presence of organochlorinated pesticides in livestock soil samples during dry (January-2019) and wet (July-2019) periods.

Keywords: Pollution; Gas chromatography; exposure; POC's waste; Cancer risk.

Introducción

El municipio de Agustín Codazzi fue conocido como ciudad blanca de Colombia, por ser una localidad de producción aldonera, donde el uso de pesticidas en estos cultivos fue intensivo hasta principios de la década de los 90 (Sanchez, Rodriguez, & Saria, 2006) dejando atrás miles de hectáreas de suelo infértil y grandes remanentes de agroquímicos, entre estos, compuestos organoclorados, donde se dispersan en el ambiente causando contaminaciones en los sistemas bióticos (animales y plantas) y abióticos (suelo, aire y agua). Es por ello que esta investigación evalúa los residuos de

plaguicidas organoclorados presentes en suelos ganaderos del municipio de Codazzi-Cesar.

Materiales y métodos

Las muestras de suelo fueron colectadas según NTC-ISO/IEC 17025. El procedimiento se llevó a cabo utilizando una pala de acero inoxidable de los primeros 20 cm del primer horizonte, teniendo en cuenta, que en el área existieran terrenos con pesticidas confinados, al ser el foco de estudio. Cada muestra está conformada por la mezcla de 5 submuestras obtenidas de un área de 10 x 10 m².

Para el análisis de plaguicidas organoclorados en suelo se tomaron entre 8 - 10 g muestra liofilizada y se sometieron a extracción asistida por microondas con 150 mL de una mezcla de n-Hexano – Acetona por 8h, luego se dejaron enfriar a temperatura ambiente, y se filtraron con sulfato de sodio anhidro, se lavaron con n-Hexano – Acetona (1:1), finalmente los extractos se sometieron a rota evaporación y reconstitución con 2 mL de n-Hexano para posterior análisis por cromatógrafo de gases para la determinación estos (Solano, 2015).

Resultados y discusiones

Se evidenció un 58,8% de los POC's monitoreados en los suelos durante la época seca, sobresaliendo el p-p'DDT (presentando además el valor más predominante entre las concentraciones por época estudiada) y su metabolito más estable el p-p'DDE (35,7% para cada uno), presentes en cinco muestras; seguidamente el Endosulfan sulfato y el Dieldrin se encontraron en un 28,6%, Endosulfan en un 21,4%, también Endosulfan II, Endrín, Endrín cetona y el metabolito m-p'DDD se presentaron con un 14,2% de las muestras respectivamente, mientras que el Aldrín se encontró en un 7,1%.

Durante la época húmeda se evidenció un declive en la aparición de plaguicidas en época seca, sin embargo, se encontraron correlaciones positivas para presencia del compuesto persistente altamente tóxico p-p'DDT (35,7%) de la misma manera tanto en época seca como para húmeda, también estuvieron presentes sus analitos más estables p-p'DDE y m-p'DDD (21,4% y 14,3% respectivamente). De las catorce muestras analizadas durante la época húmeda el 14,3% estaban contaminadas por Endosulfan II, Endosulfan sulfato y Dieldrin por individual y tan solo presencia del 7,1% para Endrín, Aldrín, Endrincetona, y Endosulfan. Esta matriz demostró estar muy contaminada debido a la persistencia de estos agentes contaminantes que, en consecuencia, tiende a disminuir la capacidad de producción de este medio abiótico esencial.

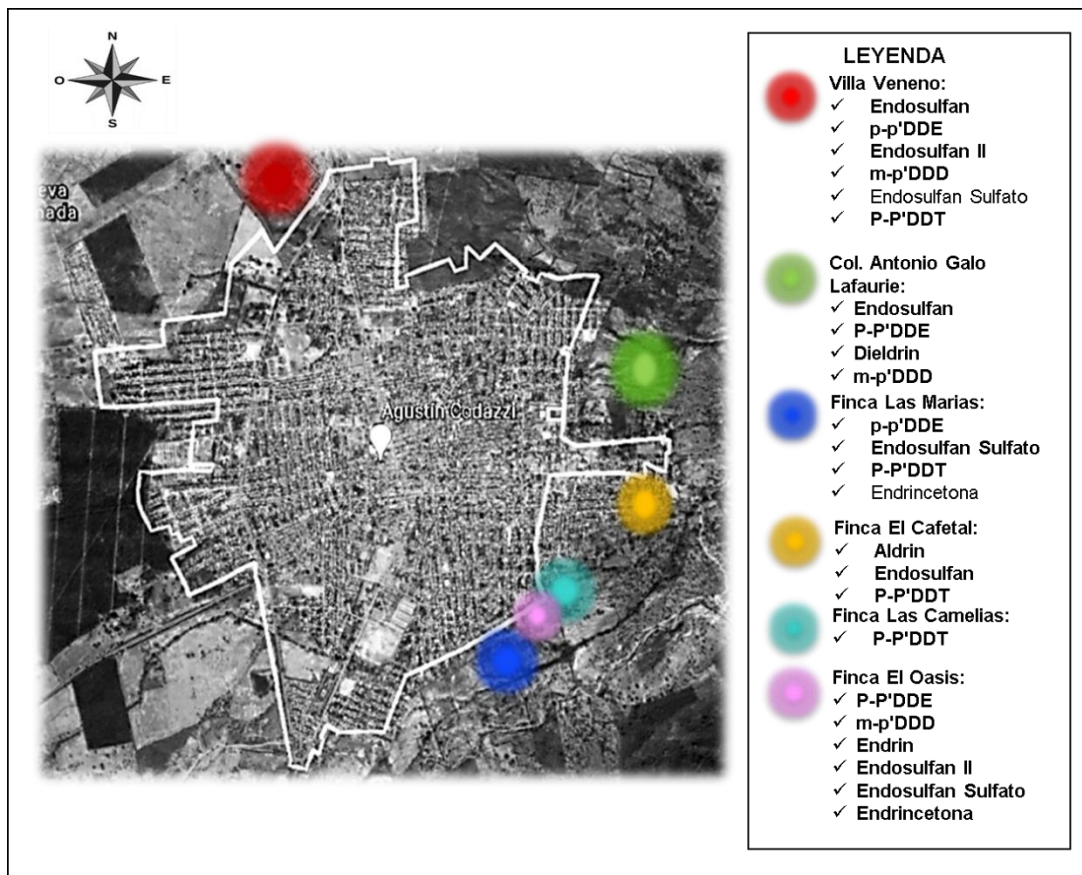


Figura 1. Distribución de residuos de POC's en el Suelo de las zonas de muestreo.
Fuente: Autor, 2020.

Conclusión

El suelo analizado en las siete zonas situadas en el municipio de Codazzi – Cesar, presentó Endosulfan, Endosulfan II, Sulfato de Endosulfan, DDT, DDE, DDD, Aldrín, Dieldrin, Endrín y Endrinetoca cuyas concentraciones iniciales son relativamente altas, predominando el DDT sobre las concentraciones de ambas fechas de muestreo.

Financiación y agradecimientos

Este trabajo de investigación realizado para optar el título de Magister en Ciencias Ambientales fue financiado por la autora, Gloria Tete Pérez, la cual agradece al Laboratorio de Toxicología y Gestión Ambiental por el apoyo y prestación de sus instalaciones para llevarse a cabo el mismo; a la Universidad SUE Caribe de Córdoba y al Director de esta investigación, Doctor José Luis Marrugo Negrete que con su preparación y experiencia guío y colaboró en el transcurso de su realización.

Referencias

Sanchez, N., Rodriguez, M., & Saria, V. (2006). Pesticidas obsoletos en Colombia: Situación actual y alternativas de tratamiento y disposición. *Revista de Ingeniería* (23), 13-22. doi:<http://dx.doi.org/10.16924%2Friua.v0i23.348>

Solano, H. (2015). Plaguicidas Organoclorados Presentes En La Zona Arrocera Del Hatico, Municipio De Fonseca – La Guajira Y Su Potencial Impacto En La Salud Pública. *Revista de la Asociación Colombiana de Ciencias y Tecnología de Alimentos*, 23(33), 10.

PARTICIÓN DE LAS PRECIPITACIONES EN *Schizolobium parahyba* ESTABLECIDO EN SANTANDER, COLOMBIA

Andrés Prato¹, Miguel Pabón², Jhon Zuluaga²

¹AGROSAVIA (Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria). Correo electrónico: aprato@agrosavia.co

²Partición de las precipitaciones en *Schizolobium parahyba* establecido en Santander, Colombia

Resumen

Durante un año (2019-2020) fue cuantificada la precipitación en abierto (Pa), precipitación interna (Pi) y escurrimiento fustal (Ef) en frijolito (*Schizolobium parahyba*). La Pi fue de 1.789 mm y Ef de 13.7 mm, lo que en media corresponden al 72.4% y 0.55% de la Pa, respectivamente.

Palabras Clave: frijolito, escurrimiento fustal, hidrología forestal.

Abstract

During one year (2019-2020) was quantified the gross precipitation (Pa), throughfall (Pi) and stemflow (Ef) in frijolito (*Schizolobium parahyba*). The Pi was 1.807 mm and Ef 15.6 mm, these values, on means, correspond to 67.5% and 1.3% of the Pa, respectively.

Keywords: brazilian fern tree, stemflow, forest hydrology.

Introducción

Frijolito (*Schizolobium parahyba* (Vell.) S.F. Blake) es una leguminosa pionera de crecimiento rápido usada en la recuperación de áreas degradadas y obtención de papel. La cobertura vegetal y su influencia en el balance hídrico de las plantaciones o bosques se tornan importantes para la comprensión del ciclo hidrológico y la regulación de caudales en cuencas hidrográficas. Este estudio cuantificó la partición de la precipitación incidente para una plantación de frijolito establecida en septiembre de 2014, el C.I La Suiza de AGROSAVIA, Rionegro, Santander (7°22'11.1" N; 73°10'39.2" O; 530 m de altitud).

Materiales y Métodos

La evaluación de la distribución de la precipitación se realizó en una parcela (25 m x 30 m) de frijolito, con una densidad de siembra de 5 m x 5 m. La región presenta una media de 27°C y 1.980 mm año⁻¹. El periodo de evaluación fue del 15/02/2019 al 15/02/2020. La precipitación en abierto (Pa) se registró con dos pluviómetros localizados a 500 m de la parcela mediante colectores con diámetro de 11.4 cm. La

precipitación interna (Pi) se registró con cuatro pluviómetros lineales (10.5 cm x 312 cm) debajo del dosel. El escurrimiento fustal (Ef) se registró en tres arboles (medias de 24 ± 0.3 m de altura, 21.6 ± 1.8 cm de DAP y 76.6 ± 26.6 m² de área de copa) mediante la instalación de una manguera de 1" a 1.3 m del suelo en espiral perforada, ajustada y sellada con silicona al fuste.

Resultados y Discusión

Se totalizaron 47 colectas que constituyeron uno o más eventos de precipitación. Con estos datos, se realizó un análisis de regresión lineal ($p < 0.05$) con el programa Excel entre la Pa y la Pi y Ef. Hubo una fuerte relación con la Pi ($0.6886x - 0.4226$, $r^2 = 0.94$). Sin embargo, fue nula para la Ef lo que infiere que otros factores como la arquitectura del árbol y su fenología anual, velocidad del viento, entre otros, afectan esta variable (Tamez et al., 2018). La alta variación mensual de la Pa estuvo acorde al régimen bimodal de la región. El escurrimiento fustal tuvo una contribución media del 0.55% y casi despreciable si se compara con la Pi que fue del 72.4%. Sin embargo, la cantidad y baja velocidad del agua que llega al suelo facilita el proceso de filtración en el área de los árboles e influye al aporte de nutrientes (Luna - Robles et al., 2019). Las pérdidas por interceptación fueron en media del 27.1%, mientras que la transferencia de agua al suelo o Pe fue del 72.9%.

Tabla 1. Valores en mm de la precipitación en abierto (Pa), precipitación interna (Pi), escurrimiento fustal (Ef), precipitación efectiva (Pe) e interceptación (I), para una plantación de cinco años de *Schizolobium parahyba*. C.I La Suiza - AGROSAVIA.

Mes	Pa (mm)	Pi (mm)	Ef (mm)	Pe (mm) ^A	I (mm) ^B
feb19	48.5	41.1 (85)	0.7 (1.4)	41.7 (86)	6.7(14)
mar19	216.5	148.9 (69)	1.5 (0.7)	150.4 (78)	66.1 (31)
abr19	333.9	283.1 (85)	2.7 (0.8)	285.8 (78)	48.1 (14)
may19	266.3	216.1 (81)	1.8 (0.7)	217.8 (82)	48.5 (18)
jun19	108.5	79.4 (73)	0.5 (0.5)	79.9 (74)	28.6 (26)
jul19	86.8	61.6 (71)	0.2 (0.3)	61.8 (74)	25.0 (29)
ago19	227.8	177.8 (78)	1.8 (0.8)	179.6 (67)	48.2 (21)
sep19	226.7	110.3 (49)	0.9 (0.4)	111.2 (44)	115.5 (51)
oct19	184.7	92.9 (50)	0.3 (0.2)	93.2 (50)	91.5 (50)
nov19	226.1	160.1 (71)	0.8 (0.3)	160.9 (55)	65.2 (29)
dic19	289.5	243.2 (84)	1.3 (0.4)	244.5 (77)	45.0 (16)
ene20	191.2	135.2 (71)	1.0 (0.5)	136.2 (71)	55.0 (29)
feb20	66.0	39.7 (60)	0.3 (0.4)	40.1 (61)	25.9 (39)
Suma	2.472	1.789	13.7	1803	669
Media (%) de la Pa		72.4	0.55	72.9	27.1

Conclusión

Durante un año, la Pa registrada en frijolito fue de 2.472 mm, siendo interceptada por el dosel 669 mm (27.1%) y transferida al suelo (Pe) 1.803 mm (72.9%), lo cual indica la importancia de esta especie forestal para la protección del suelo, el ciclo hidrológico y regulación de caudales.

Financiación y Agradecimientos

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) adscrita al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural.

Referencias

Luna – Robles et al. 2019. Nutrient input via gross rainfall, throughfall and stemflow in scrubland species in northeastern Mexico. Rev. Chapingo. Ser. Cie. 25(2), 235-251

Tamez et al. 2018. Pérdidas por intercepción en cuatro especies de matorral en el Noreste de México. Rev. Mex. de Cienc. Forestales. 9(49): 127-147.

MANEJO DE RESIDUOS SÓLIDOS EN ESTABLECIMIENTOS COMERCIALES: EL CASO DE UN RESTAURANTE URBANO EN LA REGIÓN CENTRAL DE COLOMBIA

Simón Urrea-Florián¹, Liliana Méndez¹, Alfredo Torres-Benítez²

¹Servicio Nacional de Aprendizaje-SENA

²Universidad de Ibagué. Correo electrónico: aljutobe19@hotmail.com

Resumen

Este estudio evaluó la gestión de residuos sólidos en un restaurante de la región Central de Colombia, con el fin de proponer alternativas técnicas y administrativas que aporten a la reducción de materiales y alimentos desechados, y genere una cultura ambiental entre funcionarios y clientes del establecimiento.

Palabras Clave: Residuos, gestión, programas.

Abstract

This study evaluated the management of solid waste in a restaurant in the Central region of Colombia, to propose technical and administrative alternatives that would contribute to the reduction of discarded materials and food, and generate an environmental culture among employees and customers of the establishment.

Keywords: Waste, management, programs.

Introducción

Se estima que en el mundo son desperdiciados 1300 millones de toneladas de residuos sólidos y de alimentos anualmente, lo cual representa un costo anual de 1 trillón de dólares; además, alrededor de 815 millones de personas no tienen garantías de seguridad alimentaria. Estos desperdicios son responsables del 15% a 21% de los impactos ambientales generados en todas las cadenas de suministros [1]; por tal motivo, la ONU planteó como meta para el 2030 reducir a la mitad las cifras de esa problemática, con base en la evaluación de la gestión de los residuos para tomar medidas eficaces de manejo.

Materiales y Métodos

El estudio se realizó en el restaurante EL CHURRASCO Y ALGO MÁS ubicado en el sector norte de la ciudad de Ibagué (Tolima, Colombia). En la primera fase, se llevó a cabo un diagnóstico de residuos sólidos, donde se identificaron las rutas internas de los residuos, capacidad volumétrica de contenedores y caracterización de los residuos; en la segunda fase, se realizó un programa de manejo integral de residuos sólidos con la descripción del almacenamiento, transporte interno, entrega de residuos, y propuesta

de programas ambientales; para la tercera fase, se presentó el análisis de riesgo y emergencia con la identificación de amenazas, probabilidad de ocurrencia y vulnerabilidad, y acciones de respuesta ante el riesgo; en la cuarta fase, se diseñó un plan de seguimiento ambiental para evaluar la capacidad de cumplimiento de los resultados esperados, a través de indicadores de medición de efectividad.

Resultados y Discusión

En cuanto al diagnóstico, se reconocieron rutas internas establecidas en los tres pisos que conforman el restaurante, para la recolección y transporte de los residuos al centro de acopio, y posterior entrega al carro recolector municipal en el horario establecido (tres días por semana); posee la capacidad de almacenar 1,5 m³ de residuos en 26 recipientes; los principales residuos son de tipo orgánico y plástico (Tabla 1). En el manejo integral de residuos, se propusieron estrategias de educación ambiental, adecuación de instalaciones, aprovechamiento de materiales reciclables, uso eficiente de papel, uso eficiente de wipes, reducción de residuos no aprovechables y almacenamiento de residuos [2, 3]. En el análisis de riesgo y emergencia, se identificaron ocho escenarios peligrosos para la gestión de los residuos sólidos, en los cuales la mezcla de los residuos separados representó la mayor amenaza; también, se propusieron acciones de respuesta enfocadas en la planificación, proceso de ejecución, análisis de lo ocurrido y toma de acciones. Finalmente, para el plan de seguimiento, su estructura consistió en un objetivo, meta a alcanzar, persona y/o grupo responsable, periodicidad del seguimiento, área, proceso y/o personal a evaluar, y se establecieron seis indicadores para los programas ambientales propuestos.

Conclusión

El 84% de los residuos están compuestos por materiales reutilizables y reciclables (papel, cartón, textiles, wipes, servilletas, vidrio, plástico y orgánicos), por lo cual los programas ambientales propuestos en la gestión de residuos del restaurante, están enfocados a promover su disminución, aprovechamiento y cultura eco-amigable entre funcionarios y usuarios.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a los propietarios del restaurante EL CHURRASCO Y ALGO MÁS en la ciudad de Ibagué, por su colaboración con la logística del trabajo.

Referencias

[1] Eberle U, Fels J. (2016). Environmental impacts of German food consumption and food losses. *Int. J. Life Cycle Assess.* 21:759-72.

[2] Surendra KC, Olivier R, Tomberlin JK, Jha R, Khanal SK. (2016). Bioconversion of organic wastes into biodiesel and animal feed via insect farming. *Renewable Energy.* 98: 197-202.

[3] Filimonau V, Todorova E, Mzembe A, Sauer L, Yankholmes A. (2020). A comparative study of food waste management in full service restaurants of the United Kingdom and the Netherlands. *J. Clean. Prod.* 258: 120775.

PONENCIAS CIENCIAS BIOMÉDICAS

PREDICCIÓN DE MIMETISMO MOLECULAR ENTRE ANTÍGENOS DE *Trypanosoma sp.* Y AUTOANTÍGENOS HUMANO. POSIBLE INTERVENCIÓN EN LA RESPUESTA AUTOINMUNE DEL LUPUS ERITEMATOSO SISTÉMICO

Yuliana Emiliani¹, Gabriel Muzi¹, Marlon Munera¹, Jorge Sánchez², Andrés Sánchez^{1,2}

¹Corporación Universitaria Rafael Núñez. Correo electrónico: yemilianin10@curnvirtual.edu.co

²Universidad de Antioquia

Resumen

Las enfermedades autoinmunes presentan mimetismo molecular entre antígenos humanos y proteínas de microorganismos debido a su similitud. Se utilizaron herramientas bioinformáticas para explorar el mimetismo molecular entre Lupus eritematoso y proteínas de *Trypanosoma sp.* Realizamos la predicción de epítopes y encontramos antígenos mitocondriales y ribosomales que comparten secuencias lineales.

Palabras Clave: Mimetismo molecular, Epítopes, Autoinmunidad, Antígeno, infección.

Abstract

Autoimmune diseases present molecular mimicry between human antigens and microorganisms proteins due to their similarity. Bioinformatics tools were used to explore the molecular mimicry among erythematosus Lupus and *Trypanosoma sp.* proteins. We performed the prediction of potential epitopes and found mitochondrial and ribosomal antigens that share sequences.

Keywords: Molecular mimicry, Epitopes, Autoimmunity, Antigen, infection.

Introducción

Los patógenos y los seres humanos comparten una relación intrínseca relacionada con el mimetismo molecular en sus antígenos. Las interacciones entre el sistema inmunológico y los antígenos patógenos dan como resultado la producción de anticuerpos que podrían proteger contra la infección o desarrollar respuestas autorreactivas mediadas por autoanticuerpos que reaccionan a los antígenos del patógeno y a autoantígenos humano. En algunas enfermedades autoinmunes como el lupus eritematoso sistémico, se ha detectado un mimetismo molecular entre autoantígenos humanos y algunas proteínas de microorganismos. Por ello buscamos demostrar si existe mimetismo molecular entre antígenos de *Trypanosoma sp.* Y autoantígenos humano (1).

Materiales y Métodos

Realizamos una búsqueda de autoantígenos para el lupus eritematoso sistémico en la base de datos AAgAtlas. La secuencia de aminoácidos de cada autoantígenos se utilizó como entrada en PSI-Blast para encontrar antígenos similares de Trypanosoma sp, seleccionamos aquellos con una identidad mayor o igual al 30%. Se utilizó una serie de herramientas bioinformáticas para explorar el repertorio de autoantígenos implicados en el desarrollo de Lupus Eritematosos sistémico y sus homólogos en Trypanosoma sp. Como; el servidor Swiss Model para la construcción de modelos no reportados en bases de datos, los cuales fueron refinados en Deep View. Todos los modelos se visualizaron en PyMol. Hicimos una predicción de epítopes por medio del servidor Ellipro y se recuperaron epítos reportados para autoantígenos de LES Immune Epitope Database (IEDB) (2).

Resultados y Discusión

Se seleccionaron y analizaron 93 candidatos de mimetismo molecular. En 36 autoantígenos del lupus en donde se encontraron identidades altas, algunos de los autoantígenos con mimetismo molecular fueron la Elongation factor alpha G5 con un (80%) de identidad, Cyclophilin (70%) y la proteína ribosomal 40S S13 (68%). También fue posible realizar la predicción de epítos con puntuaciones superior a 0.9 en algunas proteínas como; Chaperonina HSP60, precursor mitocondrial (0,99), Proteína biosintética de lipofosfoglicanos (0,99), Antígeno nuclear de células proliferativas (PCNA) (0,968), proteína ribosómica P-JL5 (0,961), proteína ribosómica L6 60S (0,951) y encontramos más de doce parches antigénicos potenciales como es el caso del antígeno nuclear de células proliferativas (PCNA). Diferentes estudios muestran que es posible ese mimetismo molecular, proteínas como la nueva proteína ribosómica L27 de Trypanosoma cruzi reaccionó de forma cruzada con el anticuerpo anti-Sm, un anticuerpo temprano específico en el LES y otro demuestra que la proteína PO ribosómicas ácidas del trypanosoma y autoantígenos humanos comparten epítos tanto en la enfermedad de Chagas como en el lupus eritematoso sistémico (3).

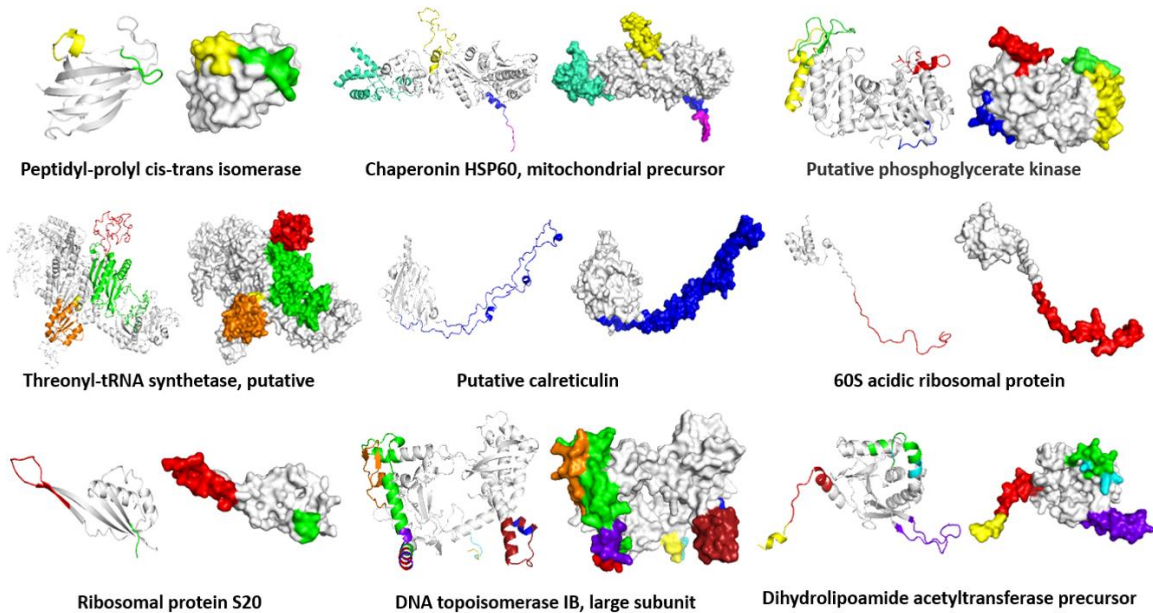


Figura 1.

Conclusión

Los autoantígenos encontrados que comparten mimetismo molecular con *Trypanosoma* sp. y autoantígenos implicados en el lupus eritematoso sistémico explicarían por qué los pacientes al sufrir infecciones por este patógeno podrían desarrollar LES. La identificación de los posibles autoantígenos podrían mejorar las estrategias de diagnóstico y tratamiento para él LES.

Financiación y Agradecimientos

En este trabajo no fue necesario la financiación para su realización. Agradecemos a la Corporación Universitaria Rafael Núñez.

Referencias

1. D Wang, L Yang, P Zhang, J LaBaer, H Hermjakob, D Li, X Yu (2017). AAgAtlas 1.0: a human autoantigen database, *Nucleic Acids Res.* 45 (D1) D769-d776.
2. Pasoto, Sandra Gofinet, Vilma Santos Trindade Viana, and Eloisa Bonfa. (2014). The clinical utility of anti-ribosomal P autoantibodies in systemic lupus erythematosus. *Expert Review of Clinical Immunology* 10.11 1493-1503.
3. Skeiky, Y. A., et al. (1994). "Antigens shared by *Leishmania* species and *Trypanosoma cruzi*: immunological comparison of the acidic ribosomal P0 proteins." *Infection and immunity* 62.5: 1643-1651.

ESTUDIO DE LA PRODUCCIÓN DE APÓSITOS DE CELULOSA MICROBIANA COMO MATRIZ PARA LA LIBERACIÓN DE PRINCIPIOS BIOACTIVOS

Aura María Sánchez¹, Juan Pablo Arbeláez¹, Clara Eugenia Goyes¹, Ingrith Carolina Flórez²

¹Universidad Autónoma de Occidente. Correo electrónico: aura.sanchez_gal@uao.edu.co

²Universidad Autónoma de Bucaramanga

Resumen

Este estudio está basado en una revisión literaria sobre la producción de apósitos de celulosa microbiana hechos de KBC incubada 14 días en cultivo estático, impregnado con CE como agente liberador de polifenoles (bioactivos del café) para el tratamiento y aplicación en la cicatrización de heridas.

Palabras Clave: celulosa microbiana, kombucha, apósitos, heridas, vendaje.

Abstract

This study is based on a literary review of the production of microbial cellulose dressings made from KBC incubated for 14 days in static culture, impregnated with CE as a release agent for polyphenols (coffee bioactive) for the treatment and application in wound healing.

Keywords: microbial cellulose, Kombucha, dressings, wound.

Introducción

La piel es la barrera que tiene el cuerpo contra el medio externo. Cuando se causa una herida y no cicatriza correctamente, se aumenta el riesgo de infección y complicaciones. Sin embargo, los militares en servicio rural cuentan con apósitos pasivos de gasa, que no interactúan con la herida y favorecen la infección, y las personas de bajos recursos no poseen los medios para atender correctamente sus heridas hasta recibir atención clínica. Por esto, es necesario la producción de un apósito de celulosa microbiana como matriz liberadora de extractos fitoquímicos, que sea de bajo costo y del alcance de todos.

Materiales y Métodos

La producción de celulosa microbiana se hace con té y sacarosa, fermentándose durante 14 días en cultivo estático. Luego, estas son purificadas con una solución de NaOH al 0,5 % por 30 min, posteriormente son lavadas varias veces con agua desionizada hasta conseguir pH 7 y se deja secando por 24 horas. La caracterización FT IR se realiza con

un Bruker Tensor 27 en modo de ATR usando celda de diamante, además de TGA con una balanza termogravimétrica TA INSTRUMENT DISCOVERY (10.00 °C/min a 600.00 °C), en atmósfera de nitrógeno a 20 mL/min. En los ensayos de liberación se sumergen los principios bioactivos del café en las membranas estériles, la película hidratada se pone en contacto con soluciones a distintas concentraciones y tiempos, la dinámica de los componentes se estudia en pruebas “in vitro” con técnica UV-Vis. El apósito se caracteriza con FT IR y TGA.

Resultados y Discusión

Se espera obtener un apósito de celulosa microbiana, liberador de extractos fitoquímicos.

Conclusión

La celulosa microbiana, según El-Wakil et al (2019), es una matriz adecuada para cargar bioactivos de café y crear apósitos para la cicatrización de heridas dándole valor agregado, además de PECF, WVTR y liberación de polifenoles sirviendo para futuras investigaciones.

Financiación y Agradecimientos

Este proyecto fue financiado por la Universidad Autónoma de Occidente. Agradecimientos a nuestras familias por su apoyo incondicional y a la UAO por nuestra formación.

Referencias

El-Wakil, N.A., Hassan, E.A., Hassan, M.L. et al. Bacterial cellulose/phytochemical's extracts biocomposites for potential active wound dressings. *Environ Sci Pollut Res* 26, 26529–26541 (2019). <https://doi.org/10.1007/s11356-019-05776-w>

G. Han and R. Ceilley, “Chronic Wound Healing: A Review of Current Management and Treatments,” *Advances in Therapy*. 2017, doi: 10.1007/s12325-017-0478-y.

R. Portela, C. R. Leal, P. L. Almeida, and R. G. Sobral, “Bacterial cellulose: a versatile biopolymer for wound dressing applications,” *Microbial Biotechnology*. 2019, doi: 10.1111/1751-7915.13392.

SIMULACIÓN DEL ESPARCIMIENTO DEL COVID-19 EN EL HUILA, UTILIZANDO UN MODELO SEIR DETERMINISTA

Cesar Diaz¹, Diego Roldan¹, Luis Barbosa²

¹Universidad Surcolombiana. Correo electrónico: diego.roldan@usco.edu.co

²Universidad de Leicester

Resumen

Consideramos un modelo SEIR para simular el comportamiento de la epidemia. El modelo puede considerar la situación en la región del Huila colombiano, donde la epidemia comenzó el 11 de marzo, reportando el número de infectados y víctimas, así como los recuperados bajo escenarios adoptados por los gobiernos.

Palabras Clave: COVID-19, modelo SEIR, esparcimiento de enfermedades.

Abstract

We adopt a deterministic SEIR model to simulate the behavior of the epidemic. The model may ideally regard the situation in the Colombian Huila region and reports the numbers of infected and causalities as well as the recovered under scenarios adopted by the local government.

Keywords: COVID-19, SEIR model, disease spreading.

Introducción

El nuevo coronavirus ha mostrado ser una enfermedad altamente contagiosa. Experiencias en otras regiones en el mundo con virus semejantes mostraron que medidas que incluyen rápido diagnóstico y aislamiento tienen impactos significativos en la dinámica del virus [1]. Consideramos un modelo SEIR determinista [2,3] para simular el comportamiento del virus en el Huila, nuestro objetivo es calcular la cantidad de infectados, recuperados fallecidos con base en el número de contactos, probabilidad de transmisión, periodo de incubación, así como las tasas de recuperación y fatalidad.

Materiales y Métodos

Se considera el modelo epidemiológico SEIR, donde la población inicial está dividida en cuatro clases: S susceptibles, E, expuestos, I infectados y R recuperados. La figura 1. muestra como es la interacción entre las poblaciones de estos modelos donde se consideran varios parámetros: Λ := Tasa de nacimiento per-cápita. μ := Tasa de mortalidad per-cápita β := Probabilidad e transmisión de la enfermedad por contacto por el número de contactos por la unidad d tiempo ϵ := Tasa de progresión de expuesto a infectado α := Tasa media de fatalidad del virus γ :=Tasa de recuperacion de individuos infectados Los datos que se utilizaran para realizar la estimación de los

parámetros se toman de los reportes de los casos diarios de la secretaria de salud del Huila. Se tendrá en cuenta la fecha de inicio de síntomas, la cual se ajusta apropiadamente a la dinámica del modelo.

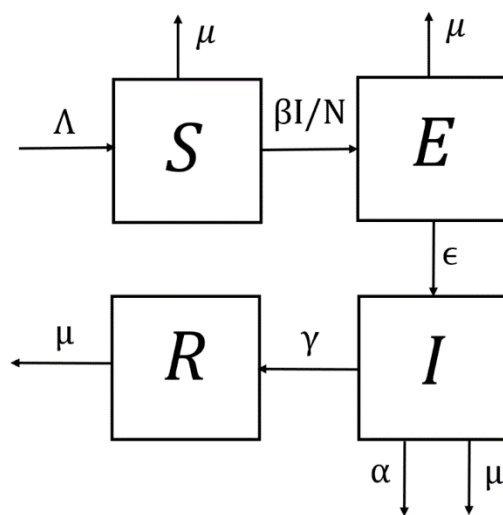


Figura1.

Resultados y Discusión

El modelo es analizado cuando ningún tipo de aislamiento es aplicado, es decir la tasa de transmisión es alta. Para este caso el máximo de contagiados se presentó en cortos periodos de tiempo, en acorde a situaciones pasadas como en el caso del SARS donde el máximo se obtuvo después de un periodo de tiempo de 30 días. Para el 17 de agosto de 2020 los casos reportados en el Huila representan un total de 0.01% de los casos reportados en Colombia. Así mismo para esta fecha los casos de recuperados y los casos de fallecimientos se mantiene por debajo del 1% siendo 0.02% y 0.44% respectivamente. Adicionalmente, el modelo representa la situación donde se aplicaron alternativas actuales de estricto confinamiento y distanciamiento social, presentando un éxito parcial. A pesar de esto, en la región aún no se reporta el número máximo de infectados, implicando un cambio importante en los parámetros teniendo en cuenta que las medidas de confinamiento empiezan a flexibilizarse.

Conclusión

El modelo SEIR fue utilizado para predecir y entender el esparcimiento del COVID-19 en el Huila. Es claro que medidas de distanciamiento social, y la adopción de medidas de precaución en salud y seguridad han sido fundamentales para frenar el esparcimiento del virus.

Financiación y Agradecimientos

Los autores expresan su profundo agradecimiento a la Universidad Surcolombiana por brindar apoyo a la investigación realizada.

Referencias

[1] Chowell G, Fenimore PW, Castillo-Garsow MA, Castillo-Chavez C. (2003). SARS Outbreak in Ontario, Hong-Kong and Singapore: the role of diagnosis and isolation as a control mechanism *AJ. Theor Biol*, 224 1-8

[2] Keeling MJ, Rohani P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals* Princeton NJ. Oxford Princeton University Press.

[3] Hethcote HW. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Rev.* 42: 599-653.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTITUMORAL DE LOS PÉPTIDOS BIOACTIVOS Δ M4 Y FAP-2 EN UN MODELO CELULAR IN VITRO DE CÁNCER DE PIEL

Gloria A Santa-González, Edwin Patiño-González, Marcela Manrique-Moreno

Grupo de Bioquímica Estructural de Macromoléculas, Instituto de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia A.A. 1226, Medellín, Colombia

† Dirección actual: Grupo de Investigación e Innovación Biomédica, Departamento de Ciencias Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano A.A. 54959, Medellín, Colombia
Correo electrónico: marcela.manrique@udea.edu.co

Resumen

El cáncer de piel es uno de los tumores de mayor incidencia en los humanos y por eso existe una necesidad de evaluar nuevos agentes antiproliferativos. Este trabajo evaluó el efecto biológico de dos péptidos bioactivos (PBA) como potenciales agentes antitumorales en líneas celulares derivadas de cáncer de piel.

Palabras Clave: cáncer de piel, péptidos bioactivos, actividad antitumoral.

Abstract

Skin cancer is one of the most common malignancies in humans; there is a need to evaluate new antiproliferative agents as potential treatments. In this research, the biological activity of two bioactive peptides (PBA) was evaluated as potential antitumor agents in cell lines derived from skin cancer.

Keywords: skin cancer, bioactive peptides, antitumoral activity.

Introducción

El cáncer de piel puede dividirse en dos grandes grupos según su origen: el cáncer de piel no melanoma y el melanoma maligno [1]. Los tratamientos actuales para esta enfermedad como la cirugía, quimioterapia y radiación, están asociados a altos costos y numerosos efectos secundarios. Los péptidos bioactivos han surgido como una familia de moléculas con amplia aplicación clínica, debido a su potencial como agentes antiproliferativos [2]; por ello, en este estudio evaluamos la actividad antitumoral de los péptidos sintéticos Δ M4 y fAP-2 en líneas celulares representativas de cáncer de piel no melanoma y de melanoma maligno.

Materiales y Métodos

Los péptidos $\Delta M4$ y fAP-2 se obtuvieron por la metodología de síntesis en fase sólida a través de la compañía GenScript. Como modelo celular tumoral se emplearon las líneas A431 de cáncer de piel no melanoma y A375 de melanoma maligno. Como control no tumoral se emplearon las células HaCaT. Todas las células fueron mantenidas bajo condiciones normales de cultivo; para los tratamientos se emplearon cultivos exponenciales que fueron expuestos por 24 horas a diferentes concentraciones de los péptidos. Para determinar la actividad biológica se llevaron a cabo mediciones de viabilidad, morfología, complejidad celular, distribución de fases de ciclo celular, producción de ROS y disrupción de potencial de membrana mitocondrial.

Resultados y Discusión

Los tratamientos con los péptidos sintéticos $\Delta M4$ y fAP-2 mostraron citotoxicidad significativa sobre las células de carcinoma de piel (Fig 1). Para conocer el mecanismo de acción que podría estar implicado en el efecto citotóxico de los péptidos, se empleó citometría de flujo para estudiar el efecto del tratamiento sobre la morfología celular, la distribución de fases de ciclo celular y la inducción de ROS, para así poder determinar si tienen un efecto lítico, citostático o inductor de apoptosis. Los resultados obtenidos con el péptido fAP-2 muestran citotoxicidad a concentraciones muy altas, obteniendo valores de IC50 por encima de 100 μM . Por otro lado, los análisis de ciclo celular, potencial de membrana mitocondrial y producción de ROS no evidenciaron cambios significativos que pudieran relacionarse con un potencial efecto antitumoral de fAP-2. Los tratamientos con $\Delta M4$ indican que este péptido: 1) tiene efecto citotóxico significativo a dosis menores de 100 μM ; 2) afecta en la distribución de las fases de ciclo celular; 3) altera la morfología disminuyendo el tamaño y aumentando la granularidad celular; 4) afecta el potencial de membrana mitocondrial; 5) no tiene efecto en la concentración de ROS intracelulares, pero si aumenta las ROS mitocondriales.

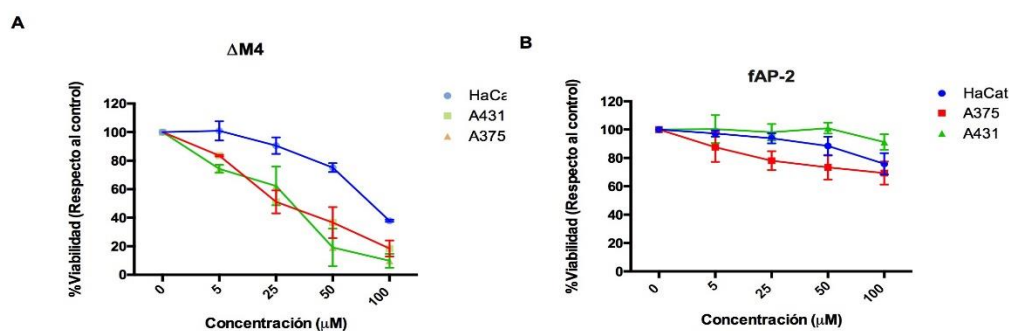


Figura 1. Citotoxicidad de los péptidos A) $\Delta M4$ y B) fAP-2. Las células HaCaT, A431 y A375 fueron tratadas por 24h con los péptidos y las concentraciones señaladas. Se determinó la viabilidad celular mediante ensayo MTT. Los valores se expresan como media \pm SEM de tres experimentos independientes.

Conclusión

El péptido fAP-2 induce efectos citotóxicos significativos a concentraciones mayores a 100 μM . El péptido ΔM4 , a concentraciones menores de 100 μM , altera la distribución de ciclo celular e induce daño a nivel de mitocondria, lo que podría sugerir un mecanismo de muerte celular asociado con apoptosis.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por COLCIENCIAS a través del proyecto 111574455015 (Contrato 716-2016) y del programa de Estadías Posdoctorales (237-2018).

Referencias

- 1] W.H. Organization, WHO | Skin cancers, WHO. (2017). <https://www.who.int/uv/faq/skincancer/en/index1.html> (accessed April 18, 2019).
- [2] S. Marqus, E. Pirogova, T.J. Piva, Evaluation of the use of therapeutic peptides for cancer treatment, J. Biomed. Sci. 24 (2017) 1-15. <https://doi.org/10.1186/s12929-017-0328-x>.

ACTIVIDAD ANTICANCERÍGENA DEL PÉPTIDO $\Delta M4$ EN CÉLULAS DE CARCINOMA ESCAMOCELULAR

Estefania Fandiño Devia¹, Ibeth Guevara Lora², Gloria A Santa Gonzalez, Edwin Patiño, Marcela Manrique Moreno¹

¹Instituto de Química, Universidad de Antioquia A.A. 1226, Medellín, Colombia

Correo electrónico: marcela.manrique@udea.edu.co

²Departamento de Bioquímica Analítica, Facultad de Bioquímica, Biofísica y Biotecnología, Universidad Jaguelónica, Polonia.

Resumen

Los péptidos antimicrobianos han surgido como nuevos agentes farmacológicos con numerosas aplicaciones. Dentro de las más prometedoras se encuentra la actividad anticancerígena. Por eso motivo, esta investigación tuvo como objetivo evaluar la actividad biológica del péptido sintético $\Delta M4$ en células de carcinoma escamocelular, como potencial tratamiento del cáncer de piel.

Palabras Clave: Péptidos antimicrobianos, apoptosis, carcinoma escamocelular.

Abstract

Antimicrobial peptides have emerged as new pharmacological agents with several applications. Among them, anticancer activity is considered one of the most promising. For this reason, this research aimed to evaluate the biological potential of the synthetic peptide $\Delta M4$ against squamous cell carcinoma cells, as a potential treatment of skin cancer.

Keywords: Bioactive peptides, apoptosis, squamous cell carcinoma.

Introducción

El tratamiento del cáncer de piel a través de métodos convencionales como la cirugía y la quimioterapia resulta en muchos casos, tóxico, poco selectivo. Además, el desarrollo de resistencia a los fármacos utilizados es frecuente. Los péptidos son una estrategia promisoriosa en el tratamiento de esta patología ya que muestran citotoxicidad selectiva sobre las células cancerígenas. Esta actividad está dada por la interacción entre los residuos cargados positivamente del péptido y los fosfolípidos cargados negativamente como la fosfatidilserina, presente en la membrana de las células cancerígenas. [1].

Materiales y Métodos

La evaluación de la actividad anticancerígena fue llevada a cabo a través de un modelo in vitro utilizando la línea celular A431, obtenida de tumores de carcinoma escamocelular. Las células HaCaT derivadas de queratinocitos sin alteraciones

neoplásicas fueron usadas como control; y el péptido LTX-315 fue usado como control positivo. Para evaluar la citotoxicidad in vitro y determinar la IC50 se realizó el ensayo de MTT (bromuro de 3-(4,5-di metiltiazol-2-il)-2,5-difeniltetrazolio). Con el fin de determinar la expresión de fosfatidilserina y el daño en la membrana se realizó el ensayo de Anexina-FITC+PI. Finalmente, con el objetivo de determinar la vía de muerte celular, se realizó la cuantificación de caspasas 3 y 7 (Caspase-Glo®3/7 Assay System) [2].

Resultados y Discusión

El péptido $\Delta M4$ demostró tener potencial actividad anticancerígena sobre la línea celular A431, obteniendo una IC50 de 26 μM , mientras que para las células de control HaCaT fue de 98,8 μM . Los resultados obtenidos para el péptido LTX-315 en A431 arrojaron una IC50 de 62 μM y para HaCaT de 40 μM . El tratamiento con las concentraciones evaluadas de péptido $\Delta M4$ indica que hay expresión de fosfatidilserina, mostrando un aumento en el porcentaje de células positivas para Anexina-FITC+PI. Dichos resultados, respaldan los datos obtenidos con la determinación de activación de caspasas 3 y 7 donde el péptido $\Delta M4$ demostró potencial proapoptótico en A431 aun a concentraciones más bajas a su IC50, debido a la activación de caspasas.

Conclusión

$\Delta M4$ inhibe el crecimiento de las células de carcinoma escamocelular, y presenta una actividad significativamente menor en las células de control HaCaT. Los resultados de exposición de fosfatidilserina y la determinación de caspasas 3 y 7 sugieren que la vía de muerte celular es apoptosis.

Financiación y Agradecimientos

Colciencias, proyecto de investigación 111574455015 (716-2016). Los investigadores del proyecto agradecen a la Universidad Jaguelónica de Polonia por la pasantía de investigación de Estefania Fandiño Devia.

Referencias

- [1] Tonk M, Vilcinskas A, Rahnamaeian M. (2016) Insect antimicrobial peptides: potential tools for the prevention of skin cancer. *Appl Microbiol Biotechnol.* 100(17):7397-405.
- [2] Lee J, Lee DG. (2014) Antimicrobial peptides (AMPs) with dual mechanisms: Membrane disruption and apoptosis. *J Microbiol Biotechnol.* 36(2):313-7.
- [3] Mahlapuu M, Håkansson J, Ringstad L, Björn C. (2016) Antimicrobial Peptides: An Emerging Category of Therapeutic Agents. *Front Cell Infect Microbiol.* 6;1-12.

TAMIZAJE VIRTUAL DE ANÁLOGOS DE DACOMITINIB Y OSIMERTINIB COMO POSIBLES CANDIDATOS EN LA INHIBICIÓN CÁNCER DE PULMÓN DE CÉLULAS NO PEQUEÑAS

Antistio Alvíz-Amador¹, Neyder Contreras-puentes², Jairo Mercado-Camargo¹

¹Universidad de Cartagena

²Corporación Universitaria Rafael Núñez. Correo electrónico: neyder.contreras@curnvirtual.edu.co

Resumen

El uso de osimertinib y dacomitinib en ciertos tipos de cáncer de pulmón es frecuente y cuestionada. Para ello, se identificó análogos de estos fármacos, en los cuales se obtuvieron moléculas con considerable afinidad y bajo efecto tóxico empleando acoplamiento molecular y servidores con algoritmos de predicción de toxicidad.

Palabras Clave: Osimertinib, Dacomitinib, Acoplamiento molecular, TKI, EGFR, NSCLC.

Abstract

Dacomitinib and osimertinib is using certain types of lung cancer and is often questioned. For this aim, analogues of these drugs were identified, in which molecules were obtained with considerable affinity and low toxic effect using molecular docking and server prediction algorithm.

Keywords: Osimertinib, Dacomitinib, Molecular Docking, TKI, EGFR, NSCLC.

Introducción

Los fármacos inhibidores de la tirosina quinasa (TKI) actúan en receptores del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), en el tratamiento del cáncer de pulmón de células no pequeñas (NSCLC). Dadas a las mutaciones puntuales en T790M y L858R, en la actualidad se emplean los TKI como osimertinib por su tasa de respuesta del 80% y en menor uso erlotinib y gefitinib [1]. A pesar de los estudios, la variabilidad de efectividad es aún persistente, por lo tanto, se ha introducido metodologías computacionales como cribado virtual para la búsqueda de elementos promisorios para el tratamiento de este tipo de cáncer.

Materiales y Métodos

A partir de los fármacos osimertinib (DB09330) y dacomitinib (DB11963) recuperados de la base de datos DRUGBANK fueron obtenidos moléculas con analogía estructural, los cuales fueron descargadas en su formato de mol2. Asimismo, se seleccionaron los receptores EGFR nativo y receptores mutados en L585R y T790M obtenidos de la base de datos Protein Data Bank. Previamente, todos los ligandos seleccionados fueron

optimizados geométricamente con ajuste posicionales y de cargas empleando campos de fuerza basados en mecánica molecular (mmff94). Del mismo modo, complejos proteicos fueron preparados y minimizado. Para el desarrollo de los acoplamientos se utilizó AutoDock vina 4.2 con el componente visual de PyRx 0.8[2]. Por otro lado, para los ligandos se realizaron las predicciones toxicológicas mediante GUSAR online.

Resultados y Discusión

De los análogos estudiados, DB03878, DB04739, DB07280 y DB06876 lograron una afinidad significativa (-9,1 y -8,3 Kcal/mol) en EGFR T790M mutado en comparación con osimertinib. (-7,6 Kcal/mol). De manera similar, DB08091, DB08730, DB07220 y DB06920 lograron una afinidad significativa (entre 9,4 y -8,9 Kcal/mol) en L858R EGFR mutado en comparación con dacomitinib (-7,0 Kcal/mol). En general, la afinidad tuvo un predominio de las fuerzas de Van der Waals y enlaces π -alquilo [3]. Además, dos análogos eran seguros con la categoría IV según las predicciones, DB08730 y DB03878. Ocho análogos de TKI mostraron una energía de unión superior al EGFR en comparación con los fármacos de referencia. Se identificaron los residuos involucrados en la interacción entre el análogo y el sitio activo del receptor, así como las interacciones predominantes. De acuerdo con las predicciones toxicológicas, solo se seleccionaron 2 análogos como candidatos prometedores seguros de tipo TKI para el tratamiento del NSCLC.

Conclusión

Se identificaron 2 análogos con considerable afinidad por los complejos proteicos estudiados y en las que se determinaron residuos importantes para la unión y promisorios como inhibidores de los receptores mutados. Igualmente, basados en las propiedades toxicológicas se consideran importantes para abordar investigaciones a nivel experimental.

Financiación y Agradecimientos

Corporación universitaria Rafael Núñez, Universidad de Cartagena.

Referencias

1. Remon J, Caramella C, Jovelet C, Lacroix L, Lawson A, Smalley S, et al. Osimertinib benefit in EGFR-mutant NSCLC patients with T790M-mutation detected by circulating tumour DNA. *Ann Oncol.* 2017;28(4):784–90.
2. Contreras-Puentes N, Mercado-Camargo J, Alvíz-Amador A. In silico study of ginsenoside analogues as possible BACE1 inhibitors involved in Alzheimer's disease. *F1000Research.* 2019;8:1169.
3. Gajiwala KS, Feng J, Ferre R, Ryan K, Brodsky O, Weinrich S, et al. Insights into the aberrant activity of mutant EGFR kinase domain and drug recognition. *Structure* [Internet]. 2013;21(2):209–19. Available from: <http://dx.doi.org/10.1016/j.str.2012.11.014>

COMPARACIÓN ENTRE INGESTA DE MACRONUTRIENTES Y REQUERIMIENTOS INTERNACIONALES EN VELOCISTAS JUVENILES DEL VALLE DEL CAUCA.

Jaime David Viafara Belalcazar¹, Andres Mauricio Obando Gomez¹, Alba Leonor Piñeros Suarez², Sandra Parra Hinojosa²

¹Universidad del Valle, Posgrado en Ciencias Biomédicas – Universidad del Valle, Grupo de Investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo, Categoría A Colciencias 2019. Correo electrónico: jaime.viafara@correounivalle.edu.co

²Institución Universitaria Escuela Nacional del Deporte

Resumen

El componente nutricional juega un papel fundamental en el rendimiento deportivo de los atletas de elite, es por esto que, los hábitos e intervenciones dietoterapeuticas deben ser individualizadas acordes con el deporte, modalidad y ciclo de vida por el deportista este cursando, con fin de mejorar su actuación deportiva.

Palabras Clave: Ciencias de la nutrición y del deporte, nutrición, alimentación y dieta, deportes acuáticos.

Abstract

The nutritional component plays a fundamental role in the athletic performance of elite athletes, which is why dietary therapeutic habits and interventions must be individualized according to the sport, modality and life cycle by the athlete being studied, in order to improve his sports performance.

Keywords: Sports nutritional science, Diet, food, and nutrition, Water sports.

Introducción

La natación como deporte de alto rendimiento, genera condiciones específicas para el entrenamiento y competición, ocasionando dificultades en la reposición de macro y micronutrientes. Por esta razón las dietas y hábitos de alimentación de los que practican este deporte deben ajustarse a sus necesidades energéticas (1). La literatura ha descrito requerimientos internacionales para el consumo de carbohidratos, grasas y proteínas acordes al deporte y estilo de competencia (2). El presente trabajo tiene como objetivo comparar las recomendaciones internacionales frente a la ingesta de macronutrientes de 36 nadadoras velocistas entre 12 y 17 años de la Liga Vallecaucana de Natación.

Materiales y Métodos

La ingesta nutricional de las nadadoras fue cuantificada mediante un registro diario de alimentos de 24 horas retrospectivo en tres momentos diferentes para cada deportista, Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

estimando las porciones consumidas a través de medidas caseras estandarizadas. Para garantizar una percepción visual más exacta, la estimación aproximada del peso de cada alimento consumido, se utilizó el libro “Atlas fotográfico de porciones para cuantificar el consumo de alimentos y nutrientes Santander, Colombia” (3).

Resultados y Discusión

Como resultado, se encontró que la ingesta media de macronutrientes de las nadadoras estuvo en el límite máximo de consumo de gramos de proteínas (1,2 - 2 g/kg/día), en donde solo el 44% cumplió con la recomendación; el 50% de las nadadoras tuvieron un consumo de lípidos dentro de los rangos de normalidad (20- 30% del valor calórico total). Sin embargo, el promedio de ingesta de carbohidratos en general no alcanzó el mínimo del consumo recomendado por los requerimientos internacionales (7 - 12 g/kg/día) debido a que solo el 36% de las deportistas presentaron un consumo apropiado.

Conclusión

Si bien las nadadoras del presente estudio son las mejores de la región, si fuesen comparadas con deportistas de su misma categoría en pruebas internacionales, se podrían encontrar diferencias significativas respecto al rendimiento deportivo frente a otras ligas extranjeras; atribuibles a las falencias existentes en aspectos nutricionales.

Financiación y Agradecimientos

Financiación: Recursos propios. Agradecimientos: Agradecimientos agradecer Liga Vallecaucana de Natación y a su concentración de deportistas por abrir las puertas a nuestro proceso investigativo.

Referencias

- [1]. Beck K, Thomson JS, Swift RJ, von Hurst PR. (2015). Role of nutrition in performance enhancement and postexercise recovery. Open Access J Sport Med.6:259.
- [2]. Burke L, Gismondi MI. (2010). Nutrición en el deporte: un enfoque práctico. ed Médica Panamericana.
- [3]. Gómez GEP, Falla ÓFH, Prada SAO. (2011). Atlas fotográfico de porciones para cuantificar el consumo de alimentos y nutrientes en Santander, Colombia. ed UIS, Universidad Industrial de Santander.

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTICANCERÍGENA DEL EXTRACTO ETANÓLICO DE HOJAS DE *Passiflora edulis* EN DOS LÍNEAS CELULARES TUMORALES

Johan Alexander Villada Ramos¹, John Sebastian León Villarreal², Johanny Aguillón Osma¹, Nelsy Loango Chamorro¹

¹Universidad del Quindío, Grupo de investigación en Bioquímica de enfermedades Cardiovasculares y Metabólica, Armenia-Quindío, Colombia; Universidad del Quindío, Grupo de investigación en Ciencias Básicas y Educación. Correo electrónico: johanvilladaramos@gmail.com

²Universidad del Quindío, Grupo de investigación en Bioquímica de enfermedades Cardiovasculares y Metabólica, Armenia-Quindío, Colombia

Resumen

El cáncer es una de las principales causas de muerte en el mundo, por esta razón en nuestro trabajo se evaluó la actividad anticancerígena del EEH de *P. edulis*, donde se encontró que el EEH presenta propiedades anticancerígenas y un mayor efecto sobre las líneas tumorales.

Palabras Clave: Actividad anticancerígena, *P. edulis*, líneas tumorales.

Abstract

Cancer is one of the main causes of death in the world, for this reason in our work the anticancer activity of the EEH of *P. edulis* was evaluated in two tumor lines, where it was found that EEH has anticancer properties and a greater effect on tumor lines.

Keywords: Anticancer activity, *P. edulis*, tumor lines.

Introducción

El cáncer hepatocelular y colorrectal representan dos de los cánceres más diagnosticados y son las principales causas de muerte por cáncer. Además, se ha observado que los fármacos quimioterapéuticos para el tratamiento del cáncer no distinguen en su función de toxicidad de las células tumorales respecto a las no tumorales. Así mismo, las investigaciones sostienen que las plantas ofrecen una oportunidad para desarrollar nuevas estrategias terapéuticas para muchos tipos de enfermedades, incluido el cáncer. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del extracto etanólico de hojas de *P. edulis* sobre la viabilidad celular, en dos modelos celulares tumorales.

Materiales y Métodos

Se caracterizaron los compuestos fitoquímicos del extracto etanólico de hojas (EEH) de *P. edulis* por espectrofotometría, donde se cuantificó el contenido total de fenoles, Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

polisacáridos, alcaloides, flavonoides y taninos. Además, se evaluó el efecto del EEH por sulforodamina B, de tres líneas celulares, dos tumorales y un control, las cuales comprenden, carcinoma hepatocelular HepG2, carcinoma colorrectal SW480 y fibroblastos de prepucio humano HFF, el tiempo de exposición fue de 24 horas a tratamientos que van desde 0,05 mg/mL a 3,0 mg/mL [2].

Resultados y Discusión

Se encontró que el EEH presentó un alto contenido de fenoles, polisacáridos y flavonoides. Se observó un efecto dosis dependiente sobre la viabilidad celular de HepG2, donde a medida que se aumentaba la concentración del extracto disminuía la viabilidad celular. Sobre SW480, el EEH disminuye la viabilidad con respecto al control a partir de la concentración de 0,1 mg/mL (94%) reduciendo la viabilidad máxima en un 64,3% a 3 mg/mL. Por otro parte, el efecto sobre la viabilidad celular de HFF fue variable. El EEH disminuyó la viabilidad a partir de tratamientos superiores a 0,5 mg/mL (78,5 %) siendo el de 3 mg/mL (71,9 %) el que exhibió mayor toxicidad sobre SW480 a 24 horas. Por el contrario, los tratamientos de 0,05; 0,1 y 0,2 mg/ml estimularon la viabilidad celular en un 4,9; 12,9 y 7,94%, respectivamente. Como se observa, el EEH generó un mayor efecto sobre las células SW480 y HepG2 que en la línea celular HFF, esto nos muestra que el EEH tiene mayor selectividad por las líneas celulares tumorales que por la no tumoral HFF.

Conclusión

El extracto etanólico de *P. edulis* es una fuente potencial de compuestos fitoquímicos con propiedades anticancerígenas en las líneas celulares evaluadas. Además, tiene un efecto citotóxico diferencial respecto a la célula no tumoral.

Financiación y Agradecimientos

Esta investigación fue financiada por el programa Colombia Científica del Gobierno Nacional y la maestría en Ciencias Biomédicas de la Universidad del Quindío.

Referencias

- [1] Arun K, Madhavan A, Reshmitha T, Thomas S, Nisha P. (2018). *Musa paradisiaca* inflorescence induces human colon cancer cell death by modulating cascades of transcriptional events. *Food Funct.* 9:511–524.
- [2] Armentano M, Bisaccia B, Miglionico R, Russo D, Nolfi N, Carmosino M, Andrade P, Valentao P, Sissoko M, Milella L. (2015). Antioxidant and proapoptotic activities of *sclerocarya birrea* [(A. Rich.) Hochst.] Methanolic root extract on the hepatocellular carcinoma cell line HepG2. *BioMed Research International.*

REVISIÓN SISTEMÁTICA DE LA LITERATURA CIENTÍFICA PARA MAPEAR LAS APLICACIONES DEL ANÁLISIS DE ADN MITOCONDRIAL EN POBLACIONES AMERICANAS

Adriana Castillo Pico^{1*}, Leidy Johanna Rueda Díaz², Fernando Rondón González³

¹Departamento de Ciencias Básicas, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga – Colombia.

²Escuela de Enfermería, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga – Colombia.

³Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga - Colombia.

*correo electrónico: castillo@uis.edu.co

Resumen

Con el objetivo de mapear las aplicaciones, metodologías y haplotipos del ADN mitocondrial en poblaciones americanas, se realizó una revisión sistemática de alcance siguiendo los lineamientos del Instituto Joanna Briggs. Se concluye que la mayoría de los estudios tienen fines poblacionales, y muy pocos, tienen fines forenses.

Palabras clave: ADN mitocondrial, Haplotipos, América, Revisión Sistemática.

Abstract

With the aim to map the applications, methodologies and haplotypes of mitochondrial DNA in American population, a systematic scoping review was conducted, following the guidelines of the Joanna Briggs Institute. It is concluded that most of the studies are population-based and very few are forensic.

KeyWords: mitochondrial DNA, Haplotypes, Americas, Systematic Review.

Introducción

El uso del ADN mitocondrial en genética forense implica genotipar perfiles genéticos y valorar estadísticamente los resultados [1]. Lo anterior, demanda conocer la distribución de haplotipos en la población donde se analiza el caso [2]. Para esto, es esencial tener información de los estudios realizados hasta la fecha para establecer la valoración de las frecuencias haplotípicas en la población de interés. Las revisiones sistemáticas de alcance constituyen una herramienta para recopilar evidencia disponible al respecto [3]. El objetivo de esta revisión fue examinar la literatura científica existente para mapear las aplicaciones, metodologías y haplotipos del ADNmt en poblaciones americanas.

Materiales y métodos

Esta revisión de alcance se desarrolló según la metodología del Instituto Johanna Briggs. Fueron incluidos estudios poblacionales y forenses desarrollados a partir de ADNmt humano de individuos nacidos en América. Los estudios debían proporcionar información sobre la aplicación del ADNmt, metodologías utilizadas para su análisis molecular y los métodos de análisis de datos empleados. Las búsquedas de literatura fueron realizadas entre mayo y septiembre de 2019 en el portal Pubmed, las bases de datos Scopus, Science direct, Web of Science; Academic Search ultimate, Fuente académica premier, Health Source – Consumer edition, CINAHL, OVID, BVS y Scielo; los repositorios de tesis o disertaciones CAPES, Dart Europe, tesis doctorales en red y Renata, y el buscador Google Académico. Las búsquedas y la extracción de datos fueron realizadas por dos revisores de manera independiente. Para la extracción de datos se empleó un formulario elaborado por los autores

Resultados y discusión

Esta revisión identificó inicialmente 4538 estudios, de estos quedaron 2724 una vez se eliminaron los duplicados, estos se revisaron por título y resumen para establecer el cumplimiento de criterios de inclusión y se seleccionaron 364 estudios los cuales fueron examinados en la etapa de lectura del texto completo para determinar el cumplimiento de los criterios de participantes, concepto y contexto. En total, 249 estudios fueron elegibles para ser incluidos en la revisión. De acuerdo con el tipo de estudio, el 93% tuvieron aplicación con fines poblacionales y el 7% con fines forenses, de igual manera el 96% de los estudios analizaron la región control del ADNmt y el 4% analizaron la molécula en su totalidad (Mitogenoma). Así mismo el 50% de los estudios usó secuenciación como metodología de análisis molecular, el 24% RFLPs, el 20% utilizó simultáneamente RFLP's y Secuenciación, un 4% usó Secuenciación de Próxima generación (NGS) y el 4% restante uso minisequenciación. Finalmente, para el análisis de datos el 100% de los estudios presentó las frecuencias haplotípicas y de estos un 51% incluyó el análisis de diversidad genética, un 44% presentó adicionalmente el análisis de redes de haplotipos y el 11% presentó los parámetros estadísticos de importancia forense.

Conclusión

Esta revisión sistemática dilucidó que la mayoría de los estudios tienen fines poblacionales y muy pocos fines forenses, la región control del ADNmt es la más analizada usando la metodología de secuenciación por Sanger y todos los estudios presentan las frecuencias haplotípicas y a partir de ellas, la diversidad genética.

Financiación y agradecimientos

Los autores agradecen a la Vicerrectoría de Investigación y Extensión por el apoyo del proyecto VIE-UIS 2488: “Caracterización de los linajes maternos, basados en ADN mitocondrial, presentes en una muestra poblacional del departamento de Santander”, con el cual se adelantó la presente contribución.

Referencias

[1] Crespillo M, Barrio P. (2019) Genética Forense: del laboratorio a los tribunales. Ediciones Díaz de Santos. 10:241-267.

[2] Parson W. y cols. (2014) DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing, Forensic Science International: Genetics, 13:134-142.

[3] The Joanna Briggs Institute. (2015) Methodology for JBI Scoping Reviews. 1-24.

ANÁLISIS INTEGRATIVO DE CONJUNTOS DE DATOS DE PROTEÍNAS CON EXPRESIÓN DIFERENCIAL EN PACIENTES CON SÍNDROME DE SJÖGREN

Nicolas Gutierrez¹, Luz Elena Triana Vidal², Jorge Brayam Nuñez Torres², Camilo Cardona², Mónica Yulieth Agudelo Ocampo²

¹Biphotonics, Javeriana, Cali

²Grupo de Investigación en epidemiología y servicios-GRIEPIS, Universidad Libre, Cali.
Correo electrónico: elehi@yahoo.es

Resumen

Este estudio tiene como objetivo comparar las proteínas reportadas como diferencialmente expresadas en pacientes con síndrome de Sjögren (SS), entre los años 2000 y 2019, con el propósito de encontrar posibles candidatos de biomarcadores en SS. Se encontraron cinco proteínas expresadas diferencialmente en saliva, lágrima y suero.

Palabras Clave: Sjögren, proteína, biomarcador.

Abstract

This study aims to compare the proteins reported as differentially expressed in patients with Sjögren's syndrome (SS), between 2000 and 2019, with the purpose of finding possible biomarker candidates in SS. Five proteins differentially expressed in saliva, tear and serum were found.

Keywords: Sjögren's syndrome, protein, biomarker.

Introducción

Este estudio tiene como objetivo comparar las proteínas expresadas en pacientes con síndrome de Sjögren (SS) en lágrimas, saliva y suero, utilizando como referencia las proteínas identificadas en documentos publicados entre los años 2000 y 2019. Este nuevo enfoque permitió postular proteínas que puedan usarse como biomarcadores en SS (1). Se realizó un análisis de conjuntos de las proteínas diferencialmente expresadas de pacientes con SS, utilizando RStudio; para la visualización de los datos fue usado el software PANTHER y REACTOME 7.0. Se encontraron cinco proteínas expresadas diferencialmente en saliva, lágrima y suero.

Materiales y Métodos

La búsqueda de los conjuntos de proteínas identificadas en lágrimas, saliva y suero de pacientes con síndrome de Sjögren se realizó mediante la base de datos de PubMed(www.nlm.nih.gov/bsd/pubmed.html). Las palabras clave utilizadas fueron Sjögren y/o saliva, suero y lágrima. Estudios entre los años 2000 y 2019 fueron

seleccionados, excluyendo aquellos que reportaban datos de animales o bacterias. Con las proteínas obtenidas, se creó una base de datos, en la cual se clasificaron las proteínas de acuerdo a su ID, nombre, tipo de fluido y el grupo al que pertenece (paciente o control). El emparejamiento se realizó mediante el programa RStudio con el fin de encontrar proteínas expresadas entre los distintos pacientes y proteínas expresadas igualmente entre pacientes y grupos de control. Posteriormente se utilizó PANTHER (<http://www.pantherdb.org/>) y REACTOME 7.0 (<https://reactome.org/PathwayBrowser/#TOOL=AT>) con el fin de explorar el tipo de proteínas expresadas por pacientes de SS y las rutas metabólicas enriquecidas.

Resultados y Discusión

El diagnóstico clínico y seguimiento de los pacientes de ojo seco es un gran reto para los profesionales en salud debido a la no aparente relación entre los síntomas y los resultados de las pruebas clínicas, lo cual resalta la necesidad de nuevos métodos para el diagnóstico. Por eso el propósito del presente estudio de encontrar proteínas que puedan ser empleadas como biomarcadores en SS. De las 5 proteínas encontradas, se resaltan la antitrombina III y E-cadherin. La antitrombina II inhibe múltiples puntos de la cascada de coagulación. De las trombofilias adquiridas, el síndrome antifosfolípido es el más frecuente y se ha asociado a otras patologías como Sjögren. E-cadherin en suero ya fueron asociados con Sjogren y piel inflamada y, para nuestra sorpresa también se reportó altas concentraciones de esta proteína en saliva y lagrime de pacientes con Sjogren lo que nos hace sugerirla como un potencial biomarcador. De las vías enriquecidas, la vía de la degranulación de los neutrófilos se ha relacionado con SS, lo que nos hace pensar que puede estar relacionado con la expresión de E-cadherin (2) que afecta la polarización celular en células inmunes, generando un descontrol en la señalización celular (3).

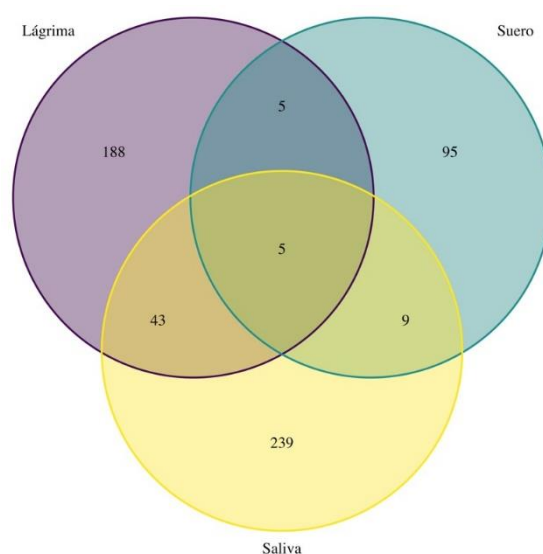


Figura 1.

Conclusión

E-cadherin es un excelente candidato para el diagnóstico de SS. Esta proteína se encuentra en elevadas concentraciones en saliva, lágrima y suero de pacientes SS, lo que permitiría la fácil detección clínica.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos al semillero de investigación Epidemiología Molecular, del programa de Medicina, de la Universidad Libre, Seccional Cali.

Referencias

1. Ghojvand S, Bagheri F, Mesrian Tanha H. (2019). Integrative meta-analysis of publically available microarray datasets of several epithelial cell lines identifies biological processes affected by silver nanoparticles exposure. *Comparative Biochemistry and Physiology Part C: Toxicology & Pharmacology*. 216:67-74.
2. Hofmann M, Pircher H. (2011). E-cadherin promotes accumulation of a unique memory CD8 T-cell population in murine salivary glands. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 108(40):16741-16746.
3. Li B, Sheng M, Li J, Yan G, Lin A, Li M et al. (2014). Tear proteomic analysis of Sjögren syndrome patients with dry eye syndrome by two-dimensional-nano-liquid chromatography coupled with tandem mass spectrometry. *Scientific Reports*. 4(1).

METABOLITOS ANTI-INFECCIOSOS DE LA BACTERIA DE PROFUNDIDAD MARINA *Bacillus sp.*

Marynes Quintero¹, Oscar M. Vidal², Juan D. Guzman³, Jorge E. Gómez-Marín⁴, Albert D. Patiño¹, Diego A. Molina⁴, Gloria Puerto⁵, Lina M. Blandón¹, Javier Gómez-León¹

¹Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras- INVEMAR. Correo electrónico: javier.gomez@invemar.org.co

²Fundación Universidad del Norte

³Institute for Insect Biotechnology, Justus-Liebig-University of Gießen

⁴GEPAMOL- Universidad del Quindío

⁵Instituto Nacional de Salud

Resumen

Las limitaciones de los actuales fármacos empleados contra la toxoplasmosis y la tuberculosis fomentan la búsqueda de nuevos compuestos. Se evaluaron extractos crudos de bacterias marinas contra *Toxoplasma gondii* GFP-RH y *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv. *Bacillus sp.* INV FIR48 produjo metabolitos anti-infecciosos con baja citotoxicidad. LC-MS/MS mostró presencia de metabolitos peptídicos.

Palabras Clave: Profundidad marina, *Toxoplasma gondii*, *Mycobacterium tuberculosis*, péptidos.

Abstract

The limitations of the current treatment drugs of toxoplasmosis and tuberculosis encourages the search for new compounds. Crude extracts of marine bacteria were tested against *Toxoplasma gondii* GFP-RH and *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv. Deep-sea *Bacillus sp.* INV FIR48 produced anti-infective metabolites with low cytotoxicity. LC-MS showed the presence of peptide metabolites.

Keywords: Deep-sea bacteria, *Toxoplasma gondii*, *Mycobacterium tuberculosis*, peptides.

Introducción

Las enfermedades infecciosas representan actualmente un desafío para la salud pública, principalmente la toxoplasmosis y la tuberculosis, causadas por *T. gondii* y *M. tuberculosis*, presentan mayor prevalencia mundial. Dado a que los tratamientos para estas enfermedades causan efectos secundarios, ha surgido la creciente necesidad de obtener nuevas fuentes de metabolitos efectivos con poca o nula toxicidad. Las profundidades marinas de Colombia sustentan una biodiversidad microbiana que ha sido poco explorada, pudiendo representar una fuente novedosa de metabolitos con

potencial anti-infeccioso [1]. Por consiguiente, el alcance fue evaluar extractos de bacterias marinas contra *T. gondii* GFP-RH y *M. tuberculosis* H37Rv.

Materiales y Métodos

Bacillus sp. INV FIR48 fue cultivada en caldo Bushnell-Haas con melaza 1% durante 168 h, el cultivo libre de células fue extraído con acetato de etilo, concentrado mediante rotaevaporación hasta obtener un extracto crudo. El efecto sobre la viabilidad de taquizoítos de *T. gondii* GFP-RH se evaluó mediante intensidad de fluorescencia (565-600 nm), expuestos durante 30, 60 y 120min con el extracto. El efecto sobre la infección (pre-tratamiento) y proliferación (post-tratamiento) del parásito se evaluó mediante microscopia de fluorescencia empleando la línea celular HFF-1 ATCC SCRC-1041TM. La inhibición de *M. tuberculosis* H37Rv se evaluó mediante dilución en agar. Los ensayos fueron realizados por triplicado, empleando sulfadiazina e isoniazida como control positivo contra *T. gondii* y *M. tuberculosis* respectivamente. La citotoxicidad se evaluó sobre HFF-1 y un cultivo primario de eritrocitos. La identificación de los metabolitos se realizó por dereplicación de los datos LC-MS/MS mediante la base de datos GNPS [2].

Resultados y Discusión

Bacillus sp. INV FIR48 mostró efecto sobre la viabilidad de taquizoítos de *T. gondii* a 24 µg/mL (>80%), dado a que esta fase es crucial para establecer la infección intracelular, la actividad encontrada representa un aspecto interesante del efecto biológico del extracto. Se observó una disminución de la señal de unidades relativas de fluorescencia (RFU) a 60 µg/mL, lo que indica una inhibición del proceso de infección del parásito, asimismo a esta concentración no se observaron estructuras de replicación como rosetas y vacuola parasitófora en comparación con el control negativo, lo que indica que afectó la proliferación del parásito. Estos resultados sugieren que el extracto presentó un efecto directo sobre el metabolismo del parásito como también afectó la replicación intracelular al observar pocos taquizoítos extracelulares respecto al control negativo. Adicionalmente, el extracto presentó una CMI de 50 µg/mL contra *M. tuberculosis* H37Rv, lo que indica que la bacteria produce metabolitos antimicobacterianos. Se observó baja citotoxicidad sobre las células HFF-1 (80% de viabilidad) y un $0,3 \pm 0,1\%$ de hemólisis a 60 µg/mL. Se logró la identificación putativa de cinco compuestos, entre ellos, surfactina A, surfactina C14i éster monometílico, surfactina C14, esperina y pumilacidina B, previamente reportados en especies de *Bacillus* [3].

Conclusión

Se presenta la novedad de la bacteria de profundidades marinas *Bacillus* sp. INV FIR48 como productora de metabolitos con actividad anti-*T. gondii* y anti-TB. El análisis de los espectros indicó la presencia de metabolitos de tipo péptidos. El extracto es promisorio para dilucidar los metabolitos responsables de la actividad biológica.

Financiación y Agradecimientos

Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020
Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

Al Invemar y Minambiente por la financiación, a través del Banco de Proyectos de Inversión Nacional. Esta investigación se encuentra bajo el contrato de acceso a recursos genéticos y producto derivado No. 123; expediente RGE0 158-5, otorgado al Invemar por Minambiente.

Referencias

- [1] Santos-Acevedo, M., Quintero, M., Velásquez-Emiliani, A., Jiménez-Vergara, E., Blandón, L.M., Jutinico-Shubach, L.M., Montoya-Giraldo, M., Alvarado-Campo, K.L., Vides-Casado, M.P., Alonso-Carvajal, D. y Gómez-León, J. (2018). Microvida del Caribe colombiano profundo. Serie de Documentos Generales No. 98. Santa Marta: INVEMAR.
- [2] Sudarmono, P., Wibisana, A., Listriyani, L. W., y Sungkar, S. (2019). Characterization and Synergistic Antimicrobial Evaluation of Lipopeptides from *Bacillus amyloliquefaciens* Isolated from Oil-Contaminated Soil. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2019: 8.
- [3] Kecskeméti, A., Bartal, A., Bóka, B., Kredics, L., Manczinger, L., Shine, K., Alharby, N.S., Khaled, J. M., Varga, M., Vágvölgyi, C., y Szekeres, A. (2018). High-Frequency Occurrence of Surfactin Monomethyl Isoforms in the Ferment Broth of a *Bacillus subtilis* Strain Revealed by Ion Trap Mass Spectrometry. *Molecules.* 23:9.

DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIINFLAMATORIA DEL EXTRACTO ETÉREO DE HOJAS DE *Alstonia scholaris* (FLORON) APOCYNACEAE

Stefanny Barrios Márquez¹, Catalino De la Rosa Torres², Sandra Moreno Gastelbondo², Ivette Acevedo Gutiérrez², Laura Paternina Aislant², Oscar Camacho Romero^{1,2}

¹Perseus Allianz SAS.

²Universidad del Atlántico. Correo electrónico: oscarcamacho@mail.uniatlantico.edu.co

Resumen

Alstonia scholaris es una planta ampliamente utilizada en medicina tradicional. En este trabajo, se determinaron los constituyentes químicos mayoritarios y la actividad antiinflamatoria de un extracto etéreo de hojas, bajo el modelo edema plantar por carragenina, evidenciando que el extracto etéreo de *A. scholaris* posee una notable actividad antiinflamatoria.

Palabras Clave: *Alstonia scholaris*, carragenina, extracto etéreo, antiinflamatorio.

Abstract

Alstonia scholaris is a plant widely used in traditional medicine. In this work, the major chemical constituents and the anti-inflammatory activity of an ethereal extract of leaves were determined under the plantar edema model by carrageenan, showing that the ethereal extract of *A. scholaris* has a notable anti-inflammatory activity.

Keywords: *Alstonia scholaris*, carrageenan, ethereal extract, anti-inflammatory.

Introducción

Alstonia scholaris pertenece a la familia Apocynaceae, originaria de la india y empleada en la medicina tradicional para el tratamiento de múltiples problemas de salud, principalmente malaria y reumatismo, también se reporta actividad antimicrobiana, antiinflamatoria y antioxidante. En los últimos años se ha intensificado el estudio de las plantas medicinales, debido al potencial que tienen y por la evidencia científica que soporta el uso tradicional de las mismas; por lo anterior, se planteó determinar los grupos químicos y actividad antiinflamatoria del extracto etéreo de las hojas de *A. scholaris*.

Materiales y Métodos

Se realizó la recolección del material vegetal fresco en Puerto Colombia-Atlántico (Colombia), el cual fue sometido a secado y molienda moderadamente grueso, posteriormente recibió un tratamiento con etanol al 96% y al extracto obtenido se le

efectuó una marcha fitoquímica preliminar para identificar los constituyentes mayoritarios, mientras la actividad antiinflamatoria se evaluó mediante el modelo edema plantar por carragenina en ratones tipo Swiss, se emplearon ratones albinos machos, con peso corporal 14- 32 g en cuatro grupos, como vehículo se utilizó Tween 80, como control positivo la indometacina y se analizó el proceso de inflamación a concentraciones de 0.1 y 0.01%, midiendo la inhibición del edema a 1, 3 y 5 horas después de la inducción de la inflamación, si el porcentaje de inhibición era mayor al 40 % la prueba se consideraba positiva.

Resultados y Discusión

Se identificó la presencia de alcaloides, taninos, fenoles, antraquinonas, esteroides y terpenos lo cual coincide con lo reportado en la literatura. Mientras, que los resultados antiinflamatorios mostraron una inhibición de la inflamación pasada la primera y tercera hora con valores por encima del 40% para el extracto al 0.1% y ninguna para el extracto 0.01%, mostrando positiva la prueba, debido que algunos ensayos a la primera hora alcanzan hasta 62% de inhibición. Lo cual es confirmado en extractos y fracciones de las hojas a partir de ensayos In-vivo y atribuible a la concentración de alcaloides de esta especie (picrinina, vallesamina y scholaricina), lo que permite identificar la propiedad antiinflamatoria en extracto polares y apolares, relacionando el resultado con la presencia de pseudoalcaloides (alcaloides indol-monoterpenicos) reportados en otros estudios.

Tabla 1. Determinación de la actividad antiinflamatoria del extracto etéreo de hojas de *Alstonia scholaris* (floron) Apocynaceae

Grupo	Tratamiento *	Porcentaje de inhibición (%) **		
		1 h	3 h	5 h
I	Control (+)	75.0	77.7	66.6
	Extracto 0.1%	62.5	44.4	44.44
	Extracto 0.01%	37.5	22.2	22.22
II	Control (+)	71.0	75.0	75
	Extracto 0.1%	57.1	50.0	37.50
	Extracto 0.01%	42.8	25.0	33.33
III	Control (+)	66.0	71.43	71.43
	Extracto 0.1%	50.0	57.14	28.57
	Extracto 0.01%	33.3	28.57	14.28
IV	Control (+)	66.0	65.2	65.2
	Extracto 0.1%	0.0	0.0	0.0
	Extracto 0.01%	0.0	0.0	0.0
Control negativo (-): solución acuosa con Tween 80		0.0	0.0	0.0

Conclusión

Se concluyó que los grupos químicos presentes corresponden a los reportados en la literatura; además que el extracto etéreo de *A. scholaris* posee una notable actividad antiinflamatoria, dando un índice activo por arriba del 40 % luego de 1 y 3 horas de la inducción de la inflamación.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a la Vicerrectoría de Investigaciones, Extensión y Proyección Social de la Universidad del Atlántico por el apoyo en la ejecución de este proyecto.

Referencias

CYTED, Manual de Técnicas de Investigación, Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo, Bogotá, D.C., 1995: 81-84.

Shang JH, Cai XH, Feng T, Zhao YL, Wang JK, Zhang LY, Yan M, Luo XD. Pharmacological evaluation of *Alstonia scholaris*: anti-inflammatory and analgesic effects. *J Ethnopharmacol.* 2010 May 27;129(2): 174-81. doi: 10.1016/j.jep.2010.02.011. Epub 2010 Feb 26. PMID: 20219658.

Xiang HC, Du Zhi Z, Dong LX. Unique Monoterpenoid Indole Alkaloids from *Alstonia scholaris*. *Organic Letters.* 2007; 9 (9): 1817-1820.

NORTE AMÉRICA INVADE EL MUNDO: EL CASO DEL MOSQUITO DE LAS INUNDACIONES *Aedes vexans* (DIPTERA: CULICIDAE) A PARTIR DE ADN MITOCONDRIAL

Jose Heriberto Vargas Espinosa, Oscar Alexander Aguirre Obando

Universidad del Quindío. Correo electrónico: jhvargase_1@uqvirtual.edu.co

Resumen

El mosquito de las inundaciones, *Aedes vexans* Diptera: Culicidae, nativo de Canadá, y actualmente presente en todos los continentes, presenta competencia vectorial para 30 arbovirus. En total se recuperaron 1184 secuencias, El análisis filogenético reveló la existencia de 6 clados.

Palabras Clave: diversidad genética, flujo genético, gen COI.

Abstract

The flood mosquito, *Aedes vexans* Diptera: Culicidae, native to Canada and currently present on all continents, presents vector competence for 30 arboviruses. In total, 1184 sequences were recovered. Phylogenetic analysis revealed the existence of 6 clades.

Keywords: genetic diversity, gene flow, COI gene.

Introducción

El mosquito de las inundaciones, *Aedes vexans* Meigen, 1830 (Diptera: Culicidae), nativo de Canadá, y actualmente presente en todos los continentes, presenta competencia vectorial para 30 arbovirus, y un papel importante en la transmisión de la fiebre del Nilo Occidental. Por lo tanto, conocer la estructura y flujo genético de *A. vexans* es importante para el desarrollo de estrategias de control vectorial adecuadas para esta.

Materiales y Métodos

Para esto, a partir de secuencias parciales del gen mitocondrial COI disponibles en Bold y GenBank, se determinó la diversidad genética Haplotípica - Hd; nucleotídica - π , estructuración genética y flujo genético a nivel mundial, continental y por países.

Resultados y Discusión

En total se recuperaron 1184 secuencias distribuidas entre América 88,60 %, Europa 7,35 %, Asia 3,89 %, y África 0,17 %. De estas, se detectaron 395 haplotipos H sin presencia de pseudogenes, siendo H1 el más frecuente 24,58 % y H112 - H395 los menos frecuentes variando entre 0,93 % H112 y 0,08 % 395. Filogenéticamente, los

haplotipos se agruparon en seis clados distribuido mundialmente. La Hd y π mundial fue de 0,840 y 0,011, respectivamente. Además, se tuvo evidencia de estructuración genética entre países $F_{ST} = 0.086$, $p < 0.05$ con mayor porcentaje de variación entre los mismos 91.30 % y no se detectó aislamiento por distancia $r=0.0031$, $p > 0.05$.

Conclusión

Estos resultados sugieren que las poblaciones del mosquito que invadieron otros continentes, provienen directamente del continente de América, en donde posiblemente las rutas de comercio transcontinentales favorecieron su dispersión a larga distancia.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos a la escuela de investigaciones en Biomatemática, Universidad del Quindío.

Referencias

Ronquist F, Teslenko M, Van Der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA & Huelsenbeck JP. 2012. Mrbayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space, *Systematic Biology*, 613, pp. 539–542. doi:10.1093/sysbio/sys029.

RStudio Team 2015. RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.

Rozas J, Ferrer-Mata A, Sanchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins SE & Sanchez-Gracia A. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets, *Molecular Biology and Evolution*, 3412, pp. 3299–3302. doi:10.1093/molbev/msx248.

Sanborn MA, Klein TA, Kim HC, Fung CK, Figueroa KL, Yang Y, Asafo-Adjei EA, Jarman RG & Hang J. 2019. Metagenomic analysis reveals three novel and prevalent mosquito viruses from a single pool of aedes vexans nipponii collected in the republic of korea, *Viruses*, 113, pp. 1–17. doi:10.3390/v11030222.

EFFECTO DEL ACEITE VEGETAL DE SEMILLAS DE *Annona muricata* SOBRE LA LIBERACIÓN DE GRÁNULOS DE METALOPROTEINASA MATRIZ-9 EN NEUTRÓFILOS HUMANOS

Andres Ortiz-Sotelo, Alexandra España-Jojoa, Daniel Jurado, Jaqueline Mena-Huertas

Universidad de Nariño. Correo electrónico: jmenahuertas@ymail.com

Resumen

Los neutrófilos desempeñan un papel importante en la regulación del proceso inflamatorio, y algunos extractos vegetales podrían regular su actividad. Se evaluó el efecto in vitro del aceite vegetal (AV) de semillas de *Annona muricata* sobre neutrófilos humanos. Este AV induce liberación de MMP9 después de 15 minutos de estímulo.

Palabras Clave: *Annona muricata*, metaloproteinasa de matriz 9, inflamación.

Abstract

Neutrophils play an important role in the regulation of the inflammatory process, and some vegetable extracts could regulate their activity. We evaluated the in vitro effect of the vegetable oil (VO) of *Annona muricata* seeds over human neutrophil activity. This VO induces the MMP9 release after a 15 minutes stimulus.

Keywords: *Annona muricata*, matrix metalloproteinase-9, inflammation.

Introducción

Los neutrófilos participan en la inmunidad innata y adquirida; su respuesta rápida contribuye a la resolución oportuna de infecciones, previniendo el desarrollo de patologías asociadas a inflamación crónica. Su respuesta inicial puede mejorarse mediante un pretratamiento con agentes priming", que estimulan su preactivación sin inducir el estallido respiratorio. Extractos derivados de anonáceas se han utilizado tradicionalmente para el manejo de algunos procesos inflamatorios; pero no encontramos reportes del efecto de aceites vegetales (AV) de semillas de *Annona muricata* [1]. El objetivo fue determinar in vitro el efecto de este AV en la liberación de Matriz Metaloproteinasa-9 (MMP9) de neutrófilos humanos.

Materiales y Métodos

Se extrajo neutrófilos a partir de sangre periférica, de donantes sanos que firmaron consentimiento informado, usando la técnica en gradiente de Percoll. Se verificó viabilidad y pureza pos-extracción mediante tinción con azul de tripan y tinción de wrigth respectivamente. Mediante exclusión por azul de tripan se descartó el efecto citotóxico durante 3 horas de incubación de las diluciones de trabajo de AV (1:100, 2:100, 3:100, 4:100) utilizando como control positivo H₂O₂ al 10%. Para evaluar el

efecto sobre la liberación de granulos de gelatinasa MMP9 1×10^6 neutrófilos se estimularon con las mismas diluciones de AV a 37°C por 5 o 15 minutos, se usó LPS ($5\mu\text{M}$) como control positivo; se recuperó el sobrenadante y se determinó la actividad gelatinolítica mediante análisis de zimografía. Los geles se digitalizaron, y se analizaron con ImageJ®. Se trabajo con 5n, se realizó análisis ANOVA y prueba de Dunnet considerando un $\alpha=0,05$ [2].

Resultados y Discusión

La pureza y viabilidad de la extracción de neutrófilos fue $>95\%$. La viabilidad post-estimulación durante las 3 horas fue superior al 80% en todas las concentraciones evaluadas, indicando que el AV no presentó un efecto citotóxico (grafico no mostrado). A los 15 minutos de estímulo se observó un incremento significativo ($p=0,0227$) en la liberación de Matriz Metaloproteinasa-9 (MMP9) en los neutrófilos tratados con AV (2:100). Este hecho evidencia que el AV puede estar generando un posible efecto “priming” en los neutrófilos, lo que permitiría ejercer una respuesta temprana más adecuada ante enfermedades infecciosas. La liberación de gránulos en los neutrófilos preactivados se da principalmente para los gránulos terciarios y cuaternarios, permitiendo que las sustancias más citotóxicas encontradas en los gránulos primarios y secundarios permanezcan a nivel intracelular [3].

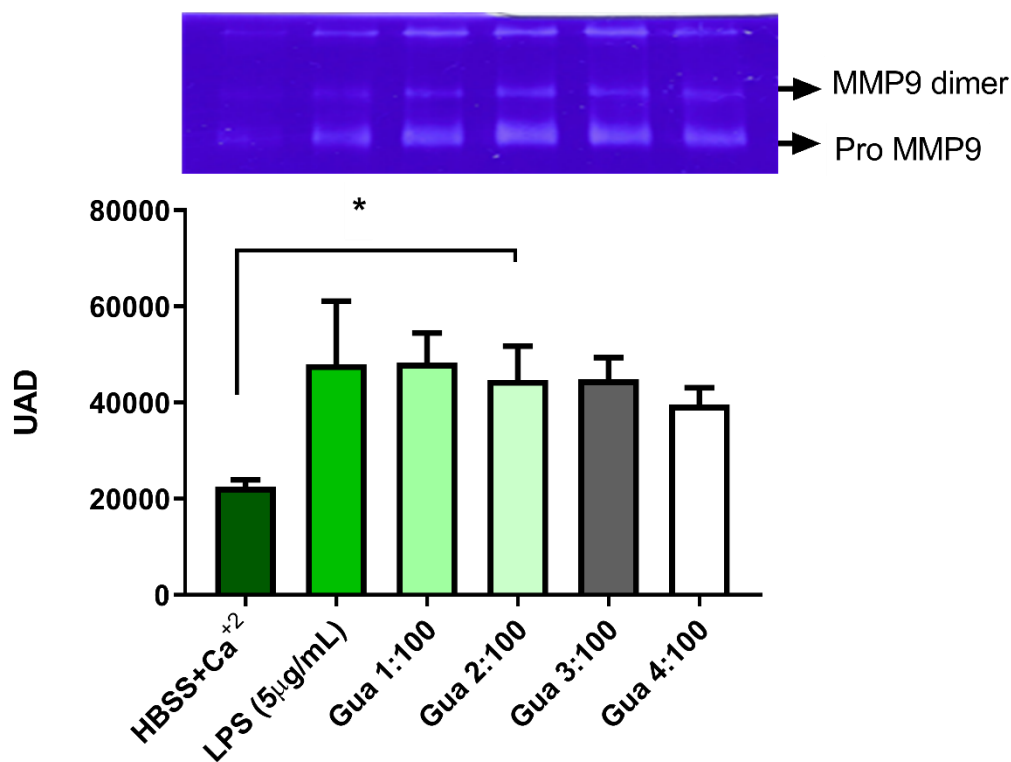


Figura 1.

Conclusión

El incremento en la liberación de MMP9 inducido por el AV de semillas de *Annona muricata* podría estar indicando un efecto priming sobre neutrófilo, de allí la necesidad de realizar más estudios que permitan comprender su potencial terapéutico en el manejo de enfermedades con inflamación crónica.

Financiación y Agradecimientos

Este proyecto fue financiado por el Sistema de Investigaciones de la Universidad de Nariño.

Referencias

- [1] Quílez AM, Fernández-Arche MA, García-Giménez MD, De la Puerta R. (2018). Potential therapeutic applications of the genus *Annona*: Local and traditional uses and pharmacology. *J Ethnopharmacol.* 225:244–70.
- [2] Mena SJ, Manosalva C, Carretta MD, Teuber S, Olmo I, Burgos RA, Hidalgo MA. (2016). Differential free fatty acid receptor-1 (FFAR1/GPR40) signalling is associated with gene expression or gelatinase granule release in bovine neutrophils. *Innate Immun.* 22(6):479-89.
- [3] Miralda I, Uriarte SM, McLeish KR. (2017). Multiple phenotypic changes define neutrophil priming. *Front Cell Infect Microbiol.* 7(MAY):1–13.

ANÁLISIS DEL MIMETISMO MOLECULAR ENTRE AUTOANTÍGENOS IMPLICADOS EN LA NEFROPATÍA MEMBRANOSA Y ANTÍGENOS BACTERIANOS

Jhonnier Villero¹, Juan Farak¹, Maryurin Perez¹, Josselyn Rojas¹, Andres Sanchez²,
Marlon Múnera²

¹Corporación Universitaria Rafael Nuñez

²GINUMED - Corporación Universitaria Rafael Nuñez. Correo electrónico:
marlon.munera@curnvirtual.edu.co

Resumen

En la nefropatía membrana (NM) se reconocen antígenos propios del riñón por autoanticuerpos. Se desconoce su origen. Las infecciones están implicadas en la inducción de autoinmunidad. En este trabajo se explora el mimetismo molecular entre antígenos humanos y bacterianos implicados en la NM.

Palabras Clave: Autoinmunidad, mimetismo molecular, antígeno, bioinformática, patógenos, epítopo.

Abstract

In membrane nephropathy (NM), kidney-own antigens are recognized by autoantibodies. Its origin is unknown. Infections are involved in the induction of autoimmunity. In this work, the molecular mimicry between human and bacterial antigens involved in NM is explored.

Keywords: Autoimmunity, molecular mimicry, antigen, bioinformatic, pathogens, epitope.

Introducción

La nefropatía membranosa está asociada a síndrome nefrótico. Se presenta con proteinuria masiva (> 3,5 g / día), edema periférico, hipertensión, orina espumosa y manifestaciones de fenómenos tromboembólicos. Presenta un componente autoinmune contra al autoantígeno PLA2R, THSD7A y otros autoantígenos como COL4A3, ENO1, GAD1, LRP2, PLA2G1B, SNRPN. El origen de esta autoinmunidad es desconocido, sin embargo, el mimetismo molecular explicaría la generación de autoanticuerpos contra autoantígenos homólogos a antígenos bacterianos. En el presente trabajo se analiza si patógenos bacterianos promueven autoinmunidad por mimetismo molecular. Para ello se utilizó bioinformática en la identificación de potenciales antígenos candidatos.

Materiales y Métodos

Análisis de autoantígenos se recuperaron secuencias de aminoácidos de antígenos pertenecientes a la nefropatía membranosa de la base de datos AAgAtlas. En total, se recuperaron 8 antígenos para su análisis. Se usó la secuencia de aminoácidos de cada antígeno como entrada en PSI-Blast para encontrar antígenos similares con bacterias. La búsqueda se basó en las bacterias más frecuentes en la nefropatía membranosa y algunas bacterias que se asociaban con la nefropatía membranosa. Se seleccionaron solo los antígenos con similitudes mayores o iguales al 30% para su posterior análisis. Modelado basado en homología las estructuras 3D de todos los autoantígenos se obtuvieron por modelamiento o fueron extraídos del Protein Data Bank. Todos los modelos fueron visualizados con Pymol 2.3 Predicción del epítipo la predicción del epítipo de células B se realizó con el servidor Ellipro. Se establecieron los parámetros de predicción.

Resultados y Discusión

Se encontró mimetismo molecular entre los autoantígenos COL4A3, ENO1, GAD1, LRP2, PLA2R y antígenos de las bacterias patógenas: *Acinetobacter baumannii*, *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Treponema sp*, *Mycobacterium tuberculosis* y *Clostridia bacterium*. Se halló identidad hasta del 83% entre los autoantígenos ENO1 y sus homólogos en las especies bacterianas citadas anteriormente. El mapeo de epitopes identificó diferentes regiones antigénicas que explicarían la reactividad cruzada entre los autoantígenos implicados en la nefropatía membranosa y patógenos. El mimetismo molecular se ha identificado entre antígenos, por ejemplo, de *Campylobacter jejuni* y antígenos involucrados en el desarrollo de Guillain-Barré. Recientemente, hemos reportado usando una metodología similar a la expuesta en este trabajo el mimetismo molecular entre antígenos de *Leishmania sp* y autoantígenos implicados en el lupus eritematoso sistémico. Lo que explicaría los casos de pacientes que han desarrollado autoinmunidad luego de padecer la infección. Las herramientas bioinformáticas proveen las primeras pistas que explican fenómenos de autoinmunidad, aquí Ellipro permitió la identificación de epitopes lineales involucrados en la reactividad cruzada. Algunos antígenos compartían un solo epitope, sin embargo, esto es suficiente para iniciar un fenómeno de autoinmunidad inducido por infecciones, ya que respuestas como el epitope spreading potenciarán la respuesta autoinmune.

Conclusión

El análisis bioinformático permite proponer que la autoinmunidad en nefropatía membranosa podría ser inducida o favorecida por la exposición a patógenos que contienen antígenos con homología con antígenos implicados en el desarrollo de la enfermedad.

Financiación y Agradecimientos

Corporación Universitaria Rafael Nuñez.

Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas

ISSN 2665-265X

No. 03

Noviembre 07 de 2020

Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

235

Referencias

1. Fogo AB, Lusco MA, Najafian B, Alpers CE. Atlas AJKD de Patología Renal: Nefropatía Membranosa. Am J Kidney Dis 2015; 66: e15.
2. Stanescu HC, Arcos-Burgos M, Medlar A y cols. Risk HLA-DQA1 and PLA(2)R1 alleles in idiopathic membranous nephropathy. N Engl J Med 2011; 364:616-626
3. Rojas M, Restrepo-Jimenez P, Monsalve DM, Pacheco Y, Acosta-Ampudia Y, Ramírez-Santana C, et al. El mimetismo molecular y la autoinmunidad. J Autoimmun. 2018; 95: 100-23.

ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE ACEITES DE SEMILLAS DE SOLANÁCEAS

Alexandra España Jojoa, Jaqueline Mena Huertas, Andrés Mauricio Hurtado Benavides

Grupo de Investigación Salud Pública, Departamento de Biología, Facultad Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Nariño, Pasto, Nariño.

Grupo de Investigación Tecnologías Emergentes en Agroindustria, Facultad de Ingeniería Agroindustrial, Universidad de Nariño, Pasto, Nariño. Correo electrónico: alex7452009@hotmail.co

Resumen

Las Solanaceas son plantas con demostradas propiedades alimenticias y farmacéuticas. Este estudio evaluó la actividad antibacteriana del aceite de semillas de *Solanum betaceum* y *S. quitoense* frente a *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* y *Enterococcus faecalis*. Evidenciándose actividad bactericida en todas, menos en *E. coli*.

Palabras Clave: Solanaceas, Aceites de semilla, Actividad antibacteriana.

Abstract

Solanaceae are plants with nutritional and pharmaceutical proven properties. This study evaluated the *Solanum betaceum* and *S. quitoense* seed oil antibacterial activity against the *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* and *Enterococcus faecalis*. Bactericidal activity was evidenced in all of them except in the *E. coli*.

Keywords: Solanaceas, Seed oil, Antibacterial activity.

Introducción

Nariño tiene una amplia biodiversidad, dentro de esta se encuentra una gran variedad de frutas, las cuales posterior a su consumo generan gran cantidad de desechos como las semillas que pueden contener elementos de interés farmacéutico, por ello el grupo de Tecnologías Emergentes en Agroindustria, extrajo los aceites de las semillas de *Solanum quitoense* y *Solanum betaceum*. La resistencia bacteriana a antibióticos, ha llevado a explorar productos derivados de plantas para su control. Ante esta situación, buscamos determinar el potencial antibacteriano de estos AV frente a cepas ATCC: *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus* y *Enterococcus faecalis*. [1].

Materiales y Métodos

Aceite: 500g de semillas se recolectaron, lavaron, secaron y molieron, para realizar extracción por Fluidos Supercríticos y CO₂. Actividad antibacteriana: se evaluó con

tres volúmenes de AV: 20, 30 y 40µL, mediante difusión en agar con sensidiscos, contra *Staphylococcus aureus* (ATCC 25923), *Escherichia coli* (ATCC 25922), *Klebsiella pneumoniae* (ATCC 13883), *Pseudomonas aeruginosa* (ATCC 27853) y *Enterococcus faecalis* (ATCC 29212). Control negativo se utilizó Tween 20 y positivo sensidiscos comerciales de gentamicina, oxacilina o Ceftazidime. Se determinó la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI), aplicando la técnica de microdilución en caldo en placa de microElisa, en concentraciones de 90, 75, 50 y 25µL/mL. La lectura se realizó adicionando 10µL de MTT. Se realizó control de inóculo, de medio de cultivo (negativo), control con gentamicina (positivo) y del AV. Los ensayos se realizaron por triplicado, se determinó diferencias significativas mediante ANOVA, posterior prueba de Dunnet, $\alpha < 0,05$ [2].

Resultados y Discusión

No se observó diferencias estadísticas significativas entre los halos obtenidos con los diferentes volúmenes evaluados oscilando entre 6,5 y 8 mm de diámetro. Al determinar CMI el AV de *S. betaceum* inhibió a *K. pneumoniae* (CMI: 90µL/mL); ambos aceites inhibieron: *P. aeruginosa*: *S. betaceum* (90µL/mL) y *S. quitoense* (75µL/mL); *S. aureus*: *S. betaceum* (90µL/mL) y *S. quitoense* (75µL/mL) y *E. faecalis*: *S. betaceum* y *S. quitoense* (90 µL/mL). *E. coli* no presentó inhibición de crecimiento (Tabla1). Se ha demostrado similar actividad antibacteriana con extractos del tallo *S. mauritanum*. La actividad bactericida puede estar atribuida al contenido de ácido Linoleico (*S. quitoense*: 62,95%, *S. betaceum*: 58,72%). También se ha evidenciado que los ácidos Palmítico y Esteárico son los responsables de la actividad antibacteriana frente a *P. aeruginosa* y *S. aureus*, respaldando los hallazgos obtenidos sobre actividad bactericida. Estos resultados evidencian la posibilidad de utilizar estos AV en la industria alimenticia y/o farmacéutica para prevenir el crecimiento de agentes bacterianos en productos de consumo [3].

Tabla 1. CMI determinada con ensayo MTT. Se utilizó como control Positivo Gentamicina en una concentración de 1mg/mL

Cepa Bacteriana	CMI µL/mL	
	<i>S. betaceum</i>	<i>S. quitoense</i>
<i>P. aeruginosa</i>	90	75
<i>K. pneumoniae</i>	90	NI*
<i>E. faecalis</i>	90	90
<i>S. aureus</i>	90	75
<i>E. coli</i>	NI*	NI*

• *NI: No se presentó efecto Inhibitorio

Conclusión

Diferentes concentraciones de aceites de semilla de *S. betaceum* y *S. quitoense* presentaron actividad bactericida sobre *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *S. aureus* y *E. faecalis*. No se observó ningún tipo de inhibición en *E.coli*.

Financiación y Agradecimientos

Financiado por la Vicerrectoría de Investigaciones, Postgrados y Relaciones Internacionales – VIPRI, Acuerdo No. 122 de septiembre 25 de 2018, código 1617, Acta No. 030 (convocatoria docente 2018).

Referencias

[1] Cerón, L. J., Hurtado, A. M., Ayala, A. A. (2016). Efecto de la presión y la temperatura de extracción con CO₂ supercrítico sobre el rendimiento y composición de guayaba (*Psidium guajava*) Rev. Info. Tecno. 27(6):249–258.

[2] Langfield, R. D., Scarano, F. J., Heitzman, M. E., Kondo, M., Hammond, G. B., Neto, C. C. (2004). Use of a modified microplate bioassay method to investigate antibacterial activity in the Peruvian medicinal plant *Peperomia galioides*. Jour. of Ethno. 94(2-3): 279-281.

[3] Ivanova, E.P. (2017). Bactericidal activity of self-assembled palmitic and stearic fatty acid crystals on highly ordered pyrolytic graphite. Act. Biomat. 59:148-157.

EFFECTO DE LA INFECCIÓN CON VIRUS DEL ZIKA EN LA EXPRESIÓN DE LOS MARCADORES DE CÉLULAS GLIALES GFAP Y S-100B EN EL CEREBELO DE RATONES NEONATOS

Laura Milena Pérez^{1,2}, Gerardo Santamaría¹, Jorge Alonso Rivera¹, Julián Steven Beltrán¹, Aura Catherine Rengifo¹, Yenny Yolanda Lozano², Orlando Torres-Fernández¹

¹Grupo de Morfología Celular, Instituto Nacional de Salud. Correo electrónico: otorresf@ins.gov.co

²Programa de Biología, Universidad de La Salle

Resumen

El virus del Zika (ZIKV) afecta especialmente al sistema nervioso en desarrollo. En este trabajo se evaluó el efecto de la infección con ZIKV en la expresión tisular de la proteína ácida fibrilar de la glía (GFAP) y la proteína de unión a calcio S-100 β en cerebelo de ratones neonatos.

Palabras Clave: Virus del Zika, cerebelo, astrocitos.

Abstract

The Zika virus (ZIKV) especially affects the developing nervous system. In this work, the effect of ZIKV infection on tissue expression of glial fibrillar acid protein (GFAP) and calcium-binding protein S-100 β was evaluated in the cerebellum of neonatal mice.

Keywords: Zika virus, cerebellum, astrocytes.

Introducción

La mayoría de los estudios en neurobiología del Zika se han enfocado en la corteza cerebral debido a su relación con la microcefalia. Previamente hemos hallado calcificaciones en el cerebelo infectado similares a las encontradas en la corteza cerebral afectada por microcefalia. Hay evidencia de que el virus podría ingresar al sistema nervioso a través de la astrogliá (1). Por esta razón es importante estudiar el efecto de la infección sobre los astrocitos. Evaluar la reacción glial mediante el uso de los marcadores específicos GFAP y S-100 β (2) permitirá aportar al conocimiento de esta infección en el sistema nervioso.

Materiales y Métodos

Para este estudio se utilizó un modelo murino de animales inmunocompetentes previamente desarrollado por el grupo de investigación. Ratones Balb/C de menos de 24 horas de nacidos se inocularon con virus del Zika (ZIKV) por vía intraperitoneal. A los diez días postinoculación (p.i.), cuando se observaron signos neurológicos avanzados, los animales se anestesiaron y se sacrificaron mediante perfusión

intracardiaca con tampón de fosfatos y luego solución de paraformaldehído al 4%. Se extrajeron los cerebelos y en un vibrátomo se obtuvieron cortes sagitales de 50 μ m de espesor. También se obtuvieron cortes de 3-5 μ m mediante histotecnica convencional por inclusión en parafina. Los cortes se procesaron mediante técnica inmunohistoquímica empleando anticuerpos anti-GFAP (dilución 1:1000) y anti-S100 β (dilución 1:500). Los mismos procedimientos se llevaron a cabo con animales controles (inoculados con solución mock). Las diferencias en inmunorreactividad entre controles e infectados fueron evaluadas estadísticamente mediante conteos celulares y análisis densitométricos.

Resultados y Discusión

En los controles la inmunotinción para GFAP y S-100 β reveló la presencia de glía de Bergmann en la capa molecular del cerebelo. Adicionalmente se observaron células inmunorreactivas a S-100 β en el estrado granular interno. En una vista panorámica de los cortes de cerebelo fue evidente la reducción de tamaño (hipoplasia) en las muestras tomadas de los animales infectados. También se observaron algunas áreas con daño tisular y dilatación de los vasos sanguíneos. La infección generó incremento significativo de la inmunorreactividad a GFAP y S-100 β en la glía de Bergmann y en la capa granular interna (Figura 1), así como en los núcleos profundos. La reacción glial es un evento frecuente en infecciones virales del sistema nervioso (2). La glía de Bergmann en el cerebelo en desarrollo permite la migración celular desde la capa granular externa hacia la capa granular interna. Finalizado este proceso las células de la glía de Bergmann adquieren características fisiológicas de astrocitos maduros, pero conservando su morfología (3). El ZIKV tiene especial tropismo por las células progenitoras del sistema nervioso (1). Durante el neurodesarrollo cerebelar la glía de Bergmann y las células del estrato granular externo se consideran células progenitoras del sistema nervioso (3).

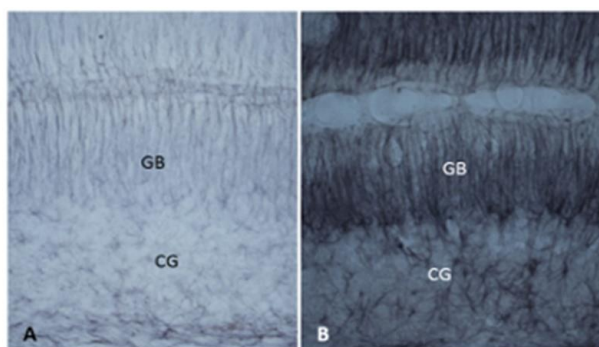


Figura 1. Inmunohistoquímica para GFAP en la corteza cerebelar de ratón control (A) y ratón infectado con virus Zika (B). Es evidente la mayor expresión de la proteína en el animal infectado. Glía de Bergmann (GB), capa granular interna (CG). 40X

Figura 1.

Conclusión

El virus del Zika generó aumento significativo en la inmunorreactividad de los marcadores gliales GFAP y S100 β en el cerebelo de ratones neonatos. La sobreexpresión de estas dos proteínas confirma la vulnerabilidad de las células progenitoras del sistema nervioso a la infección con virus del Zika.

Financiación y Agradecimientos

Proyecto código 210474455818, contrato 672 de 2017 (INS-Colciencias-Salutia).

Referencias

- [1] Van den Pol N, Mao G, Yang Y, Ornaghi S, Davis JN. (2018). Zika virus targeting in the developing brain. *J Neurosci.* 37:2161-2175.

- [2] Sofroniew MV, Vinters HV. (2010). Astrocytes: biology and pathology. *Acta Neuropathol.* 119:7-35.

- [3] Yamada K, Watanabe M. Cytodifferentiation of Bergmann glia and its relationship with Purkinje cells. *Anat. Sci. Int.* 77:94-108.

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO NEUROPSICOLÓGICO Y MARCADORES BIOQUÍMICOS DE ENFERMEDADES CRÓNICAS NO TRANSMISIBLES (ECNT) EN UN GRUPO DE ADULTOS MAYORES DE IZA, BOYACÁ

Cesar Mauricio Baracaldo Barrera¹, Carlos Francisco Rincón Lozada¹, María Camila Cárdenas Camargo¹, Janneth Marcela Camacho Valero¹, Ana Yibby Forero Torres²

¹Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Correo electrónico: cesar.baracaldo@uptc.edu.co

²Instituto Nacional de Salud

Resumen

El envejecimiento, las enfermedades crónicas no transmisibles (ECNT) son factores de riesgo en el deterioro cognitivo en los adultos mayores. Evaluamos la asociación entre el desempeño neuropsicológico y marcadores bioquímicos de ECNT en adultos mayores de Iza (Boyacá). Se evidenció una correlación positiva entre los niveles de glucosa y TAU_p.

Palabras Clave: adultos mayores, deterioro cognitivo, TAU_p.

Abstract

Aging and chronic non-communicable diseases (NCDs) are some of the most important risk factors for cognitive impairment in older adults. The connection between neuropsychological performance and the biochemical markers of NCDs in older adults from Iza (Boyacá) was studied. A positive correlation was found between glucose levels and p-TAU.

Keywords: older adults, cognitive impairment, p-TAU.

Introducción

El índice de envejecimiento se ha triplicado en las últimas décadas y tiende a seguir creciendo, generando un aumento de enfermedades propias de la edad (1). Las ECNT son el resultado de la interacción entre procesos bioquímicos controlados genéticamente y el estilo de vida de la población (nutrición, ejercicio y exposición a sustancias nocivas ambientales, etc.), que incrementan la asistencia a los servicios médicos. El objetivo del estudio fue establecer la asociación entre el desempeño neuropsicológico y los marcadores bioquímicos de ECNT en una muestra de adultos mayores del municipio de Iza (Boyacá).

Materiales y Métodos

Estudio observacional descriptivo de corte transversal. Se incluyeron 102 adultos mayores con una mediana de edad 69 años (48-117). 67,6% fueron mujeres y 32,4%
Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020
Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali **243**

hombres. Se aplicó una ficha sociodemográfica, la prueba neuropsicológica breve (NEUROPSI) y se midieron marcadores bioquímicos asociados con: diabetes tipo 2 DMT2 (glicemia casual), enfermedad cardiovascular (colesterol total, HDL y triglicéridos, homocisteína), inflamación (leptina y proteína C reactiva ultrasensible (PCRhs) y deterioro cognitivo (proteína TAU total (TAU), proteína TAU fosforilada (TAUp) y amiloide beta ($A\beta$)). Se establecieron asociaciones entre el desempeño neuropsicológico y dichos marcadores. Se calcularon frecuencias absolutas y porcentajes. Para los análisis de asociación se hizo prueba de ANOVA y correlación de Pearson, acorde con la distribución de los datos.

Resultados y Discusión

El 24,5% de los adultos mayores tenían elevadas concentraciones de TAUp (TAUp). El análisis de varianzas entre las variables bioquímicas y los niveles de desempeño neuropsicológico mostró diferencias significativas con las TAUp ($p=0,046$). No hubo asociaciones entre el desempeño neuropsicológico y los demás marcadores bioquímicos evaluados ($p>0,05$). Cabe mencionar, que las concentraciones de Colesterol ($r = 0,264, p<0,01$), TAU ($r = 0,254, p<0,05$), TAUp ($r = 0,330, p<0,01$) y PCRhs ($r = 0,350, p<0,01$) tuvieron una correlación positiva débil con los niveles de glicemia y de manera negativa con los niveles de Leptina ($r = - 0,229, p<0,05$) (2). Los elevados niveles de glicemia al correlacionarse con las elevadas TAUp, podrían incidir en el deterioro cognitivo, toda vez que la formación de placas neurofibrilares de TAUp es una de las características asociadas con esta afección (3).

Conclusión

La correlación positiva entre los niveles de glucosa y TAUp podrían indicar un efecto negativo sobre la neuroplasticidad y la función cerebral. Es necesario hacer estudios con una muestra mayor, que permitan esclarecer la asociación entre estos marcadores; la diabetes y el daño neurofisiológico en la enfermedad de Alzheimer`s.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia por la financiación del proyecto.

Referencias

1. O'Bryant, S. E., Xiao, G., Barber, R., Reisch, J., Hall, J., Cullum, C. M., Doody, R., Fairchild, T., Adams, P., Wilhelmsen, K., & Diaz-Arrastia, R. (2011). A blood-based algorithm for the detection of Alzheimer's disease. *Dementia and Geriatric Cognitive Disorders*, 32(1), 55–62. <https://doi.org/10.1159/000330750>.
2. Lansbury, P. T., & Lashuel, H. A. (2006). A century-old debate on protein aggregation and neurodegeneration enters the clinic. *Nature*, 443(7113), 774–779. <https://doi.org/10.1038/nature05290>

3. Koekkoek PS, Kappelle LJ, van den Berg E, Rutten GE, Biessels GJ. Cognitive function in patients with diabetes mellitus: Guidance for daily care. *Lancet Neurol.* 2015;14:329---40.

ANÁLISIS CLÍNICO, MOLECULAR Y BIOINFORMÁTICO DE UN PACIENTE PEDIÁTRICO CON ENFERMEDAD DE CORI- FORBES EN EL SUROCCIDENTE COLOMBIANO

José Luis Estela-Zape¹, Lina Johanna Moreno-Giraldo², Daniela Arturo-Terranova³,
José María Satizábal-Soto³

¹Posgrado en Ciencias Biomedicas- Universidad del valle. Correo electrónico: jose.estela@correounivalle.edu.co

²Universidad del valle, Universidad Santiago de Cali, Posgrado en Ciencias Biomedicas- Universidad del Valle, Grupo de investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo.

³Posgrado en Ciencias Biomedicas- Universidad del Valle, Grupo de investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo.

Resumen

La enfermedad de Cori-Forbes o GSDIII es un trastorno en la glucogenólisis causado mutaciones del gen AGL. Se describe el caso de un paciente con diagnóstico clínico y molecular de GSDIII, donde se reportaron tres variantes patogénicas, dos nuevos reportes a la literatura, permitiendo un diagnóstico tratamiento y pronóstico oportuno. **Palabras Clave:** Enfermedad del almacenamiento de glucógeno de tipo III; Biología Computacional; sistema de la enzima desramificadora del glucógeno; glucogenólisis; variantes. (DeCS).

Abstract

Cori-Forbes disease or GSDIII is a disorder in glycogenolysis caused by mutations in the AGL gene. The case of a patient with a clinical and molecular diagnosis of GSDIII is described, where three pathogenic variants were reported, two new reports to the literature, allowing a timely diagnosis, treatment and prognosis.

Keywords: Type III glycogen storage disease; Computational Biology; glycogen debranching enzyme system; glycogenolysis; variants. (DeCS).

Introducción

La enfermedad por almacenamiento del glucógeno tipo III (GSDIII), conocida como enfermedad de Cori-Forbes, es un trastorno del proceso de glucogenólisis debido a mutación del gen AGL, ubicado en el cromosoma 1p21.2, el cual consta de 35 exones que incluyen una secuencia genómica que codifica la enzima desramificante del glucógeno. Su alteración genera degradación reducida del glucógeno y acumulación de dextrina límite en órganos blanco con respectiva disfunción y organomegalia. Las principales manifestaciones clínicas son hepatomegalia, miopatías, hipoglicemia y

epilepsia. El objetivo es describir un paciente lactante mayor del suroccidente colombiano con diagnóstico clínico, bioquímico y molecular de GSDIII.

Materiales y Métodos

Paciente lactante mayor nacido a las 27 semanas por ruptura prematura de membranas, sin historia familiar de enfermedades metabólicas o genéticas, con antecedente de displasia broncopulmonar, infección respiratoria aguda, reflujo gastroesofágico, hepatomegalia e intolerancia a la lactosa; A los 9 meses presentó síndrome convulsivo de difícil manejo. Estudios de electroencefalograma con actividad epileptiforme frontocentral derecha, radiografía de tórax con atrapamiento aéreo e infiltrados alveolares, ecografía de hígado y vías biliares que mostraron hepatomegalia, ecocardiograma que refiere miocardiopatía y pruebas de función muscular alteradas. Dada la complejidad del caso clínico, se realizó un estudio molecular por secuenciación del exoma completo. Las variantes encontradas fueron analizadas por softwares bioinformático como Mutation Taster PROVEAN, UMD-Predictor, POLYPHEN y Human Splicing Finder, los cuales sirvieron como herramientas in silico de predicción clínica. Finalmente se realizó una red de interacción génica por medio del programa GeneMania para determinar asociaciones cercanas con otros genes.

Resultados y Discusión

Se identificaron 3 variantes heterocigotas en el gen AGL, dos reportes nuevos para la literatura (Tabla1) El análisis bioinformático por tecnología in-silico reportó la significancia clínica patogénica; la red de interacción génica permitió observar asociaciones cercanas entre el gen AGL y los genes FOXA2, PPP1R3B, NHLRC1 y GCK; todos con funciones relacionadas con procesos metabólicos asociados a carbohidratos, relacionados con metabolismo del glucógeno, procesos asociados con polisacáridos y reserva de energía(1) . Generalmente, la GSDIII se presenta durante la infancia con progresión a la adolescencia; en los niños, predomina la hepatomegalia, retraso en el crecimiento, las crisis hipoglucémicas, convulsiones e hiperlipidemia (2,3). En Colombia, la información sobre pacientes afectados con GSDIII es limitada, y no hay no hay datos estadísticos consolidados y exactos de incidencia, prevalencia, carga poblacional, mortalidad atribuida a esta patología, sólo datos aislados de reportes de pacientes - descripción de series de casos sectorizadas que presentan variantes del gen AGL asociadas a la enfermedad. Actualmente no está incluida en el listado de enfermedades huérfanas raras, lo que constituye en un reto médico, la identificación temprana, y tratamiento oportuno junto con la notificación de casos confirmados al sistema de vigilancia en salud pública de Colombia - SIVIGILA.

Conclusión

Aunque al momento no se ha dilucidado una clara correlación genotipo- fenotipo para la GSD III, una sospecha clínica inicial, a través de una buena historia clínica y la pertinencia de estudios bioquímicos-metabólicos-genómicos dirigidos, para descartar

algún tipo de enfermedad asociada al almacenamiento de glucógeno permitirá un diagnóstico oportuno.

Financiación y Agradecimientos

Este estudio fue financiado por recursos propios.

Referencias

1. Kanungo S, Wells K, Tribett T, El-Gharbawy A. Glycogen metabolism and glycogen storage disorders. *Ann Transl Med.* 2018 Dec; 6 (24): 474. doi: 10.21037/atm.2018.10.59. PMID: 30740405; PMCID: PMC6331362.
2. Richards S, Aziz N, Bale S, et al. Standards and guidelines for the interpretation of sequence variants: a joint consensus recommendation of the American College of Medical Genetics and Genomics and the Association for Molecular Pathology. *Genet Med.* 2015;17(5):405-424. doi:10.1038/gim.2015.30
3. Lucchiari S, Donati MA, Melis D, Filocamo M, Parini R, Bresolin N, et al. Mutational analysis of the AGL gene: Five novel mutations in GSD III patients. *Hum Mutat.* 2003;22:337. <https://doi.org/10.1002/humu.9177>.

PRODUCCIÓN DE CELULOSA MICROBIANA A BAJO COSTO EN LA FABRICACIÓN DE APÓSITOS ANTIMICROBIANOS

Naomi Victoria Lopez Riascos, Edna Camila Arias Maldonado

Universidad Autónoma de Occidente. Correo electrónico: naomi.lopez@uao.edu.co

Resumen

La Kombucha representa una oportunidad para el ambiente clínico en cuanto al manejo de heridas, debido a que sus propiedades fisicoquímicas, podría enfocarse para un potencial uso en el desarrollo de apósitos antimicrobianos para la cicatrización de heridas, este trabajo está enfocado a reportar las propiedades antimicrobianas.

Palabras Clave: Kombucha, estudios antimicrobianos, cicatrización, heridas.

Abstract

Kombucha represents an opportunity for the clinical environment in terms of wound management, because its physicochemical properties could be targeted for potential use in the development of antimicrobial dressings for wound healing, this work is focused on reporting the antimicrobial properties.

Keywords: Kombucha, antimicrobial studies, healing, wounds.

Introducción

El proceso de cicatrización requiere de largos estadios para llevarse a cabo, por eso es un desafío para la curación de avanzada de heridas. Los apósitos antimicrobianos utilizados actualmente dentro del ambiente hospitalario para las heridas corresponden a los apósitos pasivos, que requieren una mayor inversión por parte del proveedor de salud y del paciente por el tiempo por el que se lleven a cabo las curaciones; actualmente el uso de apósitos activos no son una opción muy frecuente en el tratamiento de heridas por sus altos costos para su implementación.

Materiales y Métodos

Este proyecto consta de 4 fases de ejecución: 1. Producción de celulosa microbiana: Se utilizará el hongo del té de Kombucha para la síntesis de celulosa microbiana para ello se realizará un cultivo estático de té y sacarosa en condiciones de temperatura de (20-50) °C dentro de recipientes cónicos se dejará que la solución se fermente durante 14 días, posteriormente se realizará la fermentación oxigénica en el medio Hestrin-Schramm. 2. Extracción de polifenoles: se utilizará un extractor Soxhlet usando etanol, extracción continua por 4 veces, será sometida a evaporación, mediante un evaporador rotatorio para ser secado en frío, se depositará y almacenará en un recipiente hasta su uso. 3. Ensayos antimicrobianos: Se utilizará la técnica de difusión de disco de agar

sobre la cepa bacteriana de Escherichia Coli. 4. Caracterización de apósitos antimicrobianos: Se realizará para conocer las propiedades fisicoquímicas y espectroscópicas de la celulosa microbiana obtenida.

Resultados y Discusión

Se espera realizar los ensayos de actividad antimicrobiana en los apósitos una vez impregnada a la matriz los polifenoles provenientes del extracto de café a diferentes concentraciones. Se realizará una caracterización fisicoquímica y espectroscópica de técnica de FTIR y TGA para estudiar las propiedades de la celulosa microbiana obtenida a partir del hongo del te de Kombucha.

Conclusión

Finalmente, se espera que el uso del extracto de café sea el camino al uso de nuevas fuentes de carbono alternativas para el desarrollo de tecnología en salud y de dispositivos médicos que no se encuentran asequibles para toda la población existente en una institución hospitalaria.

Financiación y Agradecimientos

La financiación será por parte de la Universidad Autónoma de Occidente quien prestará la infraestructura y los equipos a utilizar, y una financiación propia por parte de los tesisistas. Agradecemos de manera efusiva a nuestras familias, directora de trabajo de grado Ingrith Carolina Flores García y Co-directora Clara Eugenia Goyes López.

Referencias

Andrades, D. P., Sepúlveda, S., & González, Y. E. U. J. (2004). Curación avanzada de heridas DOCUMENTOS INTRODUCCIÓN. In Rev. Chilena de Cirugía (Vol. 56).

El-Wakil, N. A., Hassan, E. A., Hassan, M. L., & Abd El-Salam, S. S. (2019). Bacterial cellulose/phytochemical's extracts biocomposites for potential active wound dressings. Environmental Science and Pollution Research, 26(26), 26529–26541. <https://doi.org/10.1007/s11356-019-05776-w>

Flores Montes, I. (2006). Manejo avanzado de heridas. Revista Mexicana de Enfermería Cardiológica, 14(Núm 1), 24–28. <https://www.medigraphic.com/pdfs/enfe/en-2006/en061e.pdf>

CONCENTRACIÓN DE AMINOÁCIDOS EN POBLACIÓN INFANTIL CON DESNUTRICIÓN: IMPACTO CLÍNICO EN EL DESARROLLO E IMPORTANCIA DIAGNÓSTICA

Stephany Ramirez, Lina Johanna Moreno, José María Satizábal

Universidad del Valle. Correo electrónico: stephany.ramirez@correounivalle.edu.co

Resumen

Se realizó una revisión de bases de datos académicas con el fin de presentar una actualización sobre el impacto de las bajas concentraciones de aminoácidos en plasma en población infantil con desnutrición, destacando la importancia de su detección, estimación y establecimiento del perfil de aminoácidos óptimos propios para población colombiana.

Palabras Clave: Base de datos, Trastornos de la nutrición infantil, Valores de referencia. (DeCS).

Abstract

An academic database review was carried out in order to present an update on the impact of low plasma amino acids concentrations in malnourished children, highlighting the importance of detection, estimation and establishment of an optimal amino acids profile for the Colombian population.

Keywords: Child Nutrition Disorders, Database Bibliographic, Reference values. (MeSH).

Introducción

La desnutrición es una enfermedad multifactorial, influenciada por determinantes biológicos, socioeconómicos, ambientales, genéticos y metabólicos. Afecta principalmente a niños(as) y está caracterizada por un deterioro de la composición corporal y alteración de las funciones orgánicas y psicosociales. La inclusión del parámetro Hambre Cero como objetivo de las metas de desarrollo sostenible de las Naciones Unidas refleja la importancia de la nutrición para el desarrollo de la sociedad y resalta la malnutrición como un problema de salud pública mundial. La desnutrición infantil es una problemática latente en América Latina y en países como Colombia.

Materiales y Métodos

Se realizó una revisión de documentos de entidades científicas dedicadas a la investigación de la desnutrición infantil a partir de diferentes bases de datos académicas como PubMed, Google Académico, Scielo, ScienceDirect y Scopus con el objetivo de actualizar el conocimiento sobre el impacto de la baja concentración de

aminoácidos en el desarrollo de la población infantil, destacando la importancia en la detección temprana, estimación, establecimiento del perfil de aminoácidos óptimos y la importancia de la implementación de intervenciones para el mayor crecimiento y eficiencia alimentaria en nuestra población a riesgo.

Resultados y Discusión

Se encontró que el retraso del crecimiento infantil está asociado a la baja concentración de circulación de aminoácidos esenciales. Los niños con retraso del crecimiento presentan bajas concentraciones en nueve aminoácidos esenciales, tres condicionalmente esenciales y tres no esenciales. Debido a baja disponibilidad del complejo de rapamicinaC1(mTORC1) que controla el crecimiento humano, reprime la síntesis de proteínas y lípidos, limitando el crecimiento celular. Bajas concentraciones de aminoácidos en suero reprimen síntesis de proteínas, lípidos y retrasan el crecimiento [1]. Las proteínas de alta calidad son efectivas para un adecuado crecimiento, pero las intervenciones nutricionales han demostrado tener impacto modesto del retraso del crecimiento. Sólo el 20% han mostrado reducción en este retraso. Una insuficiencia en aminoácidos explicaría por qué los micronutrientes y lípidos de suplementos han tenido poco efecto [1]. Generalmente, mediciones antropométricas, índices de albúmina y proteína en plasma se utilizan para la evaluación del estado nutricional, pero los aminoácidos en plasma esporádicamente son cuantificados [2]. Se ha recomendado investigación adicional buscando incluir evaluación de aminoácidos (la síntesis de proteínas es afectada en esos casos) [3] y establecer valores de referencia para Colombia dada la variabilidad de carga genética, costumbres alimenticias y factores ambientales relacionados a poblaciones con las que son contruidos.

Conclusión

Se destaca la importancia de detectar y establecer valores de referencia de aminoácidos propios para la población colombiana pues este conocimiento permite priorizar acciones de salud pública, concientizando sobre la importancia de su adecuado balance en la nutrición infantil, sus efectos y consecuencias.

Financiación y Agradecimientos

N/A

Referencias

[1] Semba RD, Shardell M, Sakr Ashour FA, Moaddel R, Trehan I, Maleta KM, et al. (2016). Child Stunting is Associated with Low Circulating Essential Amino Acids. EBioMedicine. 6:246–52.

[2] Luu Thi My Thuc, Nguyen Thi Hang. (2019). Description of Plasma Concentrations of Free Amino Acids with Some Clinical Symptoms of Patients Under 5 with Short Bowel Syndrome. *Curr Tr Gatsr & Hepatol* 2(1). DOI: 10.32474/CTGH.2019.02.000127.

[3] Lanyero, B. (2019). Gut Function in Children Hospitalized with Severe Acute Malnutrition. Department of Nutrition, Exercise and Sports, Faculty of Science, University of Copenhagen.

ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA IN VITRO DE PÉPTIDOS CATIÓNICOS Ib-M CONTRA *Escherichia coli*

Ana Elvira Farfán García¹, Indira Paola Hernández Peñaranda¹, Oscar Gilberto Gómez Duarte², José Luis Roperó Vega¹, Ana Mercedes Perullini³, Eliana Durley Restrepo Pineda⁴, Johanna Marcela Flórez Castillo¹

¹Universidad de Santander. Correo electrónico: afarfan@udes.edu.co

²University at Buffalo

³Universidad de Buenos Aires

⁴Universidad de Antioquia

Resumen

Los péptidos antimicrobianos son una buena alternativa para el tratamiento de infecciones por bacterias multiresistentes. Péptidos Ib-M análogos de Ib-AMP4 mostraron actividad antibacteriana y bactericida contra *E. coli* ATCC 25922 a nivel micromolar, determinados mediante la concentración mínima inhibitoria y la concentración mínima bactericida.

Palabras Clave: Péptidos antimicrobianos, *Escherichia coli*, actividad antibacteriana.

Abstract

Antimicrobial peptides are a good alternative for the treatment of multi-resistant bacterial infections. Ib-M peptides analogous to Ib-AMP4 showed antibacterial and bactericidal activity against *E. coli* ATCC 25922 at the micromolar level, determined by the minimum inhibitory concentration and the minimum bactericidal concentration.

Keywords: Antimicrobial peptides, *Escherichia coli*, antibacterial activity.

Introducción

Los péptidos antimicrobianos (AMPs por sus siglas en inglés) son producidos en los organismos y exhiben un amplio espectro de actividad biológica, siendo una buena opción terapéutica contra bacterias multidrogoresistentes. Debido a la selectividad de los AMPs por las bacterias, sin generar daño a las células del hospedero, desde hace tres décadas ha habido un creciente interés en el estudio de estas biomoléculas. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la actividad antibacteriana de péptidos análogos Ib-M obtenidos a partir de Ib-AMP4 (nativos de la planta *Impatiens balsamina*) contra *E. coli* ATCC 25922.

Materiales y Métodos

Actividad antibacteriana de los péptidos Ib-M mediante Concentración Mínima Inhibitoria (MIC) y concentración mínima bactericida (MBC) contra *E. coli* ATCC®

25922™ fue determinada. Para la MIC, en microplacas de 96 pozos fueron realizadas diluciones seriadas de Ib-M 1, 2 y 6 en caldo Müller-Hinton desde 100 µM hasta 0,048 µM y variables de 0,5 µM. 100 ul de E. coli (5x10⁵UFC/mL/pozo) fueron inoculados y las placas se incubaron a 35±2°C por 24 horas. Para la MBC, se realizaron subcultivos en agar sangre a partir de los pozos sin crecimiento visible. Se realizaron ensayos por triplicado y en tres experimentos independientes.

Resultados y Discusión

La MIC obtenida a partir de diluciones al doble de Ib-M contra E. coli en µM±D.E fueron de 3,1±0, 12,5±0 y 16,7±5,9 para Ib-M2, Ib-M1 e Ib-M6, siendo mejor Ib-M2 con respecto a estreptomicina (6,3±0). La MBC fue de 7,6±2,7, 23,6±4,1 y 26,3±9,7 para Ib-M2, Ib-M6 e Ib-M1, con un valor para estreptomicina de 7,8±2,8 µM±D.E. En las curvas de latencia (lag) de E. coli, los péptidos Ib-M y estreptomicina mostraron inhibición del crecimiento mayor a 20 horas pos-exposición en MICx8, MICx4, MICx2 y MICx1. Sin embargo, en MICx0,5 se observó que los péptidos Ib-M y el antibiótico mantenían la inhibición del crecimiento entre 8,7 y 17,3 horas, aunque menor para MICx0,25 (2 y 12 horas). En los rangos menores de MIC, se obtuvieron valores para los péptidos entre 3,0 y 5,4 µM con valores de MBC similares a los de la MIC. Los péptidos Ib-M mostraron un efecto bactericida, que la MBC no superó en más de 2 veces la MIC.

Conclusión

Los péptidos Ib-M presentaron actividad inhibitoria y bactericida contra E. coli ATCC 25922, siendo Ib-M2 el péptido con mejor efecto inhibitorio. Estudios adicionales son necesarios para determinar los mecanismos de acción de estos péptidos, que demuestran ser promisorios contra E. coli.

Financiación y Agradecimientos

Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación -MinCiencias-. Programa Nacional de Ciencia Tecnología e Innovación en Salud. Proyecto código 129980763392 CT-760-2018. Convocatoria 807 de 2018.

Referencias

Flórez-Castillo JM, et al. Enhancing Antibacterial Activity Against Escherichia coli K-12 of Peptide Ib-AMP4 with Synthetic Analogues. International Journal of Peptide Research and Therapeutics. 2014;20(3):365–369.

Taylor RH, Acland DP, Attenborough S, Cammue BP, Evans IJ, Osborn RW, et al. A novel family of small cysteine-rich antimicrobial peptides from seed of *Impatiens balsamina* is derived from a single precursor protein. J Biol Chem. 1997;272(39):244807

Fan X, et al. Ib-AMP4 insertion causes surface rearrangement in the phospholipid bilayer of biomembranes: Implications from quartz-crystal microbalance with dissipation. *Biochim Biophys Acta*. 2018;1860(2):617-623.

OFERTA DE MEDICINA ALTERNATIVA EN DEPARTAMENTO DEL QUINDÍO

Olga Alicia Nieto¹, Jhon Carlos Castaño²

¹Universidad del Quindío, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Grupo de Investigación en Salud Pública. Armenia, Colombia.

²Universidad del Quindío, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Grupo de Investigación en Inmunología Molecular, Gymol. Armenia, Colombia

*e-mail: [oanieto@uniquindio.edu.co](mailto: oanieto@uniquindio.edu.co)

Resumen

Se identificaron 22 oferentes de Medicina Alternativa en el Quindío, 100% ofrece servicios de Homeopatía, 86% Neuralterapia, 72% Medicina Tradicional China, 45% Naturopatía, 9% terapia alternativa bioenergética y 4% naturoterapia

El número de prestadores de servicios de medicina alternativa en el Quindío no ha aumentado en los últimos 10 años.

Palabras clave: Accesibilidad a los servicios de salud, barreras de acceso a los servicios de salud, Medicina Alternativa.

Abstract

22 Alternative Medicine providers were identified in Quindío, 100% offer Homeopathy services, 86% Neural therapy, 72% Traditional Chinese Medicine, 45% Naturopathy, 9% bioenergetic alternative therapy and 4% naturopathy.

The number of alternative medicine service providers in Quindío has not increased in the last 10 years.

Keywords: Accessibility to health services, barriers to access to health services, Alternative Medicine.

Introducción

Los médicos que ofrecen servicios de salud en Colombia, tienen la obligación de registrarse en el Registro especial de prestadores (REPS).

La estrategia de la Organización Mundial de la Salud (OMS), los lineamientos del Ministerio de Salud y Protección Social y el marco normativo vigente en Colombia abogan por la articulación de la medicina alternativa en el sistema general de seguridad social en salud (SGSSS) [1].

Se desconoce la situación actual de la oferta de medicina alternativa en el Departamento del Quindío y el proyecto pretende caracterizar la oferta de servicios de medicina alternativa en el Departamento del Quindío.

Materiales y métodos

Estudio descriptivo. La población fueron médicos en el Registro Especial de Prestadores, que ofrecen servicios de Medicina Alternativa y Complementaria (MTAC). Se consultó la base de datos del REPS y se aplicó un cuestionario en plataforma

electrónica. Se verificó la normalidad de las variables; se describieron las variables numéricas en promedio e IC95% y las categóricas con frecuencias y porcentaje.

Resultados y discusión

Se identificaron 22 oferentes de Medicina Alternativa en el Quindío, 100% ofrece servicios de Homeopatía, 86% Neuralterapia, 72% Medicina Tradicional China, 45% Naturopatía, 9% terapia alternativa bioenergética y 4% naturoterapia. 40,9% son mujeres, 31,8% hombres y 27,3% instituciones, de las cuales el 9% son instituciones universitarias.

Se identificaron 20 oferentes de Medicina Alternativa Armenia, 57% sexo femenino y 42% sexo masculino. Edad promedio 49,21 años. Estado civil 68% casado, 21% soltero y 10% unión libre.

El 73,7% perciben barreras para el acceso a los servicios de medicina alternativa y 73,7% considera que hay barreras de acceso para la formación médica en medicina alternativa [2].

El Quindío es el Departamento que mayor número de oferentes tiene registrados en comparación con los departamentos cercanos, como Caldas, Risaralda y Tolima.

El número de prestadores de servicios de MTAC en el Quindío no ha aumentado en los últimos 10 años y en el país entre el año 2010 al 2108 la oferta aumentó en 46% [1,3].

Conclusión

El acceso a los servicios de medicina alternativa en el Quindío se encuentra en una condición de inequidad, porque existen barreras de acceso para la formación de los médicos y porque esto limita el desarrollo normativo y lineamientos de política del MSPS y de la OMS.

Financiación y agradecimientos

A la Universidad del Quindío, por su apoyo para la realización de este trabajo.

A todos los médicos que sacaron su tiempo para aportar en este trabajo, en un contexto vital tan complejo como es el que se ha generado por la pandemia del Covid-19.

Referencias

[1] Ministerio de Salud y Protección Social MSPS. Lineamientos técnicos para la articulación de las medicinas y terapias alternativas y complementarias en el marco del Sistema General de Seguridad Social en Salud. Bogotá D.C. 2018.

[2] Organización Panamericana de la Salud. OPS. Inequidades y barreras en los sistemas de salud. 2020.

[3] Rojas, A. Servicios de Medicina Alternativa en Colombia. Revista de Salud Pública. 2012;14(3):468-477.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL GEN GBA EN PACIENTES DEL SUROCCIDENTE COLOMBIANO CON ENFERMEDAD DE GAUCHER

Daniela Arturo-Terranova^{*1,4,6}, Lina Johanna Moreno Giraldo^{1,2,3,4,5,6,7}, Henry Idrobo^{1,6,7}, José María Satizabal^{1,2,4,5,6,7}

¹Universidad del Valle

²Universidad Santiago de Cali

³Universidad Libre

⁴Posgrado en Ciencias Biomédicas – Universidad del Valle

⁵Énfasis en Genética Médica - Universidad del Valle

⁶Grupo de Investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo, Categoría A Colciencias 2019

⁷ Grupo de Interés Colombiano en Enfermedad de Gaucher (GICEG)

*Corre electrónico: daniela.arturo@correounivalle.edu.co

Resumen

Con el objetivo de caracterizar molecularmente las variantes encontradas en el gen GBA presentes en 19 pacientes del Suroccidente Colombiano con Enfermedad de Gaucher, se realizó la secuenciación génica, encontrando 7 variantes y 8 genotipos diferentes con significancia clínica patogénica. Permitiendo identificar el espectro mutacional y la frecuencia de aparición en la población.

Palabras Clave: Biología Computacional, Enfermedad de Gaucher, gen GBA, Enfermedades por Almacenamiento Lisosomal, Variantes (DeCS)

Abstract

To molecularly characterize the variants found in the GBA gene present in 19 patients from Southwest Colombia with Gaucher's disease, gene sequencing was performed, finding 7 variants and 8 different genotypes with pathogenic clinical significance. Allowing to identify the mutational spectrum and the frequency of appearance in the population.

Keywords: Computational Biology, Gaucher Disease, GBA gene, Lysosomal Storage Diseases, Variants (DeCS)

Introducción

La Enfermedad de Gaucher (EG) se debe a la deficiencia hereditaria de la enzima glucocerebrosidasa ácida, codificada por el gen GBA, necesario para la degradación de Glucosilceramida; en consecuencia, ocurre una acumulación en el sistema retículo endotelial, predominantemente en el hígado, el bazo y la médula ósea [1]. El país no tiene datos exactos sobre la incidencia, prevalencia y carga poblacional, por lo que es difícil distinguir entre individuos sanos y portadores [2,3]. Se hace importante la

identificación molecular de las variantes en pacientes con EG para brindar un diagnóstico oportuno, tratamiento adecuado, y consejería genética correcta.

Materiales y métodos

Se realizó un estudio observacional, descriptivo, transversal y prospectivo, que incluyó 19 pacientes del suroccidente colombiano diagnosticados clínica y enzimáticamente con EG, previo consentimiento informado. Se tomaron muestras en sangre periférica que posteriormente fueron secuenciadas y evaluadas. Las bases de datos de referencia utilizadas fueron bases de datos poblacionales, bases de datos clínicas y bases específicas de la enfermedad. El análisis bioinformático para evaluar el posible impacto de las variantes de interés en la estructura y funcionalidad de la proteína fue llevado a cabo con los programas bioinformáticos Mutation Taster, SIFT, Human Splicing Finder, UMD-Predictor, Provean, SNPEffect, SNPs3D y PolyPhen2 para predecir el impacto en la proteína de sustituciones de aminoácidos. La Clasificación de las variantes se realizó con base a ACMG. Finalmente se realizó una red de interacción génica del gen GBA por medio del programa GeneMania para determinar asociaciones cercanas con otros genes.

Resultados y discusión

El diagnóstico molecular de 19 pacientes, 11 de ellos (57.8%) de género masculino, con rango de edad entre 4 y 71 años, diagnosticados clínica y enzimáticamente con EG permitió determinar los exones afectados, cambios de nucleótidos, cambios de proteínas y cigosidad respectiva (14/19 homocigotos; 4/19 heterocigotos compuestos; 1/19 heterocigotos) (Tabla1). Una única variante (p. Arg535His) fue encontrada en estado de heterocigosis en un paciente afectado. En todos los casos estudiados, se identificaron los genotipos, siendo p. Ans409Ser/ Ans409Ser el más frecuente. Se lograron identificar las variantes presentes en el 100% de los alelos (23 alelos) del gen GBA analizados. De las siete variantes encontradas, se reportó que específicamente p. Asn409Ser (10/23 alelos) y p. Leu483Pro (3/23 alelos) y p. Lys237Glu (3/23 alelos), están presentes en el 69,5% de los alelos

El análisis bioinformático de todas las variantes encontradas, mediante los softwares bioinformáticos, reportó una significancia clínica patogénica en todos los casos; además todas las variantes se encuentran actualmente reportadas y cuentan con código dbSNP. La red de interacción génica permitió observar asociaciones cercanas entre el gen GBA y los genes PSAP, SCARB2 y LAMP2; todos con funciones relacionadas a localizaciones vacuolares, instrucciones asociadas al lumen lisosomal y vacuolar, membranas vacuolares y lisosomales.

Conclusión

Aumentar la información reportada hasta el momento sobre la EG, abrirá el paso a futuras investigaciones, reconociendo el impacto funcional que puede generar, contribuyendo al conocimiento y creación de bases moleculares en el Suroccidente Colombiano y pronosticando la evolución de la enfermedad de acuerdo con el genotipo del individuo afectado.

Financiación y agradecimientos

Proyecto financiado por la convocatoria DGI-03-2020: Proyectos de investigación aplicada. Agradecimientos a la Universidad Santiago de Cali, Universidad del Valle, Grupo Enfermedades Congénitas del Metabolismo – Categoría A, Colciencias.

Referencias

1. Nguyen Y, Stirnemann J, Belmatoug N. Gaucher disease: A review. *Rev Med Interne*; 2019; 18:31185-8.

2. Sun A. Lysosomal storage disease overview. Review article on Inborn Errors of Metabolism. 2018; 6(24): 6-12.

3. Nalysnyk L, Rotella P., Simeone J., Hamed A., Weinreb N. Gaucher disease epidemiology and natural history: a comprehensive review of the literature. *Hematology*. 2017; 22;2: 65-73.

INCIDENCIA EN LA DINÁMICA DEL COVID-19 CONSIDERANDO REINFECCIÓN TEMPORAL Y PERMANENTE

Nestor Andres Suarez Garcia¹; Anibal Muñoz Loaiza²

^{1,2}Grupo de Modelación Matemática en Epidemiología (GMME), Universidad del Quindío. Correo electrónico: nasuarezg@uqvirtual.edu.co¹; anibalml@hotmail.com²

Resumen

Se estudia la incidencia de la reinfección por Covid-19 en una población mediante un modelo de simulación que considera tres tasas de reinfección posibles a partir de un tiempo T. Los resultados muestran un comportamiento endémico en los tres escenarios de reinfección con valores distintos en la estabilidad de las poblaciones.

Introducción

El 7 de enero del 2020 autoridades chinas identifican un nuevo coronavirus llamado SARS-CoV-2 culpable de casos de neumonía en China a finales del año 2019. La Organización Mundial de la Salud (OMS) declara la pandemia mundial a mediados del mes de marzo y que hasta el 3 de agosto había más de 18 millones de casos confirmados y más de 690.000 muertes por Covid-19, enfermedad producida por el SARS-CoV-2. La enfermedad presenta síntomas comunes como fiebre, tos, dolor de cabeza, dificultad para respirar y en algunos casos vómito y diarrea, sin embargo, en su etapa avanzada puede causar neumonía severa produciendo la muerte. [1], [2], [3]

Materiales y Métodos

Se presenta un modelo de simulación determinista con población variable a causa de la infección por el Covid-19, se considera población asintomática y mortalidades por la infección y la posibilidad de reinfección con porcentajes del 5%, 30% y 70% mediante una función definida a trozos. El proceso infeccioso se interpreta usando ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales y en los términos de transmisión la incidencia sigue el principio de acción de masas.

Resultados

Las simulaciones se realizan para tres valores del parámetro de reinfección ξ el cual está definido a trozos de la forma:

$$\xi(t) = \begin{cases} 0 & \text{si } 0 \leq t < T \\ C_i & \text{si } t \geq T \end{cases}$$

donde C_i toma valores constantes del 0% 5%, 30% y 70% que hace referencia a cuatro escenarios distintos de reinfección. En el tiempo T , una cantidad de personas recuperadas vuelven a ser susceptibles al Covid-19 a partir de un tiempo T , esto es una inmunidad temporal a la enfermedad. En las figuras 1-5 se observan las 5 poblaciones afectadas de forma individual por los cuatro escenarios de reinfección considerando un tiempo de inmunidad al Covid-19 de 23 semanas, desde allí las personas recuperadas vuelven a ser susceptibles frente al virus donde se observa una estabilidad de las tres poblaciones a lo largo del tiempo en valores muy cercanos a cero.

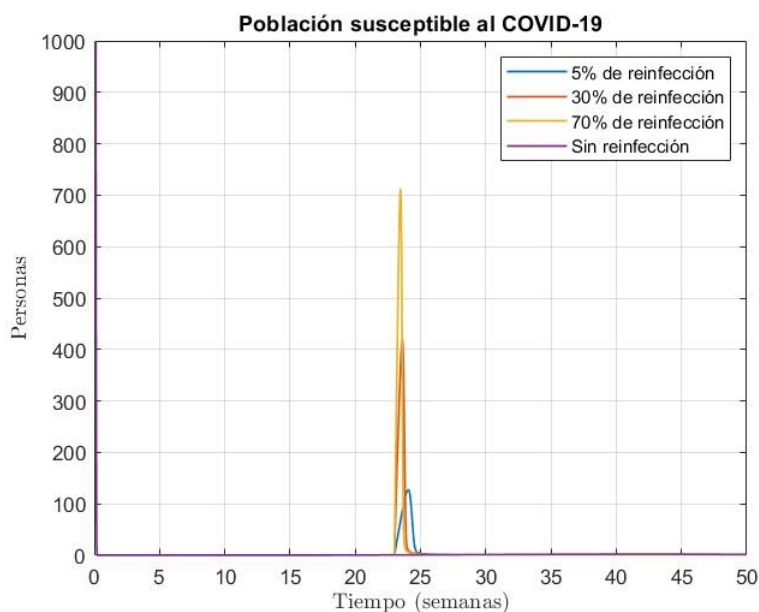


Figura 1. Población de susceptibles al Covid-19 con 4 porcentajes distintos de reinfección.

Conclusión

Debido al poco tiempo que se ha descubierto el nuevo coronavirus, no se tiene suficiente información sobre su comportamiento y de las consecuencias que pueda dejar la enfermedad del Covid-19 en las personas; sin embargo, estos escenarios muestran un panorama donde todas las poblaciones utilizadas en el modelo generan estabilidad en un valor distinto de cero en cualquier porcentaje de reinfección, lo que indica que una pérdida de inmunidad puede ocasionar endemia de Covid-19 en una población.

Agradecimientos

Agradecimientos al programa de postgrado maestría en biomatemáticas y al grupo de modelación matemática en epidemiología (GMME) de la facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías de la Universidad del Quindío.

Referencias

- [1] De, S. G., and Sanidad, C. y. INFORMACION CIENTÍFICA-TÉCNICA ENFERMEDAD POR CORONAVIRUS, COVID-19. Ministerio de sanidad (2020), 48.
- [2] Liu, Y., Gayle, A. A., Wilder-Smith, A., and Rocklov, J. (2020). The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *Journal of Travel Medicine*, (Figure 1):14.
- [3] Rothe, C., Schunk, M., Sothmann, P., Bretzel, G., Froeschl, G., Wallrauch, C., Zimmer, T., Thiel, V., Janke, C., Guggemos, W., Seilmaier, M., Drosten, C., Vollmar, P., Zwirgmaier, K., Zange, S., Wolfel, R., and Hoelscher, M. (2020). Transmission of 2019- NCOV infection from an asymptomatic contact in Germany. *New England Journal of Medicine*, 382(10):970-971

CARACTERIZACIÓN MORFOFUNCIONAL DEL CIERRE VELO FARÍNGEO EN PERSONAS CON LABIO Y/O PALADAR FISURADO QUE ASISTEN A UN HOSPITAL DE III NIVEL EN SANTIAGO DE CALI

Daniela Estefania Pusapaz

Maestría en Ciencias Biomédicas. Universidad del valle. Correo electrónico: daniela.pusapaz@correounivalle.edu.co

Resumen

Las fisuras labio-palatinas afectan las estructuras anatómicas y funcionales del cierre velo faríngeo, quien permite separar la cavidad oral y nasal. Se realizará nasofibrolaringoscopia a 30 personas postquirúrgicas con labio y/o paladar fisurado para determinar el tipo de cierre velofaríngeo y análisis acústico de la voz con software ANAGRAF para identificar si hay relación según el compromiso y tipo de fisura.

Palabras Clave: Esfínter Velofaríngeo, Fisura del Paladar, Labio Leporino, Anomalías Craneofaciales, Trastorno Fonológico.

Abstract

The Lip-palatine fissures affect the anatomical and functional structures of the velopharyngeal Closure, it allows the separation of the nasal and oral cavity. Will be perform nasofibrolaryngoscopy to thirty post-surgical people with Cleft lip and/or palate to determine the velopharyngeal Closure and the acoustic análisis of the voice with ANAGRAF software for identify if there is a relationship according to the commitment and the type fissure.

keywords: Velopharyngeal Sphincter, Cleft Palate, Cleft Lip, Craniofacial Abnormalities, Speech Sound Disorder

Introducción

El cierre velo faríngeo se ve afectado en las fisuras labio palatinas debido a las alteraciones anatómicas, musculares y funciones que se presentan desde la etapa embrionario, PRADA en el 2010 reporta cuatro tipos de cierre velo faríngeo en esta población, sin embargo, es importante encontrar si hay o no relación del tipo de cierre con respecto a las características acústicas del habla, la variabilidad dialectal y el tipo de fisura que presente una persona con labio y/o paladar fisurado para determinar que funciones se ven afectadas y cuáles serán las limitaciones que tenga en el lenguaje, el habla y la deglución para poder orientar sus tratamiento fonoaudiológico.

Materiales y Métodos

Investigación de enfoque cuantitativo, observacional, descriptivo de corte transversal y aleatorio con una muestra no probabilística de 30 participantes postquirúrgicos entre 7 y 25 años, que han firmado consentimiento y/o asentimiento informado de uso de datos, de ambos sexos, con labio y/o paladar fisurado sin algún síndrome o patología asociada, que pertenezcan a cualquier etnia y asisten a la consulta externa de la clínica de labio y paladar fisurado del Hospital Universitario del Valle-Santiago de Cali. Se realizará una evaluación clínica de nasofibrolaringoscopia y análisis acústico de la voz con el software ANAGRAF para determinar el tipo de cierre velo faríngeo en las funciones oromotoras (prueba de soplo, retención de aire, deglución y muestra de habla) y contemplar con el tipo de fisura labio palatina de las personas que voluntariamente deciden participar de la investigación. Se excluirán a personas que tengan contraindicaciones para nasofibrolaringoscopia, presenten alergias o episodios gripales.

Resultados y Discusión

Del examen de nasofibrolaringoscopia se espera determinar el tipo de cierre velo faríngeo según el tipo de fisura ya sea labial o palatina y según el compromiso de fisura del paladar primario y secundario que estos a su vez pueden ser unilateral, mediana y bilateral; según los estudios realizados sobre tasas de frecuencia dicha malformación craneofacial se presenta con mayor frecuencia en hombres que en mujeres por lo cual se espera que la muestra poblacional este conformada en su mayoría por participantes de sexo masculino con fisura labio palatina unilateral izquierda, además, se espera caracterizar el tipo de cierre velo faríngeo según las características de variación dialectal.

A partir de la información que nos arroje el análisis acústico de la voz se realizará la correlación con el tipo de cierre velo faríngeo encontrado con la nasofibrolaringoscopia en cada uno de los participantes con respecto al tipo y compromiso de la fisura; se espera que el análisis multivariante de los datos recogidos indique los intervalos de confianza necesarios y datos estadísticamente significativos corroborar nuestra hipótesis de investigación. Finalmente se realizará un aporte con la socialización de los resultados parciales y finales del trabajo de investigación en eventos académicos institucionales e interinstitucionales que se puedan generar.

Conclusión

El conocer el estado anatómico y funcional de las estructuras en una fisura labio palatina permite realizar una valoración más completa y facilita la identificación de las alteraciones que se presentan en el cierre velo faríngeo y como estas repercuten en las actividades cotidianas de esta población.

Financiación y agradecimientos

Este proyecto está financiado con recursos propios del equipo de investigadores. Agradecemos al servicio de cirugía plástica del Hospital Universitario del Valle en su servicio de consulta externa de clínica de labio y paladar fisurado ya que gracias a su vinculación y participación en el proyecto de investigación se puede acceder de manera directa a la población estudio.

Referencias

Prada JR, Zambrano JC, Díaz López DM, Echeverri M del P, Timbaquira C, Parra AM. Diagnóstico e intervención temprana de insuficiencia velofaríngea posterior a palatoplastia primaria en pacientes atendidos interdisciplinariamente en FISULAB (Bogotá , Colombia) Diagnosis and early intervention of velofaríngeal insufficiency posterior. Cirugía Plástica Ibero-Latinoamericana. 2019;45:51-6.

Conessa C, Hervé S, Goasdoué P, Martigny E, Baudelle E, Poncet J. Insuficiencia velofaríngea. EMC - Otorrinolaringol. 2005;46(4):1-14.

Velayos JL, Diaz Santana H. Anatomía de la cabeza para Odontólogos. 4ta Edición. Panamericana E, editor. Madrid; 2007

VARIATION IN INTRACELLULAR LIPID CONCENTRATION IN SW480 AND SW620 COLON CANCER CELL LINES

Juan Camilo Guerero-Ospina¹, María Elena Maldonado-Celis², Nelsy Loango³, Beatriz Restrepo¹, Patricia Landazuri¹

¹Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. Correo electrónico: plandazu@uniquindio.edu.co

²Escuela de Nutrición y Dietética, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío.

Resumen

En este trabajo se midió la concentración de colesterol y triglicéridos intracelulares de dos líneas celulares de cáncer colorrectal una de ellas metastásica. Se encontraron diferencias significativas en los lípidos estudiados entre las dos líneas sugiriendo necesidades metabólicas distintas entre las células.

Palabras Clave: Cáncer colorrectal, lípidos, metástasis.

Abstract

In this work, the concentration of intracellular cholesterol and triglycerides was measured in two colorectal cancer cell lines, one of them metastatic. Significant differences were found in the lipids studied between the two lines, suggesting different metabolic needs between the cells.

Keywords: Colorectal cancer, lipids, metastasis.

Introducción

Las células malignantes alteran su metabolismo para garantizar su proliferación. La investigación casi siempre se ha centrado en el metabolismo de los carbohidratos y generación de energía, pero más recientemente se centra en el metabolismo de los lípidos (ácidos grasos y colesterol) en estas células por la necesidad que ellas tienen de lípidos para la construcción de membranas celulares y vías de señalización. Las líneas celulares de SW480 y SW620 son líneas celulares de cáncer colorrectal provenientes de un mismo individuo con características de crecimiento y proliferación distintas pues las SW620 son células metastásicas con diferentes necesidades metabólicas. [1].

Materiales y Métodos

Las células fueron mantenidas en frascos Falcon de 75cm² en medio DMEM con 25 mM. glucosa y 2 mM L-glutamina, suplementado con 10% suero de caballo inactivado (56°C), 100 U/ml penicilina, 100 µg/ml estreptomina y 1% de amino ácidos no-Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

esenciales. Las incubaciones se llevaron a cabo a 37°C en una atmósfera húmeda con 5% de CO₂. Para todos los experimentos, el suero fue reducido a 3%, y el medio para SW480 y SW620 fue suplementado con 10 µg/ml insulina, 5 µg/ml transferrina, 5 ng/ml, selenio (medio ITS). Las líneas celulares fueron cultivadas por 24 horas. Posteriormente lisadas y centrifugadas, en el sobrenadante se determinaron colesterol y triglicéridos usando química líquida de Kits comerciales (Human), las proteínas totales de la muestra fueron cuantificadas por el método de Lowry. [2]. se realizaron 6 ensayos por triplicado en cada línea celular.

Resultados y Discusión

Los resultados muestran diferencias significativas en el contenido de colesterol y triglicéridos entre las células SW480 y SW620, siendo la concentración de estos lípidos mayor en las células metastásicas SW620. (tabla 1). Las variaciones en el metabolismo lipídico en entre las dos líneas celulares encontradas en este trabajo pueden ser evidencia de las diferentes necesidades metabólicas lipídicas de las células cancerosas para el su proliferación y la evasión de los mecanismos de supresión del crecimiento tumoral, así como la promoción de angiogénesis y la metástasis (2). También es claro que estas variaciones metabólicas dependen del estadio de Dukes, fenotipo patológico y heterogeneidad genética de cada línea celular como lo han demostrado varios autores [3]. Es necesario profundizar en los hallazgos para determinar si la modificación del metabolismo lipídico reduce su malignidad.

Tabla 1. Concentración de lípidos intracelulares en líneas celulares de cáncer colorrectal.

Lípidos	Línea celular		P
	SW480	SW20	
Colesterol (mg.Pt ⁻¹) n=6	0,069±0,0009	0,0048±0,0004	<0,0001
Triglicéridos (mg.Pt ⁻¹) n=6	0,0082±0,0002	0,0069±0,0009	<0,0001

Conclusión

Las diferentes líneas celulares de CCR mostraron una concentración de lípidos diferentes sugiriendo estados metabólicos diferentes de acuerdo con su fenotipo patológico.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo fue Financiado Por la Universidad del Quindío. Proyectos 912 y 963.

Referencias

[1]. Fernández-Mojón S. (2014). Estudio de la expresión de proteínas α(1,6)fucosiladas implicadas en la malignización del cáncer colorrectal. Tesis de maestría. Universidad de la Coruña.

[2] Aguillón J, Maldonado M, Loango N, Landázuri P, Arango S. Antioxidant and antiproliferative activity of ethanolic and aqueous extracts of *Passiflora edulis*. *Perspect Nutr Hum* 2013; 13:13-25.

[3]. Fuhr L, El-Athman R, Scrima R et al. (2018). The Circadian Clock Regulates Metabolic Phenotype Rewiring Via HKDC1 and Modulates Tumor Progression and Drug Response in Colorectal Cancer. *Ebiomedicine*; 33: 105-121.

GLOMERULONEFRITIS CRESCÉNTICA PAUCI-INMUNE ASOCIADA A LEVAMISOL. REPORTE DE UN CASO

Rafael Enrique Salazar-Reggeti¹, Carlos Gómez Calcetero², Lina Paola Castro Castillo³,
Iván Aivasovsky Trotta¹

¹Semillero de investigación Terapia Celular y Metabolismo, Facultad de Medicina - Universidad de La Sabana, Chía, Cundinamarca. Correo electrónico: rafaelsare@unisabana.edu.co

²Hospital Santa Clara E.S.E, Bogotá, Colombia

³Subred Integrada de Servicios de Salud Norte - Centro de Servicios Especializados Suba, Bogotá, Colombia

Resumen

El uso de cocaína produce manifestaciones patológicas definidas, no obstante, actualmente se ha documentado un incremento en las manifestaciones reumáticas asociadas al uso de cocaína adulterada con Levamisol. Se presenta el caso de un paciente masculino de 18 años que desarrolla un cuadro de vasculitis pauci-inmune asociada a Levamisol.

Palabras Clave: Glomerulonefritis Crescéntica Pauci-inmune Levamisol.

Abstract

Usage of cocaine produces defined pathological manifestations however, a significant increase in rheumatic manifestations associated with the use of cocaine adulterated with Levamisol has currently been documented. The case of an 18-year-old male patient who develops a picture of Pauci-immune vasculitis associated with Levamisol is presented.

Keywords: ANCA Associated Vasculitis, Cocaine, Levamisole.

Introducción

El Levamisol es un fármaco antihelmíntico, también conocido por su uso como inmunomodulador el cual, como consecuencia de sus efectos tóxicos, fue retirado a finales del siglo XX. En el 2005 producto de un incremento significativo en el diagnóstico de vasculitis pauciinmune entre la población usuaria de sustancias psicoactivas, se documentó la adulteración con fines comerciales de la cocaína combinándola con Levamisol. Dicha mezcla se encontraba de forma esporádica en el estudio farmacológico de productos incautados, sin embargo, aumentando su frecuencia hacia finales de la década. De esta forma, la toxicidad por Levamisol ha reemergido como problema de interés clínico.

Materiales y Métodos

Se presenta el caso de un adulto joven con antecedente de Síndrome de Alport y epilepsia focal sintomática desde el 2011 en seguimiento por nefropediatría, quien ingresa traído por funcionarios de la policía posterior a ser hallado inconsciente en vía pública como consecuencia del consumo de sustancias psicoactivas y agua insalubre en la semana anterior al ingreso. Al examen físico se encuentra en irregular estado general, presentando edema en miembros inferiores, región facial e inguinal; en relación con ortopnea, nicturia, polaquiuria y múltiples deposiciones diarréicas referidas en la enfermedad actual. Teniendo en cuenta los antecedentes y el motivo de consulta, se orienta el diagnóstico de lesión renal aguda multifactorial (secundaria a tóxicos y por necrosis tubular aguda) aunado a síndrome hemolítico urémico. De forma complementaria se solicitan paraclínicos documentándose elevación de azoados, acidemia metabólica e hipercalcemia con repercusión electrocardiográfica, razón por la cual se inicia terapia de reemplazo renal.

Resultados y Discusión

Finalmente, se realiza nueva biopsia renal desmostrándose glomerulonefritis crécéntica pauci-inmune sobreimpuesta a los cambios propios del colágeno en la membrana basal correlacionados con su antecedente renal. Por lo anterior, se relacionó este tipo de vasculitis de pequeño vaso con afectación renal y depósito de complejos inmunes al consumo de cocaína adulterada (Figura 1). El Levamisol, fármaco aprobado por la FDA en 1991, actúa como inmunomodulador, antiparasitario y coadyuvante en quimioterapia. Sin embargo, producto de la toxicidad que produce su consumo, fue retirado y desaconsejado su uso en humanos. No obstante, fue aprovechado como base para aumentar el volumen y disponibilidad de la cocaína de tal manera que, para el 2009 el 69% de las muestras de cocaína en las calles de los estados unidos estaban adulteradas con este fármaco. El levamisol produce un síndrome reumático caracterizado por la presencia de glomerulonefritis, hemorragia alveolar, púrpura retiforme, neutropenia y agranulocitosis en relación con la presencia de anticuerpos anticitoplasma de neutrófilo. Se presume que la cronicidad con la que se presenta el consumo es proporcional al daño renal, por lo que, su interrupción junto a una oportuna terapia inmunosupresora son pilares en la limitación del daño y remisión de la enfermedad.

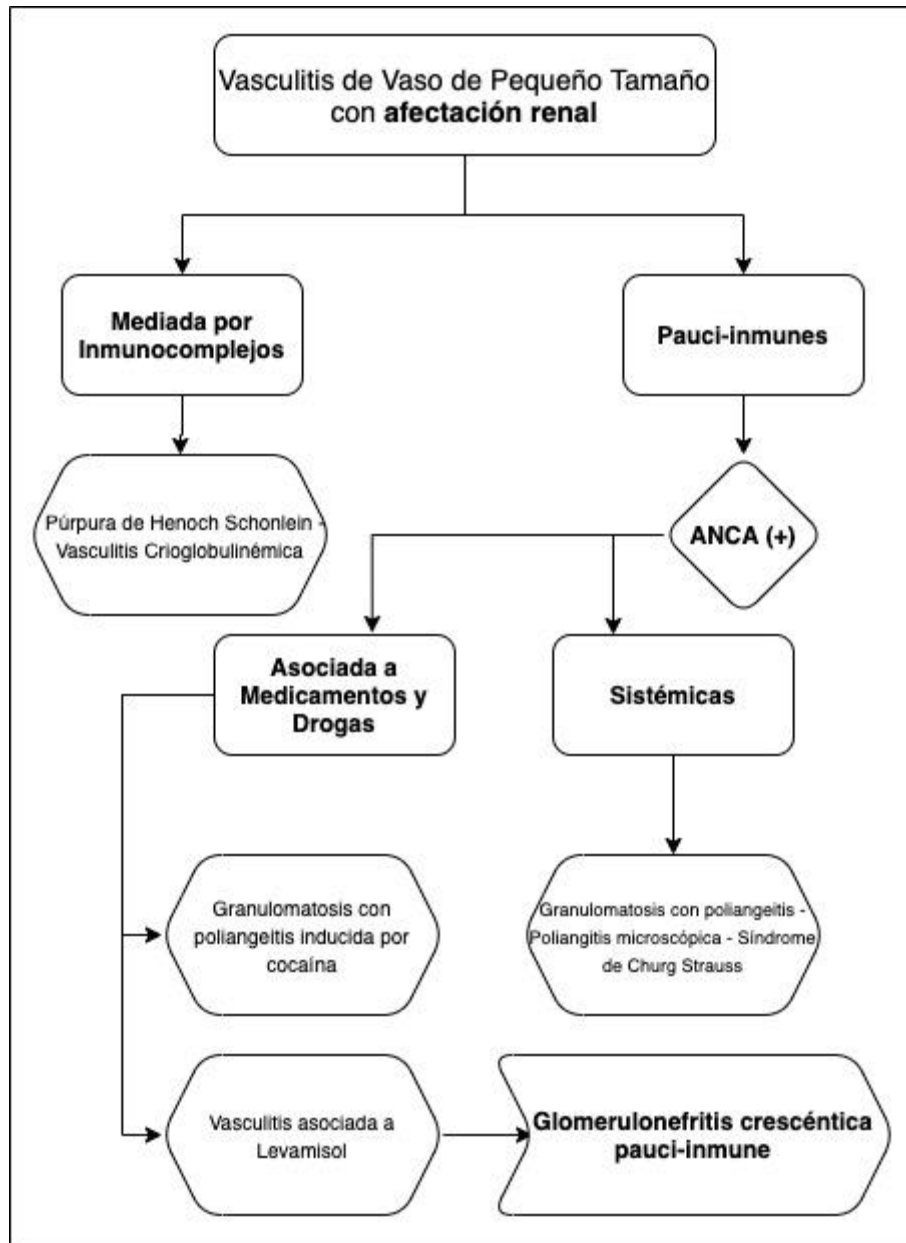


Figura 1.

Conclusión

El Levamisol puede producir efectos tóxicos que van desde neutropenia y agranulocitosis hasta purpura retiforme y glomerulonefritis pauciinmune. Dado el alto consumo de cocaína entre la población indigente, los efectos deletéreos producto de la toxicidad por la forma adulterada de esta sustancia son un problema de salud pública creciente.

Financiación y Agradecimientos

No se declaran conflictos de intereses ni financiación alguna.

Referencias

1. Nolan AL, Jen KY. Pathologic manifestations of levamisole-adulterated cocaine exposure. *Diagn Pathol.* 2015;10(1):4–9.
2. Carlson AQ, Tuot DS, Jen KY, Butcher B, Graf J, Sam R, et al. Pauci-immune glomerulonephritis in individuals with disease associated with levamisole-adulterated cocaine a series of 4 cases. *Med (United States).* 2014;93(17):290–7.
3. Collister D, Sathianathan C, Ryz K, Karpinski M, Bernstein K, Gibson IW. ANCA Associated Vasculitis Secondary to Levamisole-Adulterated Cocaine with Associated Membranous Nephropathy: A Case Series. *Am J Nephrol.* 2017;45(3):209–16.

IDENTIFICACIÓN DEL POTENCIAL ANTIOXIDANTE Y ENZIMÁTICO DE CLONES COLOMBIANOS DE *Theobroma cacao* L.

Alfredo Torres-Benítez^{1,2}, Juan Guillermo Borja³, Angélica Sandoval³, Mario Simirgiotis¹, Olimpo García-Beltrán²

¹Instituto de Farmacia, Universidad Austral de Chile, Valdivia 5090000, Chile.

²Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad de Ibagué, Carrera 22 Calle 67, Ibagué 73002, Colombia. Correo electrónico: aljotobe19@hotmail.com

³Programa de Ingeniería Agroindustrial, Facultad de Ingeniería Agronómica, Universidad del Tolima, Ibagué 730001, Colombia.

Resumen

Este estudio evaluó la capacidad antioxidante y enzimática de extractos acuosos de dos clones colombianos (CCN-51 y FSV-41) de *Theobroma cacao*. Se realizaron cinco pruebas de actividad antioxidante (FRAP, DPPH, fenoles totales, flavonoides totales, ORAC) y dos de inhibición enzimática (AChE y BuChE). Los clones evidenciaron niveles óptimos de actividad.

Palabras Clave: Actividad antioxidante, inhibición enzimática, cacao, extractos.

Abstract

This study evaluated the antioxidant and enzymatic capacity of aqueous extracts from two Colombian clones (CCN-51 and FSV-41) of *Theobroma cacao*. Five tests of antioxidant activity (FRAP, DPPH, phenols, flavonoids, ORAC) and two assays of enzymatic inhibition (AChE and BuChE) were carried out. The clones showed interesting biological activity.

Keywords: Antioxidant activity, enzymatic inhibition, cocoa, extracts.

Introducción

El cacao (*T. cacao* L.) es una planta ancestral perteneciente a la familia Malvaceae de gran importancia cultural, ecológica y económica, con un pool de variedades o cacaos criollos que presentan cualidades físicas, químicas y funcionales diferenciadas. La almendra seca del fruto, determina su calidad aromática y composición química, como consecuencia del origen y condiciones edafo-climáticas. Reporta complejos compuestos bioactivos de tipo polifenoles, alcaloides, fenilpropanoides, flavonas, terpenos, entre otros, con un alto potencial antioxidante, inhibidor enzimático, larvicida, antiinflamatorio, citotóxico y variadas funciones biológicas, que le otorgan intereses industriales para generar productos farmacéuticos, nutracéuticos y/o funcionales [1].

Materiales y Métodos

Se colectaron, despulparon y liofilizaron semillas de dos clones de cacao, CCN-51 y FSV-41. Con cada material vegetal se realizó un desengrasado y extracto acuoso en una mezcla de metanol-agua (1:1 v:v), el extracto fue reducido en rotaevaporador y liofilizado. Con el sólido resultante se evaluó la capacidad antioxidante: poder reductor/antioxidante férrico (FRAP), expresado en micromoles de equivalentes trolox por gramos de planta; retención del radical 2,2-difenil1-picrilhidracilo (DPPH), expresado en la concentración inhibitoria media máxima (IC50); determinación de fenoles totales (FeT), expresado en miligramos equivalentes de ácido gálico por gramos de planta; determinación de flavonoides totales (FlaT), expresado en miligramos equivalentes de quercetina por gramos de planta; y la capacidad de atrapamiento de radicales libres (ORAC), expresado en micromoles por gramos de planta. Se evaluó la actividad de inhibición enzimática de la acetilcolinesterasa (AChE) y butirilcolinesterasa (BuChE) de acuerdo al método colorimétrico de Ellman et al. (1961), expresadas en IC50.

Resultados y Discusión

Para el ensayo antioxidante de FRAP se obtuvieron diferencias entre los extractos de los clones (CCN-51: 9,32 mmolET/g y FSV-41: 35,75 mmolET/g). En el ensayo DPPH el extracto del clon CCN-51 mostró una IC50 de 46,22 µg/mL, y el clon FSV-41 una IC50 de 32,44 µg/mL. Para FeT el extracto del clon CCN-51 presentó 6,79 mgEAG/g, y el clon FSV-41 10,36 mgEAG/g. Para FlaT el extracto del clon CCN-51 presentó 10,42 mgEQ/g, y el clon FSV-41 16,85 mgEQ/g. En ORAC los extractos de los clones obtuvieron valores similares (CCN-51: 23322,79 µM/g y FSV-41: 22532,98 µM/g). De acuerdo a resultados reportados en muestras de cacaos suramericanos y otros materiales vegetales, el cacao colombiano exhibe mayores concentraciones de compuestos fenólicos y actividad antioxidante diferencial entre clones [2]. En los ensayos de inhibición enzimática, los extractos de los clones mostraron una similar y alta inhibición de AChE (CCN-51-IC50: 16,58 µg/mL y FSV-41-IC50: 17,58 µg/mL), en comparación con las diferencias de inhibición de BuChE que exhibe el extracto del clon CCN-51 (IC50: 96,37 µg/mL) con el clon FSV-41 (IC50: 46,45 µg/mL). Estudios reportan efectos beneficiosos de los polifenoles de cacao en la reducción de enzimas colinesterasas, útil para combatir enfermedades del sistema nervioso [3].

Conclusión

Las semillas de los clones de cacao CCN-51 y FSV-41 evidencian alta actividad antioxidante, superior a reportes de otras frutas y hortalizas. También presentan alta actividad de inhibición enzimática especialmente sobre la AChE, constituyendo materiales vegetales con potencial para la investigación médica de enfermedades neurodegenerativas como Parkinson y Alzheimer.

Financiación y Agradecimientos

Al Programa Ecosistema Científico-Colombia Científica del Fondo Francisco José de Caldas, Proyecto RC-FP44842-212-2018. Al proyecto FONDECYT 1180059 Chile. Al proyecto Innovación tecnológica en cacao andino FONTAGRO ATN-RF 16109-RG.

Referencias

- [1] Campos-Vega R, Nieto-Figueroa K, Dave B. (2018). Cocoa (*Theobroma cacao* L.) pod husk: Renewable source of bioactive compounds. *Trends in Food Science & Technology*, 81, 172-184.
- [2] Ordoñez E, Leon-Arevalo A, Rivera-Rojas H. (2019). Cuantificación de polifenoles y actividad antioxidante en cáscara y semilla de cacao (*Theobroma cacao* L.), tuna (*Opuntia ficus indica* Mill), uva (*Vitis vinifera*) y uvilla (*Pourouma cecropiifolia*). *Scientia Agropecuaria*, 10: 175-183.
- [3] Magrone T, Russo MA, Jirillo E. (2017). Cocoa and dark chocolate polyphenols: from biology to clinical applications. *Frontiers in Immunology*, 8: 677.

EFFECTOS TÓXICOS DEL MINOXIDIL SOBRE *Caenorhabditis elegans*

Juan Carlos Lozano-Pineda, Saray Paternina-Ricardo, Barbara Arroyo-Salgado

Biomedical, Toxicological and Environmental Sciences Research Group -BIOTOXAM-, Zaragocilla Campus, School of Medicine. University of Cartagena, Cartagena, 130015, Colombia. Correo electrónico: barroyos@unicartagena.edu.co

Resumen

El minoxidil es utilizado en tópicos para tratar la alopecia androgénica, sin discriminar efectos adversos. Se evaluó el efecto de diferentes concentraciones de tres tópicos comerciales sobre *Caenorhabditis elegans*. Los tópicos evaluados afectaron el crecimiento y el metabolismo de lípidos del nematodo y actúan como agentes estresores.

Palabras Clave: Minoxidil, alopecia androgénica, *Caenorhabditis elegans*, estrés oxidativo, acumulación lipídica.

Abstract

Minoxidil is used topically to treat androgenic alopecia, without discriminating adverse effects. The effect of different concentrations of three commercial topicals on *Caenorhabditis elegans* was evaluated. The topics evaluated affected growth and lipid metabolism of the nematode and acted as stressors.

Keywords: Minoxidil, androgenic alopecia, *Caenorhabditis elegans*, oxidative stress, lipid accumulation.

Introducción

La alopecia androgénica consiste en la pérdida persistente y progresiva del cabello, que afecta a hombres y mujeres (80 y 50% respectivamente). Aunque no existe cura definitiva para la alopecia, algunos tratamientos incluyen al minoxidil- 2,4-pirimidindiamina, 6- (1-piperidinil) -, 3-óxido). Éste ha sido utilizado como antihipertensivo, provocando un efecto secundario de estimulación del crecimiento capilar. Está presente, en formulaciones cosméticas comerciales útiles para promover crecimiento de cabello y bello facial. Sin embargo, sus posibles efectos secundarios, no están dilucidados en la salud y el ambiente. Por ésto, se evaluó el efecto toxicológico de minoxidil sobre el modelo biológico *Caenorhabditis elegans*." "Materiales y Métodos Tres presentaciones de tópicos para la alopecia androgénica comerciales con composiciones diferentes, fueron usados para preparar soluciones de 0,01; 0,1; 1 y 10 ppm en agua mili-Q. Cepas de *C. elegans* N2 Wilde-type y transgénicas con proteína verde fluorescente para los genes *hsp-3*, *sod-4*, *gpx-4*, *gpx-6*, fueron sembradas en cajas de Petri con medio de crecimiento para nematodos, se incubaron a 20 °C. Los

nematodos N2 fueron previamente sincronizados y expuestos a las diluciones, para realizar bioensayos de letalidad, crecimiento y acumulación lipídica. Las cepas transgénicas fueron también expuestas a las diluciones para luego medir la expresión de la proteína verde fluorescente a través de la medición de absorbancia en un lector de placas.

Resultados y Discusión

Existieron mayores efectos adversos en las concentraciones más altas (1 y 10 ppm), al causar los porcentajes más altos de mortalidad y reducción de la longitud corporal, principalmente en aquellos gusanos expuestos al tópico 3, siendo éste el tópico con la concentración más alta de minoxidil. Lo cual concuerda con experimentos previos, donde estos parámetros se ven afectados por sustancias tóxicas. El estrés oxidativo fue más evidente en los tópicos que presentaron menos aditivos, mostrando sobreexpresión principalmente en los genes *sod-4* y *gpx-6*, lo que podría indicar que el minoxidil, posiblemente actúa como un agente estresante. Además, la acumulación lipídica fue notoria principalmente en las concentraciones 0,01 y 0,1 ppm, indicando que a menores concentraciones el minoxidil puede causar alteraciones en el metabolismo de lípidos que afectan la vitalidad del modelo. Efectos adversos del minoxidil están el efluvio telógeno inducido por minoxidil, irritación de la piel, cambios escamosos del cuero cabelludo: irritación o exacerbación de la dermatitis seborreica, prurito, dermatitis alérgica de contacto, hipertrichosis localizada o generalizada, antihipertensivo. También puede causar derrame pericárdico, taponamiento, y angina de pecho. En animales de experimentación, esta asociado a lesiones miocárdicas y efectos cardíacos adversos.

Conclusión

El vertimiento de este tipo de medicamentos al ambiente a través de las aguas residuales puede generar un impacto negativo sobre ecosistemas afectando a seres vivos. Estudios moleculares, epigenéticos y multigeneracionales serán necesarios para seguir en búsqueda del daño toxicológico que estos podrían ocasionar a seres vivos y medio ambiente.

Financiación y Agradecimientos

Vicerrectoría de la Universidad de Cartagena a través del Plan de fortalecimiento Acta de compromiso 023- 2018.

Referencias

English RS Jr. (2018) A hypothetical pathogenesis model for androgenic alopecia: clarifying the dihydrotestosterone paradox and rate-limiting recovery factors. *Med Hypotheses*;111:73-81.

Han, X. et al. (2020) "An investigation of changes in water quality throughout the drinking water production/distribution chain using toxicological and fluorescence analyses", *Journal of Environmental Sciences (China)*. Elsevier B.V., 87, pp. 310–318.

Wang, H. et al. (2018) "Blueberry extract promotes longevity and stress tolerance via DAF-16 in *Caenorhabditis elegans*", *Food and Function*.

PREDICCIÓN DE MIMETISMO MOLECULAR ENTRE ANTÍGENOS DE *Trypanosoma sp.* Y AUTOANTÍGENOS HUMANO. POSIBLE INTERVENCIÓN EN LA RESPUESTA AUTOINMUNE DEL LUPUS ERITEMATOSO SISTÉMICO

Yuliana Emiliani¹, Gabriel Muzi¹, Marlon Munera¹, Jorge Sánchez², Andrés Sánchez^{1,2}

¹Corporación Universitaria Rafael Núñez. Correo electrónico: yemilianin10@curnvirtual.edu.co

²Universidad de Antioquia

Resumen

Las enfermedades autoinmunes presentan mimetismo molecular entre antígenos humanos y proteínas de microorganismos debido a su similitud. Se utilizaron herramientas bioinformáticas para explorar el mimetismo molecular entre Lupus eritematoso y proteínas de *Trypanosoma sp.* Realizamos la predicción de epítopes y encontramos antígenos mitocondriales y ribosomales que comparten secuencias lineales.

Palabras Clave: Mimetismo molecular, Epítopes, Autoinmunidad, Antígeno, infección.

Abstract

Autoimmune diseases present molecular mimicry between human antigens and microorganisms proteins due to their similarity. Bioinformatics tools were used to explore the molecular mimicry among erythematosus Lupus and *Trypanosoma sp.* proteins. We performed the prediction of potential epitopes and found mitochondrial and ribosomal antigens that share sequences.

Keywords: Molecular mimicry, Epitopes, Autoimmunity, Antigen, infection.

Introducción

Los patógenos y los seres humanos comparten una relación intrínseca relacionada con el mimetismo molecular en sus antígenos. Las interacciones entre el sistema inmunológico y los antígenos patógenos dan como resultado la producción de anticuerpos que podrían proteger contra la infección o desarrollar respuestas autorreactivas mediadas por autoanticuerpos que reaccionan a los antígenos del patógeno y a autoantígenos humano. En algunas enfermedades autoinmunes como el lupus eritematoso sistémico, se ha detectado un mimetismo molecular entre autoantígenos humanos y algunas proteínas de microorganismos. Por ello buscamos demostrar si existe mimetismo molecular entre antígenos de *Trypanosoma sp.* Y autoantígenos humano.

Materiales y Métodos

Realizamos una búsqueda de autoantígenos para el lupus eritematoso sistémico en la base de datos AAgAtlas. La secuencia de aminoácidos de cada autoantígenos se utilizó como entrada en PSI-Blast para encontrar antígenos similares de Trypanosoma sp, seleccionamos aquellos con una identidad mayor o igual al 30%. Se utilizó una serie de herramientas bioinformáticas para explorar el repertorio de autoantígenos implicados en el desarrollo de Lupus Eritematosos sistémico y sus homólogos en Trypanosoma sp. Como; el servidor Swiss Model para la construcción de modelos no reportados en bases de datos, los cuales fueron refinados en Deep View. Todos los modelos se visualizaron en PyMol. Hicimos una predicción de epítopes por medio del servidor Ellipro y se recuperaron epítotos reportados para autoantígenos de LES Immune Epitope Database (IEDB).

Resultados y Discusión

Se seleccionaron y analizaron 93 candidatos de mimetismo molecular. En 36 autoantígenos del lupus en donde se encontraron identidades altas, algunos de los autoantígenos con mimetismo molecular fueron la Elongation factor alpha G5 con un (80%) de identidad, Cyclophilin (70%) y la proteína ribosomal 40S S13 (68%). También fue posible realizar la predicción de epítotos con puntuaciones superior a 0.9 en algunas proteínas como; Chaperonina HSP60, precursor mitocondrial (0,99), Proteína biosintética de lipofosfoglicanos (0,99), Antígeno nuclear de células proliferativas (PCNA) (0,968), proteína ribosómica P-JL5 (0,961), proteína ribosómica L6 60S (0,951) y encontramos más de doce parches antigénicos potenciales como es el caso del antígeno nuclear de células proliferativas (PCNA). Diferentes estudios muestran que es posible ese mimetismo molecular, proteínas como la nueva proteína ribosómica L27 de Trypanosoma cruzi reaccionó de forma cruzada con el anticuerpo anti-Sm, un anticuerpo temprano específico en el LES y otro demuestra que la proteína PO ribosómicas ácidas del trypanosoma y autoantígenos humanos comparten epítotos tanto en la enfermedad de Chagas como en el lupus eritematoso sistémico.

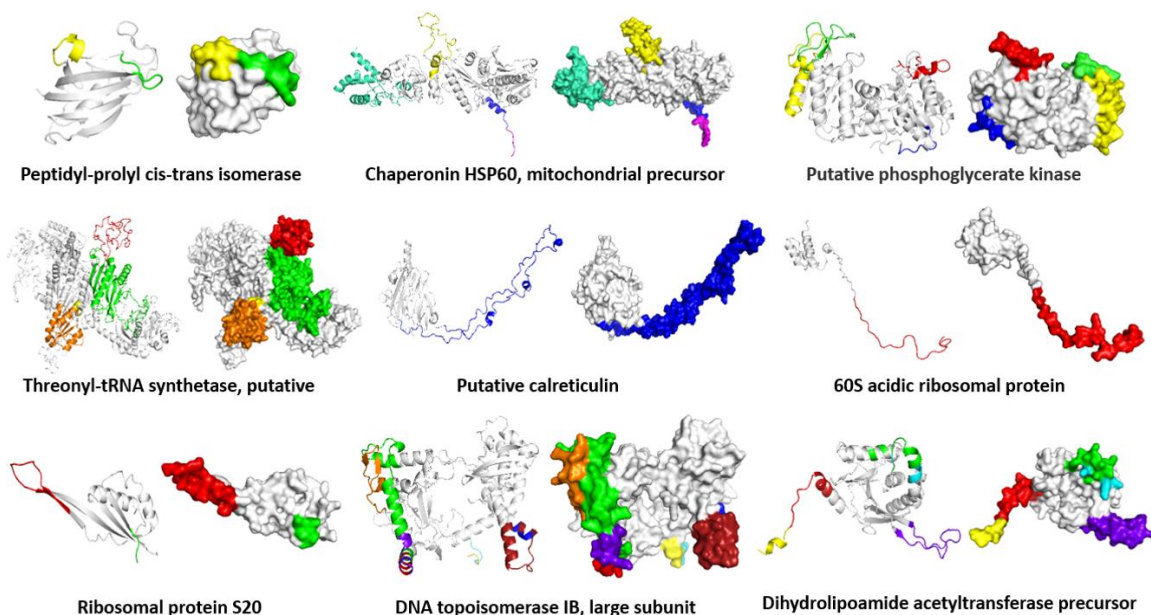


Figura 1.

Conclusión

Los autoantígenos encontrados que comparten mimetismo molecular con *Trypanosoma* sp. y autoantígenos implicados en el lupus eritematoso sistémico explicarían por qué los pacientes al sufrir infecciones por este patógeno podrían desarrollar LES. La identificación de los posibles autoantígenos podrían mejorar las estrategias de diagnóstico y tratamiento para él LES.

Financiación y Agradecimientos

En este trabajo no fue necesario la financiación para su realización. Agradecemos a la Corporación Universitaria Rafael Núñez.

Referencias

1. D Wang, L Yang, P Zhang, J LaBaer, H Hermjakob, D Li, X Yu (2017). AAgAtlas 1.0: a human autoantigen database, *Nucleic Acids Res.* 45 (D1) D769-d776.
2. Pasoto, Sandra Gofinet, Vilma Santos Trindade Viana, and Eloisa Bonfa. (2014). The clinical utility of anti-ribosomal P autoantibodies in systemic lupus erythematosus. *Expert Review of Clinical Immunology* 10.11; 1493-1503.
3. Skeiky, Y. A., et al. (1994). "Antigens shared by *Leishmania* species and *Trypanosoma cruzi*: immunological comparison of the acidic ribosomal P0 proteins." *Infection and immunity* 62.5: 1643-1651.

ANÁLISIS IN SILICO DE LA REACTIVIDAD CRUZADA ENTRE ALERGENOS DE CUPINAS

Gabriel Muzi¹, Yuliana Emiliani¹, Andrés Sánchez^{1,2}, Marlon Munera¹, Jorge Sánchez²

¹Corporación Universitaria Rafael Nuñez. Correo electrónico: gmuzi10@curnvirtual.edu.co

²Universidad de Antioquia

Resumen

Las cupinas son proteínas de almacenamiento vegetales encargadas de múltiples funciones enzimáticas. Se han caracterizado como alérgenos de alimentos vegetales, con capacidad de inducir síndrome alérgico. Su amplia distribución en el trópico hace importante su estudio y caracterización en la reactividad cruzada.

Palabras Clave: Alimentos, Alergia, Cupinas, Bioinformática, Epítopes, reactividad cruzada.

Abstract

Cupins are plant storage proteins responsible for multiple enzymatic functions. They have been characterized as plant food allergens, with the ability to induce allergic syndrome. Its wide distribution in the tropics makes its study and characterization of cross reactivity important.

Keywords: Food, Allergy, Cupines, Bioinformatics, Epitopes, cross-reactivity.

Introducción

Las alergias se definen como reacciones de hipersensibilidad desencadenadas por la presencia de un alérgeno. De hecho, existe una amplia variedad de alérgenos. Así, enfocándonos en los alérgenos de las plantas estos se definen como panalergenos y son clasificados en tres grupos distintos: proteínas de reserva, estructurales y de defensa. Aquí encontramos a las cupinas, una superfamilia de proteínas de almacenamiento presente en la alimentación humana, a su vez, subclasificadas en leguminas y vicilinas. La importancia del presente estudio radica en la consideración de las cupinas para el desarrollo de alergias alimentarias especialmente en el trópico.

Materiales y Métodos

Las secuencias de las cupinas fueron seleccionados en función de la capacidad alergénica informada, obtenidas de la base de datos de Uniprot. Además, siendo reportadas en el subcomité de Nomenclatura de Alérgenos de la WHO/IUIS. Se escogieron 32 secuencias de aminoácidos pertenecientes a cupinas reportadas en la base de datos Allergome. Se determinó su grado de identidad con la herramienta IBIVU

PRALINE. Mediante el software MEGA se exploró la relación filogenética y a partir de los clados con mayor semejanza, se crearon grupos con mayor parentesco. Los modelos 3D de las distintas cupinas se obtuvieron por modelamiento basado en homología. Se realizó una predicción de epítopes con la herramienta Ellipro o en la base de datos IEDB. Los epítopes de reactividad cruzada se localizaron en los modelos 3D con el software PyMol.

Resultados y Discusión

El análisis filogenético mostró que las treinta y dos cupinas fueron posicionadas en tres clados monofiléticos (nombrados aquí como A, B, C). Las cupinas del clado A comparten un nivel de identidad del 45% en sus secuencias de aminoácidos, clado B comparten un 30%, clado C 41%. Entre los alérgenos principales encontramos a Ara h 3 con 18 epítopes lineales, Car i 2 con 9 epítopes lineales y Pis v 3 con 6 epítopes lineales identificados. No obstante, los clados monofiléticos presentan una conservación moderada, lo que permite observar la posible presencia ingente de parches antigénicos. En el alineamiento de los aminoácidos destacan sitios altamente conservados en relación a los epítopes lineales. Por consiguiente, esto garantiza una posible reactividad cruzada entre las cupinas de los tres clados. Aunque, esta última, aumentaba al analizar los clados singularmente.

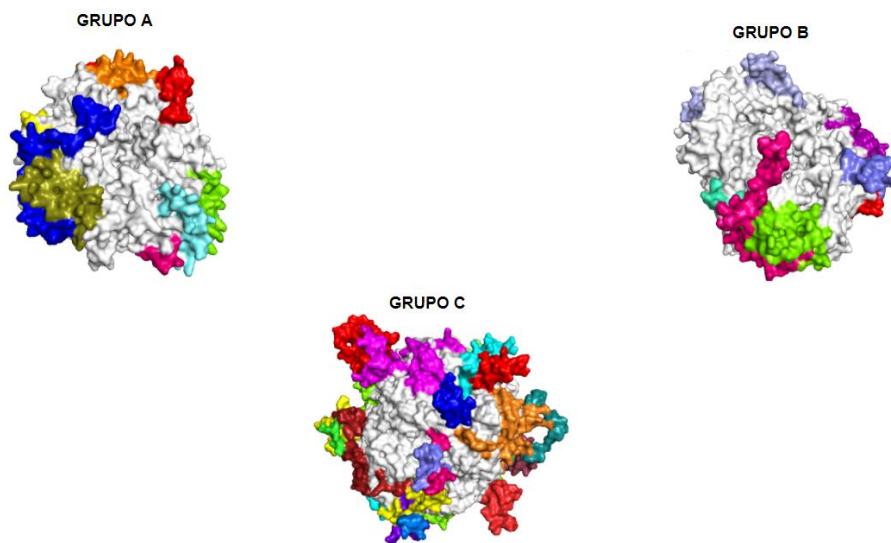


Figura 1.

Conclusión

Se identificaron sitios antigénicos para reactividad cruzada entre las cupinas. La identidad entre proteínas fue alta, sugiriendo que la reactividad cruzada entre ellas es probable, favoreciendo las fuentes de sensibilización. Esto respalda las pruebas de

diagnóstico por componentes para alergias y la multisensibilización a diversas fuentes en la alimentación.

Financiación y Agradecimientos

En este trabajo no fue necesario la financiación para su realización. Le agradecemos a la Corporación Universitaria Rafael Núñez.

Referencias

1. Bublin M, Kostadinova M, Radauer C, Hafner C, Szépfalusi Z, Varga EM, et al. (2013). IgE cross-reactivity between the major peanut allergen Ara h 2 and the nonhomologous allergens Ara h 1 and Ara h 3. *J Allergy Clin Immunol.* 132(1).
2. Rosenfeld L, Shreffler W, Bardina L, Niggemann Sb, Wahn U, Sampson HA, et al. (2012). Walnut allergy in peanut-allergic patients: Significance of sequential epitopes of walnut homologous to linear epitopes of ara h 1, 2 and 3 in relation to clinical reactivity. *Int Arch Allergy Immunol.*157(3):238–45.
3. Bu G, Li T, Zhu T, Xi G.(2020) Identification of the linear immunodominant epitopes in the β subunit of β - conglycinin and preparation of epitope antibodies. *Int J Biol Macromol.*154:724–31.

CARACTERIZACIÓN NUTRICIONAL, ANTROPOMÉTRICA Y BIOQUÍMICA EN UNA POBLACIÓN EN EDAD ESCOLAR DE UN COLEGIO DEL NORTE DE BOGOTÁ

Sharon Lechtig¹, Andreina Zannin¹, Amparo Russi², Carmen Cecilia Almonacid³, María Vilma Giratá³, Laura Andrea Munar¹, Carolina Prieto¹, Maria José Sanchez¹, Daniela Lynett¹, Luis Gustavo Celis¹

¹Faculta de Medicina de la Universidad de La Sabana, Chía, Colombia

²Asociación Colombiana de Nutricionistas y Dietistas (Acodin), Colombia

³Facultad de Bacteriología, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca

*E-mail: luis.celis@unisabana.edu.co

Abstract

Obesity is an excessive accumulation of fat and is considered a public health problem. This disease has had a high increase in childhood, being higher in low-income countries. In Colombia, excess weight in school age was 24.4%. In this work, nutritional habits and lipid profile were studied, finding that most had a high body fat index with an alteration in triglycerides

Keywords: Obesity, Nutricion, School Children, Physical Activity, Healthy Habits.

Resumen

La obesidad es un desbalance entre la ingesta calórica y el gasto calórico que provoca una acumulación de grasa y es considerado un problema de salud pública. Esta enfermedad ha tenido un alto incremento en la infancia, siendo mayor en países de ingresos bajos. En Colombia, el exceso de peso en edad escolar fue de un 24,4%. En este trabajo se estudiaron los hábitos nutricionales y perfil lipídico, encontrando que la mayoría tenían un índice de grasa corporal elevado con alteración en triglicéridos.

Palabras clave: Obesidad, Nutrición, Escolares, Actividad Física, Hábitos Saludables.

Introducción

La obesidad es un desbalance entre la ingesta calórica y el gasto calórico que provoca una acumulación de grasa, en población infantil mayor a cinco años se considera sobrepeso un IMC mayor a 1 DE y obesidad con IMC mayor a 2 DE. Los cambios en el estilo de vida con dietas poco saludables y actividad física reducida afectan el estado de salud de la población. El objetivo del presente trabajo es realizar una caracterización nutricional antropométrica y bioquímica en una población escolar de un colegio del norte de Bogotá [1].

Materiales y métodos

El objetivo de este trabajo fue analizar los hábitos nutricionales y compararlos con el IMC y perfil lipídico de una población infantil en Bogotá, y correlacionar con parámetros bioquímicos y antropométricos. Se estudiaron a 30 estudiantes entre los 6 y 12 años, con edad promedio de 9.3 años cursando educación básica primaria en un colegio

privado de Bogotá (Colombia). Se tuvo en cuenta como criterio de exclusión pacientes con alguna enfermedad maligna, así como quienes tuvieran ingesta de corticoides. La participación fue voluntaria y se realizó firma de consentimiento informado por parte de los padres. A los 30 estudiantes incluidos se les preguntó por hábitos nutricionales, actividad física, toma de medidas antropométricas y de tensión arterial [2].

Resultados y discusión

Se logró identificar una fuerte relación entre hábitos nutricionales, peso, porcentaje de grasa corporal y alteración del perfil lipídico. La mayoría tuvo un porcentaje de grasa corporal elevado (15%) (Figura 1) y este es el mejor indicador en la identificación de obesidad y es excelente predictor de alteración de perfil lipídico. En cuanto a hábitos nutricionales, se evidenció un consumo elevado de carbohidratos y azúcares con un consumo máximo de cinco porciones al día correspondiendo al 36% de la muestra estudiada, con un bajo consumo de frutas con un consumo máximo de dos porciones al día correspondiendo al 44% del total de la muestra y verduras del 32% y es conocida la relación inversa entre el consumo de frutas y verduras con el riesgo de enfermedades cardiovasculares, siendo él alto consumo de estos alimentos un factor protector cardiovascular.

Adicionalmente, se tomó muestra de sangre y se determinaron los niveles de glucosa, perfil lipídico y homocisteína como marcadores de riesgo cardiovascular, encontrando niveles de glucosa normal del 83% e hipoglicemia 17%; perfil lipídico alto en el 46% de la población, límite el 33% y deseable el 21% y finalmente 73% de valor deseable en la muestra de homocisteína.

Se logra afirmar la prevalencia de obesidad infantil y la principal causa son malos hábitos alimentarios y baja actividad física. Es importante resaltar que los niños con obesidad y sobrepeso llegarán con esto a la edad adulta lo cual será factor de riesgo importante para desarrollar prematuramente enfermedades cardiovasculares y muerte prematura.

Es evidente que la obesidad infantil es un problema de salud pública que requiere la participación y compromiso de diferentes sectores, se destaca que la escuela juega un papel fundamental en la prevención de la obesidad infantil por lo que se debe promover hábitos de vida saludable y actividad física. [3].

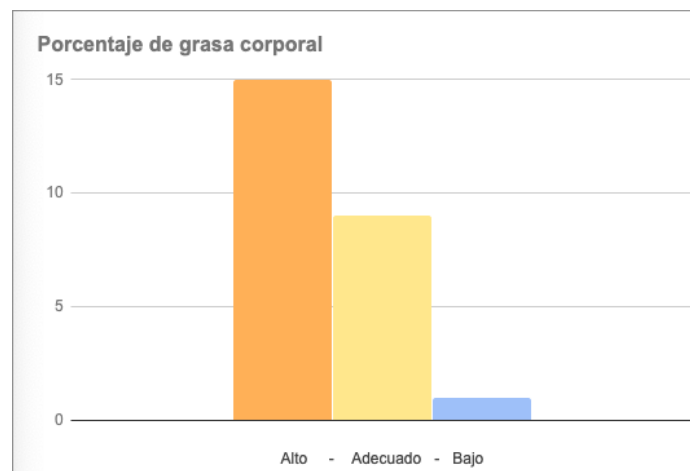


Figura 1.
Conclusión

Existe una estrecha relación entre el IMC y el porcentaje de grasa corporal con los hábitos nutricionales de la población estudiada. Hemos identificado que hay niños que presentan factores de riesgo para desarrollar enfermedades cardiovasculares en la adultez por sus malos hábitos alimenticios. Se debe fomentar una cultura nutricional basada en el trabajo intersectorial y multidisciplinario para incentivar hábitos de vida saludable con dietas adecuadas altas en frutas y verduras, así como promover hábitos de actividad física. También es importante que los padres participen en este proceso dado que ellos son los responsables de que los niños desarrollen esta cultura nutricional basada en hábitos saludables.

Financiación y agradecimientos

Referencias

1. Assessing and managing children at primary health-care facilities to prevent overweight and obesity in the context of the double burden of malnutrition UPDATES FOR THE INTEGRATED MANAGEMENT OF CHILDHOOD ILLNESS (IMCI) [Internet]. World Health Organization. 2017. 1-73 p. Disponible en: file:///C:/Users/zkara/AppData/Local/Temp/9789241550123-eng.pdf
2. Hernández GÁ. Obesidad infantil. Asoc Colomb Endocrinol [Internet]. 2010;11-4. Disponible en: <https://www.minsalud.gov.co/Documentos y Publicaciones/Obesidad infantil.pdf>
3. Oliosia Polyana Romano, Zaniquei Divanei, Alvim Rafael de Oliveira, Barbosa Miriam Carmo Rodrigues, Mill José Geraldo. Body fat percentage is better than indicators of weight status to identify children and adolescents with unfavorable lipid profile. J. Pediatr. (Rio J.) [Internet]. 2019 Feb [cited 2019 Dec 26]; 95(1): 112-118. Available from: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0021-75572019000100112&lng=en. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jped.2017.11.003>.

HISTOPLASMOSIS CÚTANEA PRIMARIA: UN REPORTE DE CASO

Castro C. Lina Paola¹. Gómez C. Carlos Fernando². Uhia G. Camilo Andrés³. Neri M. Constanza¹. Celis. Luis Gustavo¹.

¹Facultad de medicina, Universidad de La Sabana, Bogotá, Colombia.

²Universidad el Bosque. Hospital Santa Clara

³Universidad el Bosque. Hospital Santa Clara.

Correo electrónico: constanzane@unisabana.edu.co

Resumen

La histoplasmosis cutánea primaria, es una entidad rara, la mayoría de los casos ocurre por implantación traumática del agente etiológico en la piel evidenciando una lesión única de aspecto inespecífico. En el presente trabajo se presenta un rel caso de una paciente de 43 años, con una lesión cutánea positiva para esta entidad.

Palabras clave: Histoplasma capsulatum, histoplasmosis, biopsia de piel, Grocott, Amfotericina B.

Abstract

Primary cutaneous histoplasmosis is a rare entity, the majority of cases occur due to traumatic implantation of the etiological agent in the skin generating a unique lesion of non-specific appearance. A case report is presented of a 43-year-old patient, with a skin lesion positive for this disease.

Keywords: Histoplasma capsulatum, histoplasmosis, skin biopsy, Grocott, Amphotericin B.

Introducción

La histoplasmosis es una micosis producida por el Histoplasma capsulatum que afecta primordialmente el tracto respiratorio, pero también la piel, siendo este menos frecuente. El objetivo del presente trabajo es presentar el caso de una paciente femenina de 43 años de edad (1,2, 3).

Materiales y métodos

Como abordaje inicial con previo consentimiento informado de la paciente se realizó un examen físico para la elaboración de la historia clínica con toma de biopsia cutánea por el servicio de dermatología. Se realizaron cortes histológicos para coloraciones de H/E y Grocott.

Resultados y discusión

Los resultados obtenidos del examen físico señalan una lesión cutánea a nivel de fosa nasal izquierda asociada a congestión nasal y rinorrea (figura N| 1) con resultados de biopsia positivos para blastoconidias compatibles con Histoplasma capsulatum mediante la coloración Grocott (Figura N°2).

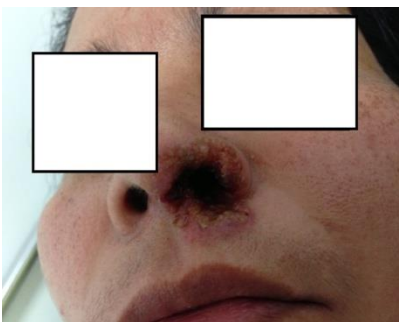


Figura 1. Hallazgos macroscópicos: Lesión eritematosa con escoriación y compromiso del cartílago del ala nasal izquierda

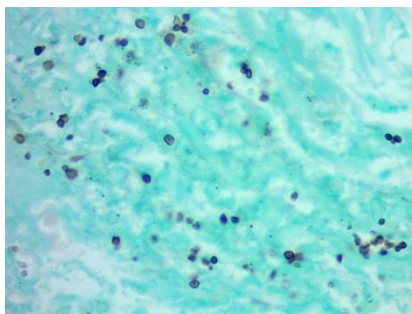


Figura 2. Blastoconidias compatibles con *Histoplasma capsulatum* (Coloración de Grocott, 100X)

Después de 8 días de tratamiento con Anfotericina B se realiza cambio de antibiótico a itraconazol con evolución satisfactoria. Se da de alta con tratamiento oral antimicótico por 12 horas por 12 semanas, no se evidenciaron factores de riesgo en este caso.

Conclusión

La histoplasmosis cutánea primaria es una enfermedad rara con presentación de una lesión única dermatológica de aspecto inespecífico. Suele afectar mayoritariamente a pacientes inmunosuprimidos y/o con factores de riesgo ocupacionales. En la literatura colombiana no se encontraron reportes de una paciente sin factores de riesgo.

Financiación y agradecimientos

Al hospital de Santa Clara de la ciudad de Bogotá, por concedernos el aval para el acceso a los datos de la historia clínica y paraclínicos de la paciente. A cada miembro del grupo de trabajo por la dedicación y apoyo que ofrecieron en la revisión.

Referencias

1. Tobón AM, Agudelo CA, Rosero DS. Disseminated histoplasmosis a comparative study between patients with acquired immunodeficiency syndrome and non-human immunodeficiency virus-infected individuals. *Am J Trop Med Hyg* 2005;73:576-82.

2. Johnson PC, Wheat LJ, Cloud GA, Goldman M, Lancaster D, Bamberger DM, Powderly WG, Hafner R, Kauffman CA, Dismukes WE, U.S. National Institute of Allergy and Infectious Diseases Mycoses Study Group. Safety and efficacy of liposomal amphotericin B compared with conventional amphotericin B for induction therapy of histoplasmosis in patients with AIDS. *Ann Intern Med.* 2002;137(2):105.
3. Goodwin RA Jr, Shapiro JL, Thurman GH, et al. Disseminated histoplasmosis: Clinical and pathologic correlations. *Medicine (Baltimore).* 1980;59:1-31

EVALUACIÓN ELECTROMIOGRAFÍA DE LOS MÚSCULOS DE LAS EXTREMIDADES SUPERIORES DURANTE EL PROCESO DE RECOLECCIÓN MANUAL DE CAFÉ

Olga Lucia Rendón^{1*}, Leonardo Augusto Quintana², Andrea González³, Patricia Landázuri⁴

¹Programa de Salud, Seguridad y Salud en el Trabajo. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad del Quindío. Quindío-Colombia

²Instituto de Ergonomía. Facultad de Ingeniería, Universidad Javeriana. Bogotá-Colombia.

³Instituto de Estadística Aplicada y Computación. Universidad de Los Andes. Mérida-Venezuela.

⁴Programa de Medicina. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad del Quindío. Quindío-Colombia.

* Correo electrónico: olgarendon@uniquindio.edu.co

Resumen

Este trabajo estudio por electromiografía, la carga que reciben los dedos de las manos de los recolectores de café durante su trabajo, encontrando que la mayor carga la recibe el músculo extensor carpi ulnar.

Palabras clave: café; recolectores; manos; muñeca, músculos.

Abstract

This work studied by electromyography, the load received by the fingers of the coffee harvesters during their work, finding that the greatest load is received by the carpi ulnar extensor muscle.

Keywords: Coffe, Harvesters, Hands, wrist; muscles

Introducción

Los trabajadores recolectores de café se encuentran expuestos a diferentes condiciones ergonómicas que impiden un desarrollo saludable de su actividad productiva. En Colombia no se ha desarrollado un estudio que evalúe las condiciones ergonómicas de la actividad desarrollado por los recolectores. El objetivo fue evaluar la actividad de algunos músculos de manos y brazos involucrados en el proceso de recolección del café. [1].

Materiales y métodos

Se realizó un estudio con electromiografías de superficie y frecuencia cardíaca a cuatro recolectores en fincas cafeteras del departamento del Quindío Los músculos evaluados fueron: extensor carpí radial, extensor carpí ulnar (ECU), flexor carpí radial (FCR), flexor carpí ulnar (FCU), bíceps (B), deltoides (D), extensor carpí radial no dominante (ECRND, bíceps no dominante (BND). [2].

Resultados y discusión

En términos generales los valores máximos en todos los músculos superan el 20% de contracciones máximo voluntarias. Siendo el músculo extensor carpí ulnar el más comprometido. [3].

Tabla 1. Resultados de la función de probabilidad de la señal microelectrónica (APDF)

Tarea	Músculo	ECR	ECU	FCR	FCU	B	D	ECR ND	BN D
Clasificación	Promedio	5,08 %	13,4 %	5,75 %	9,20 %	4,71 %	4,04 %	4,38 %	3,62 %
	Mínimo	0,29 %	1,46 %	0,36 %	0,45 %	0,17 %	0,37 %	0,34 %	0,17 %
	Máximo	37,6 %	75,7 %	74,4 %	51,4 %	26,6 %	33,5 %	56,51 %	28,9 %

ECR= extensor carpí radial; ECU= extensor carpí ulnar; FCR= flexor carpí radial; FCU= flexor carpí ulnar; B=bíceps; D=deltoideos; ECR ND = extensor carpí radial no dominante y BND = bíceps no dominante.

Conclusión

El trabajo de recolección manual de café tiene alta carga en los músculos evaluados, especialmente en flexor y extensor del carpo ulnar, que pueden afectar la salud de los trabajadores y por lo tanto su productividad. Es necesario implementar programas de pausa activas con ejercicios de recuperación de los músculos fatigados.

Referencias

[1] International Coffee Organization. (2014). Historical Data on the Global Coffee Trade. Recuperado el 11 de 08 de 2015, de International Coffee Organization: http://www.ico.org/new_historical.asp?section=Statistics

[2] Hermens, H. J., Freriks, B., Disselhorst-Klug, C., & Rau, G. (2000). Development of recommendations for SEMG sensors and sensor placement procedures. *J. Electromyogra Kinesiol*, 10(5), 361–374.

[3] Cantú, H., Emery, K., Côté JN (2014) Effects of additional external weight on posture and movement adaptations to fatigue induced by a repetitive pointing task. *Human Movemt Sci* 35, 1-16.

EFFECTO DEL CONSUMO DE *Passiflora edulis* SOBRE CREATININA Y LA TASA DE FILTRACIÓN GLOMERULAR EN VOLEIBOLISTAS DE SELECCIONES DEPORTIVAS UNIVERSITARIAS

Diana María García Cardona^{1,2}, Patricia Landázuri¹, Beatriz Restrepo Cortés^{1,2}, Oscar Eduardo Sánchez Muñoz²

¹Universidad del Quindío. Grupo de Investigación en Bioquímica de Enfermedades Cardiovasculares y Metabólicas (GECAVYME).

²Grupo de Investigación en Fisiología de la Actividad Física y la Salud (GIFAS).

*Correo electrónico: dmgarcia@uniquindio.edu.co

Resumen

El voleibol es un deporte de gran desgaste físico, lo que conlleva al incremento del estrés oxidativo. Varios estudios demuestran que la administración de antioxidantes como complemento, puede reducir la incidencia y la gravedad de las manifestaciones del sobreentrenamiento.

Palabras clave: Biomarcadores, Deportistas, Ejercicio físico, Mujeres, Músculo, Riñón.

Abstract

Volleyball is a sport of great physical wear, which leads to greater oxidative stress. Several studies show that the administration of antioxidants as a supplement can reduce the incidence and severity of overtraining manifestations.

Keywords: Athletes, Biomarkers, Kidney, Muscles, Exercise, Women.

Introducción

El voleibol universitario debido al nivel de entrenamiento genera estrés oxidativo. Un exceso de radicales libres puede disminuir el rendimiento deportivo, generando una posible sobrecarga muscular, fatiga o retraso en la recuperación. Una adecuada alimentación contribuye a disminuir los productos derivados del estrés oxidativo; un alimento antiestrés oxidativo es el fruto de la *Passiflora edulis*, ya que se ha comprobado in-vitro su alto contenido polifenólico. El propósito del estudio fue determinar el efecto del consumo de *Passiflora edulis* sobre la creatinina y la tasa de filtración glomerular (TFG) durante un microciclo de choque (M.Ch), en voleibolistas universitarios.

Materiales y métodos

Participaron 14 mujeres (edad: 19,5±2,89 años, estatura: 1,63±4,76 m, masa: 57,58±4,76 kg) voluntarias del equipo de voleibol de la Universidad del Quindío; las deportistas se dividieron aleatoriamente en grupo experimental (GE) y grupo placebo (GP), ambos grupos entraron al M.Ch. Durante los siete días del microciclo, GE consumió 4 ml/día de zumo de *Passiflora edulis* y GP recibió 4 ml de placebo (agua saborizada). Se tomaron 4 muestras sanguíneas durante los días 1, 4, 7 y 14.

Las variables antropométricas evaluadas fueron edad, masa, estatura, índice cintura cadera (ICC) e índice de masa corporal (IMC).

La Cr fue cuantificada por método enzimático colorimétrico (Wiener Lab®) y la TFG fue medida mediante la fórmula: Cockcroft-Gault ajustado por superficie corporal.

Resultados y discusión

Tanto en GE como en GP, el IMC se encontró en el rango considerado como normal y el ICC, en la clasificación de Durante el microciclo, la creatinina aumentó en los días 4 y 7 en GE (24.64% y 31.74% respectivamente), e igualmente en GP (30.12% y 37% respectivamente). En ambos grupos la creatinina descendió en el día 14.

La TFG disminuyó los días 4 y 7, incrementándose el día 14, en ambos grupos, se encontraron diferencias significativas tanto en GE como en GP al comparar el día 1vs4, y el día 7vs14.

Si bien en este trabajo no se observó un efecto del consumo de *P. edulis* sobre la función renal, a través de la Cr y la TFG, se conoce que la ingesta de nutrientes antioxidantes puede mejorar los sistemas de defensa antirradicales libres endógenos de los deportistas, contrarrestando los efectos negativos del daño oxidativo ocasionado por el entrenamiento.

Posiblemente no se encontró efecto del consumo del liofilizado sobre los marcadores estudiados porque la producción de radicales libres generados por ejercicio exhaustivo del microciclo supera la cantidad de antioxidantes aportados por los 4mg/mL del jugo de *P. edulis*.

Conclusión

No se encontró efecto del consumo de *P. edulis* sobre los biomarcadores evaluados durante el M.Ch, sin embargo, existe una generación aumentada de creatinina a partir de la creatina liberada por el músculo dañado; al disminuir la intensidad del entrenamiento, la creatinina y la TFG retornan casi a valores basales.

Financiación y agradecimientos

Este proyecto es financiado por Colciencias.

Se agradece a los deportistas y entrenadores que participaron en la investigación

Referencias

1. González N y Rivas A. Actividad física y mujer. (2018). Rev Colomb Cardiol. 25 (S1): 125-131.
2. Buonocore D, Negro M. Anti-inflammatory dietary interventions and supplements to improve Performance during athletic training. J Am Coll Nutr. 2015;34(1):62-7.
3. Gholami M y Ardestani M. (2018). Effects of Quercetin Supplementation on Exercise Induced Inflammation and Immune Cell Changes After Exhausting Swimming in Adolescent GirlsAsian J Sports Med. 9(3): 1-7

**PONENCIAS
ENSEÑANZA DE LAS
CIENCIAS
BIOLOGICAS**

EL COMPONENTE SOCIAL: CONECTOR CLAVE EN LOS PROCESOS DE LA ECOLOGÍA DE LA RESTAURACIÓN Y LA RESTAURACIÓN ECOLÓGICA

Angélica María Acero Nitola*, Carlos Andrés Villate Suárez, Francisco Cortés Pérez

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

*Correo electrónico: angelmaracenito3@gmail.com

Resumen

El páramo Pan de Azúcar ha sido deteriorado por actividades antrópicas que han contribuido a la disminución de su laguna generando escasez hídrica en el municipio de Duitama. El objetivo fue vincular a la comunidad rural y urbana del área de influencia del páramo en el proceso de recuperación del agua de su laguna. La metodología consistió en trabajar con 4 tipos de comunidades: líder (Juntas de acción comunal), educativa, general y funcionarios de entidades de los cuales se conformaron 11 grupos focales para desarrollar talleres ambientales y entrevistas semiestructuradas. Se contó con la participación de 138 personas, los niños y adultos identificaron los recursos naturales y los problemas ambientales que afectan a sus ecosistemas y aprendieron las herramientas que ofrece la ecología de la restauración para apoyar la recuperación de su territorio.

Palabras clave: Participación social, Instituciones educativas, Talleres ambientales, Comunidad Rural, Ecología de la restauración, Páramo Pan de azúcar

Abstract

The Pan de Azúcar paramo has been deteriorated by anthropic activities that have contributed to the diminution of its lagoon generating water shortages in the municipality of Duitama. The objective was to link the rural and urban community of the páramo area of influence in the process of recovering the water from its lagoon. The methodology consisted of working with 4 types of communities: leader (Community Action Boards), educational, general and officials of entities of which 11 focus groups were formed to develop environmental workshops and semi-structured interviews. 138 people participated, children and adults identified the natural resources and environmental problems that affect their ecosystems and learned the tools offered by the ecology of restoration to support the recovery of their territory.

KeyWords: Social participation, Educational institutions, Environmental workshops, Rural Community, Restoration ecology, Páramo Pan de Azúcar

Introducción

Las juntas de acción comunal, acueductos veredales, pobladores, Instituciones educativas y funcionarios del área del páramo pan de azúcar, Duitama-Boyacá son los actores sociales que deben hacer parte del proceso de restauración ecológica de sus ecosistemas. La recuperación del agua de la laguna requiere unir esfuerzos de los

actores, generar participación activa y compromiso para apoyar estrategias experimentadas en la ecología de la restauración (Atrapanieblas y plantación de especies nativas). La comunidad brinda el conocimiento ecológico tradicional para apoyar las estrategias, y con su participación en talleres se evalúa su percepción, los cambios y propuestas para mejorar su territorio [1].

Materiales y métodos

Se organizaron talleres dirigidos a la comunidad rural y urbana del área de influencia del páramo Pan de Azúcar, se inició con el recorrido y reconocimiento de 6 veredas distribuidas en 4 corregimientos del municipio de Duitama y 3 veredas del municipio de Santa Rosa de Viterbo. En ellas se realizó la identificación de los diferentes actores institucionales, sociales, y los diferentes segmentos de población, los cuales fueron registrados a través de un diálogo semiestructurado con cartas y portafolios de presentación cuyo contenido mostraba los objetivos del proyecto y el interés de trabajar con la comunidad. Para abordar a la comunidad se implementó la metodología de Geilfus (2002) [2], quien propuso una escalera de participación. Se plantearon diferentes temáticas y enfoques en los talleres, los cuales se desarrollaron con la comunidad general, líder y funcionarios de Corpoboyacá y Empoduitama e instituciones educativas [2].

Resultados y discusión

Participaron 138 personas entre todos los grupos focales, la mayor asistencia se evidenció en la comunidad educativa con 88 de preescolar y primaria, 29 personas de la comunidad líder de las juntas de acción comunal, 13 habitantes de la comunidad general y 8 funcionarios entre Corpoboyacá y Empoduitama. La experiencia del trabajo con la comunidad rural y urbana del área de influencia del páramo Pan de Azúcar fue realmente enriquecedora y retroalimenta el enfoque que diferentes autores han querido darle a la participación social en los proyectos de restauración ecológica. Méndez et al., (2017) [3], manifiestan que la participación social es importante porque constituye el ladrillo y a la vez el motor de operación de las iniciativas en los proyectos con miras a la restauración ecológica. Asimismo, indican que los actores locales con su conocimiento empírico y valores, la orientación interinstitucional y el planteamiento de iniciativas son la fórmula que asegura el éxito de la restauración a largo plazo. Nadie mejor que la comunidad para conocer acerca de la historia, comportamiento y dinámicas de cambio (vegetación y fauna) de sus ecosistemas, y nadie mejor que el investigador desde su profesión para generar las pautas que busquen desarrollar los proyectos.



Figura 1. Red de alianzas entre los diferentes actores sociales participantes en el proyecto de ecología de la restauración para la recuperación de la laguna pan de azúcar.

Conclusión

Los talleres con la comunidad del páramo Pan de Azúcar han sido fundamentales para comprometerla y garantizar el éxito en la recuperación de la laguna. Lograr que la comunidad se apropie del proceso, continúe y lo replique en otras áreas de páramo es uno de los resultados anhelados del proyecto.

Financiación y agradecimientos

Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación – MinCiencias, Gobernación de Boyacá, Empoatutama S.A. E.S.P., Corpoboyacá, ONG Tibaira, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia – UPTC, Grupo de Investigación Unidad de Ecología en Sistemas Acuáticos - UDESA – UPTC, Habitantes de las veredas del municipio de Duitama y Santa Rosa.

Referencias

[1]. Malambo N, Merlo A & Barrera I (2018). Capítulo 8 Percepción social de la restauración ecológica en el PFEN, En: Basto, S., A. C. Moreno-Cárdenas y J. I. Barrera-Cataño (eds.) 2018. Restauración ecológica en áreas post-tala de especies exóticas en el Parque Forestal Embalse del Neusa. Bogotá: Editorial Pontificia Universidad Javeriana / Corporación Autónoma Regional de Cundinamarca. 205-220.

[2] Geilfus, F., 2002. 80 herramientas para el desarrollo participativo: diagnóstico, planificación, monitoreo, evaluación - San José, C.R.: IICA.

[3] Méndez M, Martínez C, Cecon E y Guariguata M. R., (2017). Planes actuales de restauración ecológica en Latinoamérica: Avances y omisiones. Revista de Ciencias Ambientales (Trop J Environ Sci). (Julio-Diciembre, 2017). ISSN: 2215-3896. Vol 51(2): 1-30.

CRECIMIENTO DEL MICRO HONGO *Penicillium sp* UNA RESPUESTA ANTE LOS CAMBIOS DE TEMPERATURA - DISEÑO EXPERIMENTAL

Nicolas Palacios, Alexander Alarcon

Universidad Pedagógica Nacional. Correo electrónico: nepalacios@gmail.com

Resumen

El presente artículo pretende aportar a la comprensión del patrón irritabilidad a la temperatura, a través del montaje de un diseño experimental, en el que se logre observar cómo un organismo, (micro hongo *Penicillium sp*) reacciona ante los cambios de temperatura evidenciados en su tamaño y coloración.

Palabras Clave: Temperatura, Irritabilidad, Micro hongo.

Abstract

This article aims to provide an understanding of the irritability pattern at temperature, through the assembly of an experimental design, in which it is possible to observe how an organism, in this case the micro-fungus *Penicillium sp*, reacts to the changes in temperature evidenced in its size and coloring.

Keywords: Temperature, Irritability, micro mushrooms.

Introducción

El objetivo de esta experimentación fue identificar como el micro hongo *Penicillium sp* reacciona a un estímulo como la irritabilidad que para Campbell, & Reece (2007) está constituida por la reacción a ciertos estímulos del ambiente, en este caso se pretenderá observar los cambios tanto de coloración y de tamaño de un microhongo que se encuentra en nuestra cotidianidad, para lo cual se utilizó una metodología cuasi experimental y un enfoque cuantitativo teniendo en cuenta que es un proceso de recolección, análisis y vinculación de datos cuantitativos y cualitativos en un mismo estudio.

Materiales y Métodos

Hipótesis La tasa de crecimiento del Hongo *Penicillium sp*. varía considerablemente a las temperaturas en las que se encuentran; por tanto, a mayor temperatura, mayor es la tasa de crecimiento del mismo. Para la realización de este proyecto se tuvieron en cuenta dos variables, una dependiente y una independiente. Variable dependiente Temperatura: Del lat. *temperatūra*. 1. f. Magnitud física que expresa el grado o nivel de calor de los cuerpos (RAE, 2014) Variable independiente Crecimiento: El crecimiento puede definirse como: “movimiento de la materia viva que se desplaza en el tiempo y en el espacio. (Torres, 2002) De tal modo que se trabajara el crecimiento según las temperaturas a las cuales se someterán los cultivos de este hongo.

Resultados y Discusión

A pesar de que el hongo *penicillium* se desarrolla en diferentes ambientes se logró identificar que a diferencia de lo que indica la teoría el hongo pudo desarrollarse a una temperatura de 32°C lo cual puede ser explicado por la aceleración de sus procesos metabólicos de esta manera su crecimiento exponencial fue más veloz y llegó a su etapa estacionaria más rápidamente. Según los resultados se pudo observar que este hongo tenía una temperatura óptima de 32°C a diferencia de lo que planteaba la teoría que su rango óptimo estaba entre los 23-28°C. Por último, se determinó que al ser más maduras las colonias, como se ve en su coloración iba cambiando excepto en un cultivo como se evidencia en la Gráfica 2 el de 4°C puesto que este presentaba una coloración verde grisácea en casi toda la superficie y un aro blancuzco en su interior, lo que puede tomarse como un factor que indica que las colonias no crecen radial y proporcionalmente, si no que puede madurar por decirlo de algún modo por partes hasta completar su ciclo de vida.

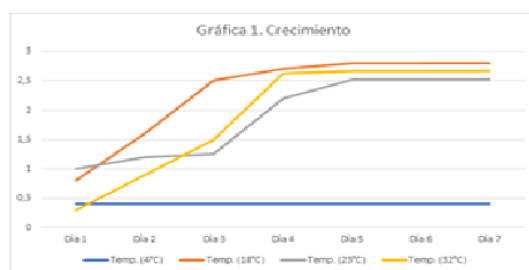


Figura 1.

Conclusión

Se pudo evidenciar que el hongo si responde a un estímulo como lo es la temperatura ya que a mayor temperatura su crecimiento va ser un poco más veloz y a temperaturas bajas más lento.

Financiación y Agradecimientos

El presente trabajo tuvo el acompañamiento y asesoría de los docentes del eje curricular de quinto semestre de la licenciatura en biología de la Universidad Pedagógica Nacional.

Referencias

- Campbell, & Reece (2007) *Biología de Campbell*, séptima edición, (páginas 604- 608) editorial médica panamericana.
- Curtis, B., & Schnek, M. (2008). *Biología de Curtis*. En C. Barnes, & M. Schnek, *Biología de Curtis* (págs. 495-520). Médica Panamericana.
- DATABIO. 2016. *Penicillium spp.* Instituto Nacional De Seguridad E Higiene En El Trabajo. Fichas de agentes biológicos. DB-H-P.spp-16.

DISEÑO DE MATERIAL DIDÁCTICO PARA LA ENSEÑANZA DE LA MORFOLOGÍA EN COLOMBIA Y MÉXICO

Andrés Fernández-Sánchez, Leonardo Beltrán-Angarita, Bernardo García-Garces,
Gustavo Salazar-López, Harold Medina-Suarez

Unidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia. Correo electrónico:
afernandezs@uceva.edu.co

Resumen

Dentro del laboratorio de morfología no todo es material anatomopatológico, se describe a continuación el empleo de modelos anatómicos en barbotina como complemento a las sesiones de anatomía macroscópica practica en diversas carreras de las Ciencias de la salud y de las ciencias de la vida.

Palabras Clave: Modelos, Sesiones prácticas, Ciencias de la vida.

Abstract

Within the morphology laboratory, not everything is anatomopathological material, the use of anatomical slip models is described below as a complement to the macroscopic anatomy sessions practiced in various careers of the Health Sciences and Life Sciences.

Keywords: models, sessions practiced, Life Sciences.

Introducción

Uno de los inconvenientes que se tienen en la asignatura de Anatomía es el olor producido por los vapores de formol con el cual se vienen elaborando las diferentes piezas anatómicas; este producto tiene la ventaja de fijar muy bien los tejidos, evitar su descomposición y tener un precio aceptable en el mercado. Por lo tanto, se han diseñado diversos modelos anatómicos a escala que cumplen con los estándares anatómicos requeridos por diversas instituciones de enseñanza de ciencias de la salud [1].

Materiales y Métodos

Se generaron modelos a escala de cabeza humana con sus respectivos músculos, de cortes de faringe y de huesos del miembro superior, todos a partir de impresiones en alginato y yeso. En el laboratorio de modelos anatómicos de la Unidad Central del Valle del Cauca, se replicaron los moldes en barbotina con fibra de vidrio los cuales se llevaron a la técnica de cocción a 500 °C. Seguidamente estos materiales se distribuyeron en Universidades nacionales y de Zacatecas en México, donde fueron empleados y validados por los docentes y estudiantes a partir de su utilización en las sesiones prácticas. El material empleado fue pintado por los estudiantes obteniendo una diferenciación de las diversas estructuras anatómicas, se realizaron videos de

descripciones y trivias con los recursos obtenidos como actividad de trabajo independiente. [2].

Resultados y Discusión

La implementación de modelos anatómicos a escala permitió el desarrollo de actividades de laboratorio y de trabajo independiente con alta eficacia y eficiencia. Por una parte, los modelos anatómicos permiten sustituir el empleo de material anatomopatológico y proteger al máximo aspectos de necroéticos en los ambientes universitarios de pregrado; por otra parte, facilitó el trabajo en casa por parte de los estudiantes “al poder llevar a casa las réplicas para su estudio y apropiación artística”. Se reportó que el 100% personas que emplearon este material didáctico lograron los objetivos de reconocimiento de estructuras. Al analizar cada una de las réplicas, se observó una adecuada fidelidad con respecto a la pieza original.

Conclusión

El uso de modelos anatómicos obtenidos a partir de la aplicación de la técnica en barbotina permite reducir al mínimo la exposición a productos tóxicos como el formaldehído y el fenol por parte del alumnado y profesorado de centros universitarios.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos a la Universidad Central del Valle del Cauca por su inversión en el laboratorio de réplicas anatómicas y al Laboratorio de Morfología de la Universidad Autónoma de México UNAM por su colaboración en la estandarización de la técnica presentada.

Referencias

BICKLEY, H.C., VON HAGENS, G., & TOWNSEND, F.M. (2018). An improved method for the preservation of teaching specimens. *Arch Pathol Lab Med*, 405,674-676.

DELGADO-ROSAS, M.; GORROSTIETA-HURTADO, E.; RAMOS-ARREGUÍN, J.M.; PEDRAZA-ORTEGA, J.C.; ACEVES-FERNÁNDEZ, M.A. 2019. Obtención de Modelos en resina epóxica de un fémur. *Memorias del XV Congreso Internacional Anual de la SOMIM, Cd. Obregón, Sonora, septiembre 2019. 10p.*

VILLARROEL GUERRA, M.; MEDINA OTAZO, E. 2011. Técnica anatómica para restaurar y/o reproducir piezas óseas humanas de difícil obtención, para la investigación y docencia científica. *Int. J. Morphol.* 29(2):532-536.

DIDÁCTICA DE LAS CIENCIAS NATURALES PARA LA PREVENCIÓN DE ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES

Andrés Fernández-Sánchez, Leonardo Beltrán-Angarita, Bernardo García-Garces,
Paola-Andrea Fontal-Vargas, Harold Medina-Suarez

Unidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia. Correo electrónico:
afernadezs@uceva.edu.co

Resumen

Se describe el uso del modelo de corazón porcino a través de la técnica de inyección corrosión permite aplicar conceptos propios de la enfermedad coronaria al ser sometido a la técnica de inyección corrosión y emplearse como insumo para la educación en salud.

Palabras Clave: biomodelos, enfermedad cardiovascular, educación en salud.

Abstract

The porcine biomodel has been used for the study of cardiovascular entities. The use of the porcine heart model is described through the corrosion injection technique, it allows applying concepts of coronary disease when subjected to the corrosion injection technique and used as an input for health education.

Keywords: models, cardiovascular, diseases, health education.

Introducción

Los modelos animales son empleados en la investigación biomédica para explicar diversos fenómenos, el biomodelo porcino ha sido utilizado para el estudio de entidades cardiovasculares como la formación de placas ateromatosas en las arterias coronarias. Nos propusimos demostrar como la técnica de inyección corrosión aplicada al modelo de corazón porcino permite describir la formación de una placa ateromatosa, como de igual manera como el empleo de estos biomodelos permite ser un material didáctico para la sensibilización en actividades de prevención y promoción en la salud cardiovascular de la población [1].

Materiales y Métodos

Por medio de la aplicación de la técnica de inyección corrosión, se preservaron 30 especímenes de corazones porcinos frescos raza PIG. Usando sonda Nelaton se inyectó manualmente la solución de acrílico autopolimerizante y su respectivo disolvente, mezclados con pintura metálica color rojo fiesta con un tiempo máximo de 1 minuto, estos se llevaron a un embolo de jeringa de 20 mililitros, hasta observar repleción y coloración en el lumen de la ACD. marginal(es) derecha(s), IVSS, ACI, , ACx, marginal(es) izquierda(s), RPL y RI en caso de estar presente. Una vez obtenidos los modelos anatómicos vasculares, estos fueron pintados con pintura acrílica en lugares específicos para describir lesiones coronarias. se realizó una ruta didáctica de la prevención de

enfermedad cardiovascular donde se emplearon estos modelos para sensibilizar a la población en términos de autocuidado [2].

Resultados y Discusión

En los últimos años, en Colombia, los estudios directos realizados mediante disección de corazones extraídos de cadáveres humanos, se han dificultado, debido a las restricciones de carácter legal, recurriendo a los estudios descriptivos y reportes de casos a partir de los resultados de estudios imagenológicos que hacen parte integral de la historia clínica del usuario. El empleo de estos modelos permitió una interacción más directa con las personas a quienes a través del programa de prevención de enfermedades cardiovasculares se les sensibilizó sobre el autocuidado [3].

Conclusión

El uso de técnicas anatómicas como parte de la didáctica de las ciencias de la vida son herramientas útiles en ambientes de educación en salud, para lograr una mejor comprensión de los fenómenos patológicos que al hacerlos visibles generan un impacto de sensibilización ante su estilo de vida.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos a la Universidad Central del Valle del Cauca por su inversión en el laboratorio Morfología a través de la línea de investigación en cuidado cardiovascular y al Laboratorio de Morfología de la Universidad Autónoma de México UNAM por su colaboración en la estandarización de la técnica presentada.

Referencias

Crick S, Sheppard M, Ho S, et al. (2008). Anatomy of the pig heart: comparisons with normal human cardiac structure. *J Anat.* 93:105-19. DOI:10.1046/j.1469-7580.1998.19310105.x.

Organización Mundial de la Salud. epidemiología básica y vigilancia de la salud. (2004). Módulos de epidemiología básica y vigilancia de la salud. Módulo 2, tipos de estudios epidemiológicos. Segunda Edición. Argentina.

Tsioufis K, Latsios G, Tousoulis D, et al. (2010) Anomalous common origin of all coronary arteries with a common ostium from the left sinus of Valsalva. *Int J of Cardiol.*; 139:47-9. DOI:http:// dx.doi.org/10.1016/j.ijcard.2008.11.024.

ESTUDIO DE CASO Y JUEGO DE ROLES COMO HERRAMIENTAS PARA EL APRENDIZAJE DE LAS PLANTAS EN 1° DE PRIMARIA

Gina Alejandra González Caro, Claudia Alejandra Idrobo Montañez

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Correo electrónico: ginalejandra.gc@gmail.com

Resumen

El estudio de caso y el juego de roles son herramientas didácticas eficaces para el aprendizaje de las plantas. Debido a que, al realizar transposición didáctica, desde estas estrategias, se llevó a los estudiantes a la contextualización y análisis, de las principales características de las plantas y su importancia, teniendo en cuenta que del 100% de los participantes de 1° de primaria, el 96% identificaron las partes de las plantas, asociaron sus funciones y generaron un aprendizaje significativo.

Palabras clave: Didáctica, importancia, roles, partes, plantas.

Abstract

The case study and role play are effective teaching tools for plant learning. Due to the fact that, when carrying out didactic transposition, from these strategies, the students were led to the contextualization and analysis of the main characteristics of the plants and their importance, taking into account that 100% of the participants of 1st grade, 96% identified the parts of the plants, associated their functions and generated significant learning.

Keywords: Didactics, importance, roles, parts, plants.

Introducción

El docente tiene la figura de transmisor y el estudiante el papel de transcriptor de los conocimientos dados por el profesor, en las aulas de clase de las instituciones de educación formal actual. Generando monotonía en el desarrollo de las temáticas y pérdida del interés en los estudiantes (Mora & Camacho, 2019). Es por esto, que se diseñan e implementan, tres estudios de caso y tres juegos de roles, para desarrollar un aprendizaje significativo de las partes, funciones e importancia de las plantas, en los estudiantes de 1° de primaria de una IE del departamento de Santander - Colombia. [1].

Materiales y métodos

Este estudio es mixto, con un alcance descriptivo (Hernández, Fernández y Baptista, 2010). Se realizó un pre-test para identificar el conocimiento de los estudiantes, con los resultados obtenidos y partiendo de la reducción y diferencia de contextos de los estudiantes, generada por la educación virtual. Se diseñaron tres estudios de caso (granjero, científico y consumidor) y tres juegos de roles (vendedor, periodista y ambientalista) (Sosa, 2017), donde se abordaron las partes, funciones e importancia de las plantas. Estas estrategias, fueron aplicadas a 22 participantes en edades de 6 y 7

años, durante ocho sesiones de clases virtuales, por medio de la plataforma Zoom, en los meses de marzo a mayo de 2020. En cada sesión se realizó y evaluó una actividad escrita para identificar el conocimiento adquirido. [2].

Resultados y discusión

Del primer estudio de caso y juego de rol implementado, donde los estudiantes debían llegar a la identificación de las partes de la planta, se logró obtener que del 100% el 90% reconocieron a la flor, el fruto, la raíz y el tallo. Para el segundo caso y juego de rol, el 92% de los estudiantes nombraron funciones de las partes de las plantas, como el transporte de nutrientes, elaboración del alimento entre otras y del tercer caso y juego de rol el 91% de los estudiantes reconocieron la importancia de las plantas en la producción de alimentos, oxígeno e insumos madereros y textiles. [3].

Conclusión

El estudio de caso y juego de rol como estrategias para el aprendizaje, llevaron a los estudiantes al análisis y reflexión, generando un aprendizaje significativo y contextualizado sobre las partes de las plantas, su función e importancia de las especies más cercanas, por el papel ecológico que cumplen y su disposición como recurso para los seres humanos.

Financiación y agradecimientos

A la comunidad educativa de la IE, quienes apoyaron y participaron en el desarrollo del proyecto.

Referencias

Hernández Sampieri, R., Fernández Collado, C., & Baptista Lucio, P. (2010). Fundamentos de metodología de la investigación.

Mora Márquez, M., & Camacho Torralbo, J. (2019). Classcraft: inglés y juego de roles en el aula de educación primaria. *Apertura* (Guadalajara, Jal.), 11(1), 56-73.

Sosa Mora, E. (2017). Learning collaborative by means of a case study and role-play applied in the course finance analysis, Business School, Universidad de Costa Rica. *Tec Empresarial*, 11(2), 41-53.

¿POR QUÉ ES TAN DIFÍCIL ENCONTRAR UNA VACUNA EN MALARIA? PRODUCCIÓN DE CONTENIDO AUDIOVISUAL COMO PROFUNDIZACIÓN DE AULA.

Frank Suaza, Diana Jaramillo, Luz Triana

Grupo de Investigación en epidemiología y servicios-GRIEPIS, Universidad Libre, Cali.
Correo electrónico: frank.2000@hotmail.es

Resumen

La malaria es una enfermedad parasitaria que se resume en tres ciclos (Esporogónico, Exo-Eritrocitario, Eritrocitario). (1) A pesar de los adelantos en investigación, aun no se encuentra una vacuna. Este video es una revisión realizada por estudiantes de medicina, donde se genera un espacio de reflexión-científico, usando medios masivos de comunicación.

Palabras Clave: malaria, Plasmodium, vacuna, video, youtube.

Abstract

Malaria is a disease that is summarized in three cycles (Sporogonic, Exo-Erythrocyte, Erythrocyte). Despite advances in research, a functional vaccine is not yet found. This video is a review done by students of medicine and a space for scientific reflection, using mass media.

Keywords: malaria, Plasmodium, vaccine, video, youtube.

Introducción

La malaria es generada por Plasmodium, el ciclo parasitario ocurre en tres fases, dentro del mosquito, en el hígado del hospedero y finalmente en el eritrocito, pensando en estas fases se han intentado desarrollar diversas vacunas (2). En esta estrategia pedagógica, se inicia con aula magistral, seguida de una revisión sistemática por parte de los estudiantes y la selección de un artículo que permite responder a la pregunta ¿Por qué es tan difícil una vacuna en malaria? Tras la selección del artículo, los estudiantes analizan y sintetizan la información en un libreto y video que servirá de material de estudio (2).

Materiales y Métodos

Se realizó una búsqueda en las bases de datos, PubMed y Google Scholar. Donde se seleccionaron 51 artículos de Manuel Elkin Patarroyo, publicados desde 1986 hasta 2017, de estos artículos se eligió el titulado Vaccines against Plasmodium vivax: a research challenge, un artículo de revisión publicado en el 2012. (2) Vaccines against Plasmodium vivax: a research challenge, habla acerca de lo ocurrido con las vacunas antes realizadas y sus respectivos resultados. Este artículo también muestra todas las posibles moléculas que se pueden encontrar en la superficie del Plasmodium vivax y Plasmodium falciparum y ser candidatas a una futura vacuna. (2).

Resultados y Discusión

Se realiza una revisión bibliográfica, se sistematiza los artículos en una base de datos y se discute en grupo los artículos encontrados para la selección del documento base. Esta etapa que se ejecuta en 3 meses, finaliza en la elaboración de un libreto para el programa ¿sabías qué? Que se transmite en el canal de youtube de la Universidad Libre, Seccional Cali. En este capítulo se inicia con la información dada en el aula acerca del ciclo exo-eritrocitario (1), y los estudiantes profundización en los mecanismos moleculares de la infección, material que será de apoyo de estudio. El link donde se puede acceder es <https://www.youtube.com/watch?v=Fno8xrEF-DY&list=PL0r0hq66xPFr9H8YCnpQmFkwzliCGYIt&index=3&t=0s>.



Conclusión

Las aulas magistrales acompañadas de estrategias de divulgación científica, permiten a los estudiantes analizar, profundizar y sintetizar información con un propósito de adquisición del conocimiento colectiva.

Financiación y Agradecimientos

A la Universidad Libre Seccional Cali y a Vicente por su arduo trabajo de edición.

Referencias

1. OMS | Paludismo [Internet]. WHO. [citado 11 de febrero de 2020]. Disponible en: <http://www.who.int/topics/malaria/es/>
2. Patarroyo MA, Calderón D, Moreno-Pérez DA. Vaccines against Plasmodium vivax: a research challenge. Expert Rev Vaccines [Internet]. 1 de octubre de 2012 [citado 11 de febrero de 2020];11(10):1249-60. Disponible en: <https://doi.org/10.1586/erv.12.91>

INTERVENCIÓN EDUCATIVA SOBRE TRANSMISIÓN HÍDRICA DE *Toxoplasma gondii* EN UNA COMUNIDAD RIBEREÑA DEL RÍO QUINDÍO

Fabiana Maria Lora Suarez¹, Benyi Juliana Marin Gallego¹, Paola Andrea Toloza Beltrán¹, Natalia Marcela Hernandez Arango¹, Valeria Alejandra Pinto Duarte¹, Jorge Enrique Gómez-Marin¹, Erika Fernanda Lora-Suárez²

¹Universidad del Quindío, grupo GEPAMOL, Línea de Investigación en Protozoos de transmisión alimentaria e hídrica y su presencia en medio ambiente de alta montaña, Armenia, COL, Carrera 15 #12N. Correo electrónico: flora@uniquindio.edu.co

²Profesional en trabajo social, Universidad del Quindío, Armenia, COL

Resumen

La preservación del recurso hídrico es una de las mayores preocupaciones a nivel global por ello se pretendió realizar talleres en la comunidad, en donde se evaluó el porcentaje de apropiación social por medio de encuestas, obteniendo un resultado positivo de 73% en las personas que participaron del programa.

Palabras Clave: agua, microorganismos, participación.

Abstract

The preservation of the water resource is one of the biggest concerns at a global level, that is why we tried to carry out workshops in the community, where the percentage of social appropriation was evaluated by means of surveys, obtaining a positive result of 73%.

Keywords: microorganisms, participation, water.

Introducción

El recurso hídrico representa una preocupación a nivel global debido a su creciente deterioro relacionado con el desarrollo económico, el crecimiento poblacional y el uso del mismo como medio de eliminación [3], debido a estas problemáticas en la ciudad de armenia se ha reportado la prevalencia de toxoplasmosis mediante la ingesta de agua y alimentos contaminados que supera el 50%, siendo una de las problemáticas a las que se está enfrentando la salud pública, por tal motivo se planteó desarrollar una estrategia educativa en torno al agua como fuente de transmisión de microorganismos patógenos mediante el consumo de agua contaminada.

Materiales y Métodos

Esta estrategia fue realizada en la vereda “La explanación”, ubicada en el municipio de Salento, Quindío, la intervención a la comunidad se realizó mediante 6 etapas. 1. Caracterización demográfica de la comunidad mediante encuestas casa por casa para determinar algunos aspectos socio-económicos, académicos y culturales. 2. Invitación formal y personal a la estrategia educativa ambiental denominada “Guardianes del

agua” 3. Evaluación previa de saberes propios mediante una encuesta y actividades de socialización referentes a problemáticas ambientales presentes en la comunidad. 4. Estructuración de talleres en base a las respuestas y problemáticas de la etapa 3 e inicio de la intervención educativa sobre microorganismos patógenos. 5. Finalización de talleres y evaluación final aplicando la encuesta de la etapa 3. 6. Análisis de resultados mediante el software Excel, el cual se realizó teniendo en cuenta las preguntas buenas y malas que se respondieron antes y después de la intervención.

Resultados y Discusión

Etapa 1: Se logró encuestar al 65.85% de la población. Del total de los encuestados el 4.5% no sabían leer y escribir. Alrededor del 46% habían accedido a una formación básica secundaria y solo el 2% no tenían ningún tipo de formación académica. Etapa 2: El 55% de las personas se vincularon al proceso y el 45% restante no atendieron nuestra visita o se negaron a participar. Etapa 3: La comunidad expresó que la mayor problemática en la vereda eran las basuras, la contaminación del afluente hídrico por diferentes actividades y la presencia de animales domésticos en las calles. Etapa 4, 5 y 6: Del 55% de las personas que iniciaron los talleres el 39% lograron culminar el proceso. De este porcentaje se obtuvo que el 73% de los participantes tuvieron un cambio positivo en su conocimiento durante el proceso, este resultado se puede deber a la implementación de recursos audiovisuales debido a que estudios de psicología en educación han demostrado que utilizar esta clase de medios en el proceso de enseñanza-aprendizaje, permite que la persona asimile una gran cantidad de información al percibir de forma simultánea a través de dos sentidos (vista y oído) [1].

Conclusión

Con la estrategia educativa se logró corregir algunos mitos y conocimientos erróneos acerca de los microorganismos presentes en el agua, así como fortalecer conocimientos previos sobre sanidad ambiental, prevención de enfermedades y manipulación de alimentos.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por Minciencias en el marco del programa CTeI: Fortalecimiento De Programas Y Proyectos De Investigación En Ciencias Médicas Y De La Salud, Con Talento Joven E Impacto Regional. Agradecemos a la comunidad de la vereda La Explanación por su amable acogida, al departamento de recursos audiovisuales, a la vicerrectoría de investigación de la Universidad del Quindío.

Referencias

- [1] Barros Bastida, C., & Barros Morales, R. (2015). Los medios audiovisuales y su influencia en la educación desde alternativas de análisis. *Revista Universidad y Sociedad* [seriada en línea], 7 (3). pp. 26-31. Disponible en: <http://scielo.sld.cu/pdf/rus/v7n3/rus04315.pdf>. Consultado: 28/08/2019.
- [2] Marín, A. (2012). Apropiación social del conocimiento: Una nueva dimensión de los archivos. *Revista Interamericana de Bibliotecología* (1), 55.
- [3] Pabón, R. (2018). Apropiación social del conocimiento: una aproximación teórica y perspectivas para Colombia. *Educación y Humanismo*, 20(34), 116-139.

UTILIDAD DE LAS SALIDAS DE CAMPO COMO ESTRATEGIA DIDÁCTICA EN IDENTIFICACIÓN DE PROBLEMAS DE CONSERVACIÓN DE ESPECIES

Julieth Celis-Hernández¹, Paula Cano-Quintero¹, Karenlyn Díaz-López¹, Shirley Pitalúa¹, Jonathan González-Bonilla¹, Carlos Arturo Amado¹, Carolina Torres Jiménez¹, Liz Villabona Arenas¹, Elson Ferley Meneses Pelayo², Fernando Rondón González³

¹Estudiantes Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga – Colombia.

²Biólogo, Estudiante Maestría en Biología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga – Colombia.

³Profesor Titular, Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga – Colombia. Correo electrónico: ferongon@uis.edu.co

Resumen

La línea de profundización de Análisis Poblacional de la Universidad Industrial de Santander incluye estrategias didácticas para desarrollar competencias como la interpretación de los principios generales básicos y la naturaleza de las poblaciones a conservar; para el cumplimiento de estos logros, las salidas de campo han demostrado ser altamente satisfactorias.

Palabras Clave: Estrategia didáctica, salida de campo, enseñanza.

Abstract

The population analysis course of the biology bachelor at Universidad Industrial de Santander establishes didactic strategies with aim of developing skills such as the interpretation of their general principles and the nature of the populations to be conserved; for the fulfillment of these achievements, field trips have proven highly satisfactory.

Keywords: Establishes didactic, field trips, teaching.

Introducción

La interpretación de los principios generales de la genética de la conservación y la naturaleza de las poblaciones a conservar, son competencias que desarrollan los estudiantes que cursan la línea de profundización de Análisis Poblacional del programa de Biología de la Universidad Industrial de Santander (UIS). Para el logro de estas competencias se realizan salidas de campo como estrategias didácticas inclusivas, que le permiten al estudiante identificar futuros problemas de investigación, y al tutor indagar el impacto de esta estrategia respecto al logro de las competencias señaladas en el programa de las asignaturas que componen la línea de profundización [1].

Materiales y Métodos

Se realizó una salida de campo académica como estrategia didáctica inclusiva orientada a integrar los presaberes requeridos con el nuevo conocimiento presentado, a la Finca La Florencia, vereda Paramito del municipio El Hato – Santander, en la que participaron estudiantes matriculados en 2019-II. Durante cuatro días consecutivos se pusieron en práctica diferentes métodos de visualización y captura de avifauna y herpetofauna, además, de documentar en bitácoras de campo el tipo de vegetación presente en el sitio de práctica. En el caso de aves la identificación se realizó siguiendo diferentes guías de campo [2], y para anfibios y reptiles se contó con el acompañamiento de un biólogo experto en el área. Para indagar el impacto que tienen las salidas de campo, se realizó un muestreo por conveniencia al que se solicitó diligenciar una encuesta cerrada a estudiantes o egresados que cursaron la línea de profundización antes de 2019.

Resultados y Discusión

Producto del trabajo de campo, los estudiantes identificaron 46 especies de aves, 7 de anfibios y una de reptil observados o capturados en diferentes ambientes que incluyen zonas de cultivo mixto, bosque altoandino y quebradas. Del conjunto de especies registradas, se apreciaron 4 (dos de aves y dos de anfibios) con algún grado de endemismo. Del total de especies, únicamente se han realizado estudios que evalúan algún aspecto relacionado con la genética de la conservación en el 6,5% de las especies de aves y en el 14% de las especies de anfibios registradas. Teniendo en cuenta que el trabajo de campo se considera como una estrategia constructivista, la cual acerca a los estudiantes con el entorno, interactuando con la diversidad de seres vivos que habitan en un ambiente determinado [3], esta estrategia también permite plantear preguntas de investigación que se convertirán en propuestas de trabajo de grado para un importante número de estudiantes que cursan la línea de profundización, especialmente, en aspectos genéticos poblacionales requeridos para generar planes adecuados de manejo y conservación de especies. Adicionalmente, el cumplimiento de los logros declarados en la línea de profundización se cumple muy satisfactoriamente de acuerdo a lo encontrado con la encuesta.

Conclusión

La salida de campo vista como estrategia didáctica inclusiva en las asignaturas de la línea de profundización Análisis Poblacional de la UIS, permiten identificar especies de las cuales se desconocen aspectos relacionados con su genética, además, de dar cumplimiento a los logros de esta.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a la escuela de Biología de la Universidad Industrial de Santander por la financiación de las actividades de campo de la línea de profundización Análisis Poblacional.

Referencias

[1] Universidad Industrial de Santander. Programa de la asignatura Análisis Poblacional I (25975) y Análisis Poblacional II (25976). Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander.

[2] Hilty, S.L, Brown, W.L. (1986). A Guide to the Birds of Colombia. Princeton University Press. Princeton, New Jersey, Estados Unidos.

[3] Godoy, I; Sánchez, A. (2007). El trabajo de campo en la enseñanza de la geografía. Sapiens. Revista Universitaria de Investigación. Vol 8, 137-146.

APRENDIZAJE INVERTIDO EN TIEMPOS DE PANDEMIA POR COVID-19: EL CASO DE LA ASIGNATURA GENÉTICA BÁSICA

Elizabeth Londoño-Velasco¹, Natalia Colmenares-Ghisays²

¹Departamento de Ciencias Básicas de la Salud. Facultad de Ciencias de la Salud. Pontificia Universidad Javeriana Cali. Correo electrónico: elivelasco@javerianacali.edu.co

²Centro de Recursos para el Aprendizaje y la Investigación (CRAI). Pontificia Universidad Javeriana Cali.

Resumen

Análisis de percepción sobre implementación del modelo clase invertida en la asignatura “Genética Básica”, mediante estudio exploratorio-descriptivo con enfoque mixto, evidencio: eficacia del modelo en procesos de enseñanza- aprendizaje mediados por recursos educativos digitales, antes y durante pandemia; así como el desarrollo de competencias disciplinares mediante aprendizaje activo y significativo.

Palabras Clave: clase invertida, aprendizaje activo, aprendizaje significativo, genética básica, educación médica, pandemia por covid-19.

Abstract

Perception analysis of Flipped Classroom in Basic Genetics"" course, through an exploratory-descriptive study with a mixed approach, showed: efficacy of model in teaching-learning processes mediated by digital educational resources, before and during the pandemic; as well as the development of disciplinary competences, through active and meaningful learning.

Keywords: Flipped Classroom, active learning, meaningful learning, basic genetics, medical education, covid-19 pandemic.

Introducción

En respuesta a la influencia de los conocimientos derivados de la genómica en la práctica médica y, a la aparición de nuevos perfiles de estudiantes que demandan modelos de enseñanza innovadores, se rediseño el curso “Genética básica” bajo el modelo de aprendizaje invertido apoyado en los cinco momentos del paradigma pedagógico ignaciano (1). Aquí se deja de lado la enseñanza tradicional centrada en la magistralidad para pasar a socializar el contenido temático mediante guías de aprendizaje y vídeos explicativos, para que durante la clase y mediante actividades grupales activas los estudiantes retroalimenten, refuercen y desafíen la construcción del conocimiento.

Materiales y Métodos

El estudio buscó identificar la percepción de la implementación de la clase invertida en la asignatura de genética básica del programa de medicina de PUJ Cali. Se realizó un

estudio de tipo exploratorio-descriptivo con enfoque mixto, y muestreo no probabilístico intencional. Se aplicaron dos cuestionarios validados que contemplaron el análisis de los procesos de enseñanza-aprendizaje y, el uso de recursos educativos digitales (URED) en el curso durante el año 2019 (antes de pandemia), y el primer semestre del 2020 con la transición de clases presenciales a remotas, debido al confinamiento obligatorio por covid-19. Los cuestionarios presentaron preguntas cerradas (tipo escala Likert), de argumentación y abiertas. Se determinó puntuación global del instrumento y consistencia interna mediante coeficiente alfa de Cronbach. Se realizaron grupos focales. Y se analizaron perfiles y porcentajes de sujetos en cada una de las percepciones frente a enseñanza, aprendizaje y URED.

Resultados y Discusión

Los resultados mostraron percepciones positivas de la implementación del modelo pedagógico en los ámbitos de enseñanza (>80%), aprendizaje (>70%) y URED (>85%) en el año 2019. Percepción que se ratifica durante la transición de clases presenciales a remota, con porcentajes de favorabilidad >90% en todas las categorías analizadas. Un elemento didáctico central que evidencian los estudiantes son las guías de aprendizaje, las cuales caracterizan como organizadas, oportunas, pertinentes y coherentes. En conexión con esto, los estudiantes mencionan que lo que se desarrolla desde la guía es lo que se evalúa en los exámenes, es decir que se conecta toda la ruta de aprendizaje, desde los objetivos hasta la evaluación. Esto hace que no expresen dificultades con el modelo. Además de favorecer la transición efectiva de las clases presenciales a remotas en el curso 2020-1, usando medios digitales. Algunos estudios señalan que requerir mayor tiempo de preparación por parte del estudiante, antes de la clase, podría generar resistencia al modelo pedagógico (2). Sin embargo, existe un consenso basado en numerosas experiencias previas de clase invertida en educación superior, donde se reconocen las ventajas de su aplicación para un aprendizaje significativo, cuando esta estrategia pedagógica es correctamente planeada y estructurada (3).

Conclusión

El modelo de clase invertida contribuyó al desarrollo de habilidades y competencias disciplinares en Genética Básica, mediante procesos de aprendizaje autónomo, colaborativo, activo y significativo. Además de favorecer la continuidad del proceso educativo y el cumplimiento efectivo de los objetivos de aprendizaje del curso en tiempos de pandemia por covid-19.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos al Centro de Recursos para el Aprendizaje y la Investigación (CRAI) quien se ha encargado de la capacitación, apoyo y diseño de recursos educativos digitales para los cursos presenciales, virtuales o combinados, que se dictan en los programas académicos de la Pontificia Universidad Javeriana Cali; así como al Centro para la Enseñanza y el Aprendizaje (CEA) quien se ha encargado de la capacitación y formación de los profesores en competencias pedagógicas y diseño de material para la enseñanza.

Referencias

1. Pontificia Universidad Javeriana. Documentos institucionales: Modelo educativo virtual. Una propuesta para orientar las acciones educativas institucionales sobre ambientes virtuales de aprendizaje. 2018
2. Angadi, N. B., Kavi, A., Shetty, K., & Hashilkar, N. K. (2019). Effectiveness of flipped classroom as a teaching-learning method among undergraduate medical students-An interventional study. *Journal of Education and Health Promotion*, 8. doi: <https://doi.org/10.4103/jehp.jehp 163 19>
3. Burón, I., Avendaño, S., Cantarero, I., Gahete Ortiz, M. D., Guzmán Ruiz, R., Vazquez, M., . . . Calzado, M. A. (2018). Experiencias en flipped learning. *Revista de innovación y buenas prácticas docentes*, 7, 41-48.

DISEÑO DE CONTENIDO INTERACTIVO DIGITAL PARA LA ENSEÑANZA DE ARTRÓPODOS, A PARTIR DE LA COLECCIÓN DE DOCENCIA DE LA CASITA DE LAS CIENCIAS DE LA UNIVERSIDAD DEL QUINDÍO

Daniel Alejandro Cardona Castro¹, Yulieth Daniela Londoño Rodríguez¹, Aura Yesenia Morales Cárdenas², Rocío Stella Suárez Román²

¹Estudiantes Licenciatura en Biología y Educación Ambiental, Universidad del Quindío. dacardonac@uqvirtual.edu.co y dlondonor@uqvirtual.edu.co.

²Docentes Licenciatura en Ciencias Naturales y educación ambiental, Grupo de Investigación en Biodiversidad y Educación Ambiental Universidad del Quindío BIOEDUQ. aymoralesc@uqvirtual.edu.co. rociosuarez@uniquindio.edu.co.

Resumen

Se diseñó e implementó contenido interactivo digital relacionado con la enseñanza de artrópodos, a partir de la colección de docencia de la casita de las ciencias de la Universidad del Quindío.

Palabras Clave: Artrópodos, contenido digital, interactividad, colección.

Abstract

Interactive digital content related to the teaching of arthropods was designed and implemented, based on the teaching collection of the casita de las ciencias of the university of Quindío.

Keywords: Arthropods, digital content, interactivity, collection.

Introducción

Las colecciones “itinerantes”, según Palomera-García et al., (2015), permiten que un mayor número de personas de diversas edades, conozcan parte de la riqueza biológica e importancia ecológica de los organismos, promoviendo el respeto, cuidado y conservación de la fauna y flora. En este sentido, el proyecto la Casita de las Ciencias, que cuenta con un importante número de ejemplares del Phylum Arthropoda, se acerca a las comunidades para generar experiencias de reconocimiento de estos organismos, contribuyendo a su conservación y a disipar algunos de los mitos que existen alrededor de ciertas especies regionales.

Materiales y Métodos

La presente investigación fue realizada bajo un enfoque cualitativo, abordada desde el paradigma hermenéutico. Se trabajó con una muestra poblacional de 97 personas, las cuales se agruparon en juveniles y adultos. Se establecieron cuatro fases metodológicas: I) implementación, II) diseño, III) intervención y IV) evaluación del contenido interactivo con relación a los artrópodos. Para la fase de implementación se aplicó una encuesta estructurada con 16 ítems relacionados al conocimiento general de artrópodos, construido en la herramienta digital Google Formularios. En la fase de

diseño, se utilizó el software en línea Genially para crear el contenido interactivo; en cuanto a la fase de intervención, se compartió un enlace del contenido para ser trabajado de manera autónoma durante dos semanas. Además, se realizaron tres encuentros grupales de manera virtual. En la fase final, se implementó el pos-test, para evaluar el efecto conseguido mediante la implementación de la herramienta de contenido digital.

Resultados y Discusión

Los datos obtenidos en el pre-test permiten evidenciar que, más del 50% de los encuestados de la categoría correspondiente a jóvenes, determinaron con claridad los artrópodos como animales invertebrados, los grupos de artrópodos, su importancia en los diferentes ecosistemas y su diversidad. Mientras que, la categoría correspondiente a adultos con menos del 40% tienen conceptos diferentes que se alejan de su significado, asociando a los artrópodos como organismos que poseen plumas en su cuerpo y que hacen fotosíntesis. Igualmente, la categoría adulta no reconoció con facilidad la importancia, diversidad y los grupos de artrópodos. Sin embargo, al realizar la intervención con el material interactivo digital y aplicar el pos-test se evidenció un cambio de percepción en ambas categorías (90%) con respecto a los artrópodos y su importancia. Al respecto, Gómez y Monsalve (2015) señalan la importancia de conocer e identificar que los artrópodos son el mayor grupo de animales terrestres, además, que habitan en todos los medios. En consecuencia, puede señalarse que propuestas pedagógicas que se apoyan en estrategias digitales, como esta, generan nuevas e innovadoras oportunidades para el aprovechamiento de las tecnologías en el proceso educativo (Coto y Villalobos, 2018).

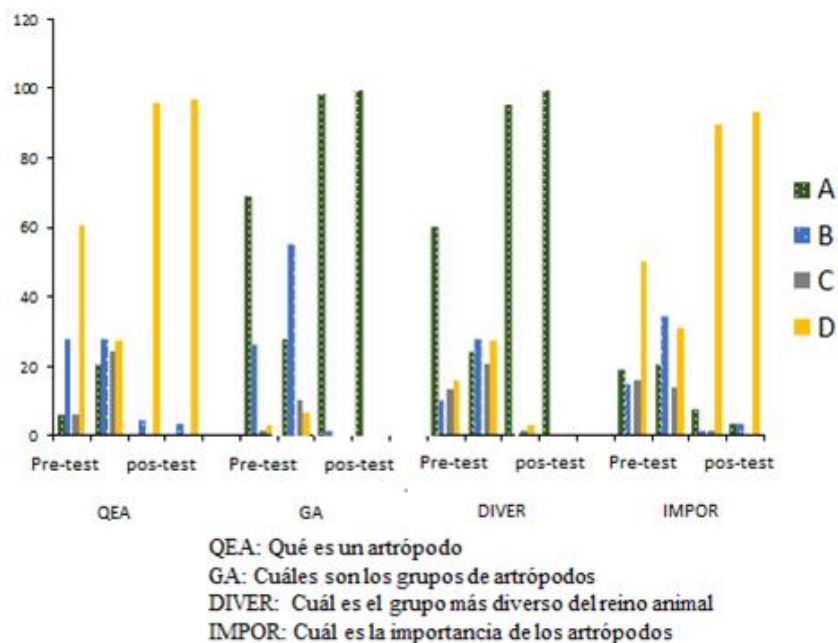


Figura 1.

Conclusión

Este trabajo resaltó la importancia de la implementación y uso de contenido interactivo digital en los procesos de enseñanza de grupos faunísticos, logrando aprehensión en personas de distintas edades con temas relacionados al grupo de los artrópodos.

Financiación y Agradecimientos

Los autores expresan sus sinceros agradecimientos al programa de Licenciatura en Ciencias Naturales y Educación Ambiental, a las personas que participaron activamente del proyecto y a los docentes asesores de la investigación.

Referencias

Palomera-García, C., Rivera-Cervantes, E., García- Real, E., Guzman-Hernandez, L. y RúaTejada, I. (2015). Las colecciones biológicas “itinerantes” como instrumentos de educación ambiental. *Revista Iberoamericana para la Investigación y el Desarrollo Educativo*, 6 (11), 1-12.

Gómez, S y Monsalve, H. (2015). *Artrópodos*. Universidad INCCA de Colombia. Recuperado de:

<http://sie.car.gov.co/bitstream/handle/20.500.11786/33798/29116.pdf?sequence=1>

Patiño, P. (2018). Enseñanza Aprendizaje del concepto de clasificación taxonómica de los seres vivos a partir de la indagación de conceptos previos en grado sexto (Tesis de pregrado). Universidad Nacional de Colombia. Manizales, Colombia.

Coto, G. y Villalobos, J. (2018). Análisis del uso de aplicaciones móviles en los procesos de enseñanza y aprendizaje de la química, y sus posibilidades de implementación, como sustento para el diseño de una guía práctica que permita utilizar estas tecnologías en el proceso educativo (Tesis Maestría). Universidad de Costa Rica. San José, Costa Rica.

ESTUDIO DE CASO Y JUEGO DE ROLES COMO HERRAMIENTAS PARA EL APRENDIZAJE DE LAS PLANTAS EN 1° DE PRIMARIA

Gina Alejandra González Caro, Claudia Alejandra Idrobo Montañez

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia – UPTC. Correo electrónico: ginalejandra.gc@gmail.com

Resumen

El estudio de caso y el juego de roles son herramientas didácticas eficaces para el aprendizaje de las plantas. Debido a que, del 100% de los participantes de 1° de primaria, el 96% identificaron las partes de las plantas, asociaron sus funciones y generaron un aprendizaje significativo.

Palabras Clave: Didáctica, importancia, roles, partes, plantas.

Abstract

The case study and role play are effective teaching tools for plant learning. Because of the 100% of the participants in 1st grade, 96% identified the parts of the plants, associated their functions and generated significant learning.

Keywords: Didactics, importance, roles, parts, plants.

Introducción

El docente tiene la figura de transmisor y el estudiante el papel de transcriptor de los conocimientos dados por el profesor, en las aulas de clase de las instituciones de educación formal actual. Generando monotonía en el desarrollo de las temáticas y pérdida del interés en los estudiantes (Mora & Camacho, 2019). Es por esto, que se diseñan e implementan, tres estudios de caso y tres juegos de roles, para desarrollar un aprendizaje significativo de las partes, funciones e importancia de las plantas, en los estudiantes de 1° de primaria de una IE del departamento de Santander - Colombia.

Materiales y Métodos

Este estudio es mixto, con un alcance descriptivo (Hernández, Fernández y Baptista, 2010). Se realizó un pre-test para identificar el conocimiento de los estudiantes, con los resultados obtenidos y partiendo de la reducción y diferencia de contextos de los estudiantes, generada por la educación virtual. Se diseñaron tres estudios de caso (granjero, científico y consumidor) y tres juegos de roles (vendedor, periodista y ambientalista) (Sosa, 2017), donde se abordaron las partes, funciones e importancia de las plantas. Estas estrategias, fueron aplicadas a 22 participantes en edades de 6 y 7 años, durante ocho sesiones de clases virtuales, por medio de la plataforma Zoom, en los meses de marzo a mayo de 2020. En cada sesión se realizó y evaluó una actividad escrita para identificar el conocimiento adquirido.

Resultados y Discusión

Del primer estudio de caso y juego de rol implementado, donde los estudiantes debían llegar a la identificación de las partes de la planta, se logró obtener que del 100% el 90% reconocieron a la flor, el fruto, la raíz y el tallo. Para el segundo caso y juego de rol, el 92% de los estudiantes nombraron funciones de las partes de las plantas, como el transporte de nutrientes, elaboración del alimento entre otras y del tercer caso y juego de rol el 91% de los estudiantes reconocieron la importancia de las plantas en la producción de alimentos, oxígeno e insumos madereros y textiles.

Conclusión

El estudio de caso y juego de rol en los estudiantes genera un aprendizaje significativo y lleva al reconocimiento, reflexión, contextualización y comprensión de las plantas en el aula de clase.

Financiación y Agradecimientos

A los estudiantes de la IE que participaron en el estudio y el cuerpo educativo que apoyo el desarrollo del mismo.

Referencias

Hernández Sampieri, R., Fernández Collado, C., & Baptista Lucio, P. (2010). Fundamentos de metodología de la investigación.

Mora Márquez, M., & Camacho Torralbo, J. (2019). Classcraft: inglés y juego de roles en el aula de educación primaria. *Apertura* (Guadalajara, Jal.), 11(1), 56-73.

Sosa Mora, E. (2017). Learning collaborative by means of a case study and role-play applied in the course finance analysis, Business School, Universidad de Costa Rica. *Tec Empresarial*, 11(2), 41-53.

NARRATIVA DIGITAL LOS PÁRAMOS: ESTRATEGIA PARA LA ENSEÑANZA DE LA EDUCACIÓN AMBIENTAL EN SALENTO QUINDÍO

Sara Marcela Truque-Salazar y María José Candil-Cañaveral

Universidad del Quindío. Correo electrónico: smtruques@uqvirtual.edu.co

Resumen

El presente trabajo se centró en reconocer el papel que desempeñan las narrativas digitales en la enseñanza del cuidado e importancia de los páramos. Este estudio se realizó con cuatro estudiantes pertenecientes a los grados cuarto y quinto de una escuela rural con modelo escuela nueva, en Salento Quindío.

Palabras clave: Ecosistema de alta montaña, escuela y tecnologías.

Abstract

This paper focused on recognizing the role that digital narratives play in teaching the care and importance of the moors. This study was conducted with four students belonging to the fourth and fifth grades of a rural school with new school model, in Salento Quindío.

Keywords: High mountain ecosystem, school and technologies.

Introducción

Con el paso de los años, el avance de la tecnología ha permitido que surjan nuevas formas de enseñar por medio de las diferentes herramientas tecnológicas y didácticas, que se tienen en la actualidad. Así, las narrativas digitales (ND) hacen parte de las nuevas formas de enseñar, y el uso de ellas, ha permitido identificar que este producto audiovisual incentiva la reflexión de los temas que se analizan en clase, permite una comunicación multidireccional y una educación abierta, basada en las necesidades e intereses de los estudiantes. Además, fomentan el desarrollo, el autoconocimiento y la alfabetización digital [1].

Materiales y métodos

El presente estudio es de tipo cualitativo debido a que se enfoca en comprender los fenómenos, explorándolos desde la perspectiva de los participantes en un ambiente natural y en relación con su contexto [2]. Así, se diseñó una ND, la cual constaba de tres partes, cada una de ellas con preguntas y/o retos que se originaron a partir del contenido de un video informativo. Cada pregunta se realizó teniendo en cuenta el contexto, con el fin de que los estudiantes lograran relacionar el tema con su vida cotidiana.

La ND se llevó a cabo en una escuela rural ubicada en la vereda Llano Grande de Salento Quindío, que trabaja con modelo de Escuela Nueva; se implementó en cuatro estudiantes, dos pertenecientes al grado cuarto y dos al grado quinto. La actividad tuvo tres momentos: Identificación de ideas previas, aplicación de la ND e indagación de ideas finales.

Resultados y discusión

En la primera actividad (indagación de ideas previas), los estudiantes a pesar de saber el nombre de algunos de los páramos de Colombia, no conocían qué es un páramo y desconocían la importancia que tienen en la biósfera.

En la actividad dos se observó que a pesar de no tener claro el concepto páramo, estos conocen a través de su experiencia las problemáticas ambientales que se viven actualmente y las consecuencias que estas podrían ocasionar a los ecosistemas de alta montaña. Después de indagar sus ideas, se realizó la actividad con la narrativa digital, en esta, se evidenció que las respuestas dadas por los estudiantes sobre el tema de los páramos, fueron más claras y fundamentadas con relación a las respuestas anteriores. Al final de la narrativa, por medio de audios que cada estudiante grabó, se identificó, que lograron comprender qué es un páramo, su importancia y la causa del que se estén deteriorando. De acuerdo con lo anterior, Hermann [3] propone que las narrativas digitales pueden ser utilizadas como sistemas de lenguajes que integran la asimilación y comprensión de información, de tipo visual, sonoro y sensorial, que permitirá estimular los procesos de enseñanza y aprendizaje, logrando así aprendizajes significativos.

Conclusión

El uso de las Narrativas Digitales (ND) permite que se complementen e interioricen los conceptos previos de los estudiantes. Además, las ND son una excelente alternativa a la lectura y escritura tradicional, debido a que facilitan la interacción estudiante- maestro y hacen más dinámico el proceso de enseñanza – aprendizaje.

Financiamiento y agradecimientos

Agradecemos a la Universidad del Quindío por brindar espacios de aprendizaje, también, a la escuela rural de Llano Grande por abrir sus puertas para realizar el trabajo, al profesor Édier Gálvis Cortés por compartir su experiencia de enseñanza y a la profesora Nadia Lucía Obando por la guía y por acompañarnos en el desarrollo de este trabajo.

Referencias

1. Herman, A., Pérez, G. (2019). Narrativas digitales, relatos digitales y narrativas transmedia: revisión sistemática de literatura en educación en el contexto iberoamericano. Espacios. Vol. 40, No 41, pp. 2.
2. Hernández-Sampieri, R. El inicio del proceso cualitativo: planteamiento del problema, revisión de la literatura, surgimiento de las hipótesis e inmersión en el campo [Internet].james.poetrorodriguez.com:2016[Consultado 2019 oct 16].

Disponible en: <https://administracionpublicauba.files.wordpress.com/2016/03/hernandez-samipieri-cap-12-el-inicio-del-proceso-cualitativo.pdf>

3. Hemann, A. (2018). Innovación, tecnologías y educación: las narrativas digitales como estrategias didácticas. *Killkana Sociales*. Vol. 2, No. 2, pp. 31-38. Quito.

BIOINFORMÁTICA COMO RECURSO EDUCATIVO PARA LA ENSEÑANZA DE VARIABILIDAD GENÉTICA MEDIANTE COMPARACIÓN DE MAPAS DE RESTRICCIÓN

Silvia Rosy Gómez Daza

Departamento de Biología, Universidad Pedagógica Nacional. Correo electrónico: srgomezd@pedagogica.edu.co

Resumen

Se diseñó, implementó y validó la guía "Análisis de variabilidad genética en especies de Pseudomonas mediante comparación de mapas de restricción del gen ptsN" en estudiantes de la licenciatura de Biología de la UPN, para mejorar la comprensión sobre variabilidad genética y enzimas de restricción a través del trabajo práctico con bioinformática.

Palabras claves: diversidad genética, informática, método de enseñanza.

Abstract

The guide "Analysis of genetic variability in Pseudomonas species by comparison of ptsN gene restriction maps" was designed, implemented and validated in students of the Biology degree of the UPN, to teach genetic variability and restriction enzymes through practical work with bioinformatics.

Keywords: genetic diversity, computer science, teaching method.

Introducción

En biología muchas veces se enseñan temas abstractos con alta complejidad epistemológica y cognitiva lo que dificulta su aprendizaje; una manera de facilitar su enseñanza es el trabajo experimental, sin embargo, la falta de recursos impide su realización. La bioinformática incluye contenidos de biología y de tecnología de la información y comunicación que permiten profundizar en el conocimiento sin la necesidad de laboratorios experimentales. Además, es atractiva visualmente y permite mostrar procesos de forma integrada y ejemplificada.

Esta investigación empleó herramientas de bioinformáticas para la enseñanza más profunda sobre variabilidad genética y enzimas de restricción.

Materiales y métodos

Se trabajó desde el paradigma hermenéutico –interpretativo y el enfoque cualitativo. La población analizada fue un grupo de 30 estudiantes de la asignatura biología molecular del periodo 2018-1 de la licenciatura de Biología de la UPN. Es importante mencionar que la guía fue implementada y validada después de tratar los temas en clase; con la intención de que los estudiantes al realizar el ejercicio práctico y

desarrollar las preguntas del cuestionario pudieran contranstar la teoría con la práctica y apropiarse de los conceptos.

En la guía se utilizaron dos sitios web gratuitos (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov> y <http://nc2.neb.com/NEBcutter2/index.php>) y muestra paso a a paso la manera de realizarla permitiendo una mayor comprensión de los temas.

Las técnicas de investigación que se contemplaron fueron: un cuestionario (se encuentra dentro de la guía) que dió cuenta del aprendizaje y una encuesta estructurada que permitió evaluar la pertinencia y viabilidad del recurso educativo.

Resultados y discusión

Se diseñó la guía “Análisis de variabilidad genética en especies de *Pseudomonas* mediante comparación de mapas de restricción del gen *ptsN*”; que contenía: introducción, objetivos, materiales, procedimiento, cuestionario y bibliografía.

Los estudiantes después de hacer una inmersión en el recurso educativo tuvieron un progreso en su bagaje cognitivo, conceptual y procedimental haciéndose evidente tanto en las respuestas al cuestionario de la guía como en la validación de ella (puntuación 4,7/5). Esto va en concordancia con los trabajos de Olaya y Cejas (1) que utilizan la bioinformática como recurso educativo en un Proyecto de ingeniería genética y López (2) en la enseñanza de una alteración genética para la secundaria.

Al trabajar con herramientas bioinformáticas se utiliza el potencial de éstas en el proceso de enseñanza-aprendizaje porque permiten ejemplarizar, investigar y comprobar muchos de los conceptos claves enseñados en la escuela; convirtiéndose en recursos educativos altamente atractivos tanto por su novedad como por su capacidad para mostrar procesos de forma integrada y atractiva visualmente Olaya y Cejas (1).

Para resumir las TICs son una estrategia ya implementada con éxito en diversos contextos educativos lo que se podría considerar una garantía para su implementación como lo mencionan Calderón et al 2015 (3).

Conclusión

La guía diseñada, implementada y validada permitió que los estudiantes se apropiaran de los temas variabilidad genética y enzimas de restricción al realizar el ejercicio práctico y desarrollar las preguntas del cuestionario; esto pone de manifiesto que se pueden diseñar actividades contextualizadas a bajo costo mediante el uso de plataformas gratuitas.

Financiación y agradecimientos

La financiación fué de la autora de correspondencia del proyecto de investigación y se agradece al grupo de 30 estudiantes de la asignatura biología molecular del periodo 2018-1 de la licenciatura de Biología de la UPN con los cuales se hizo la presente investigación.

Referencias

[1] Olaya A. y Cejas M. (2018) Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería genética. EDMETIC, Revista de Educación Mediática y TIC.; 7(1): 174-194. doi: <https://doi.org/10.21071/edmetic.v7i1.10027>

- [2] López G. (2010) Introducción a la bioinformática en la enseñanza secundaria: estudio de una alteración genética. Bioinformática en la enseñanza secundaria: estudio de una alteración Genética. En <https://www.researchgate.net/publication/316217406>^[1]_[SEP]
- [3] Calderón, S.E., Núñez, P., DI Laccio, J.L., Lanneilli, L.M., y Gil, S. (2015) Aulas-laboratorio de bajo costo, usando TIC. Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias. 12(1): 212-226.

PONENCIAS GENÉTICA Y CIENCIAS ÓMICAS

INSERCIÓN DEL GEN *phaC* DE *Aeromonas caviae* EN EL GENOMA DE *Nicotiana tabacum* PARA LA BIOSÍNTESIS DE POLIHIDROXIALCANOATOS

Villamil-Bolaños Fabian¹⁻², Portela-Dussan Diana Daniela¹⁻³, Chaparro-Giraldo Alejandro¹⁻⁴

¹Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

²Maestría en Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

³Doctorado en Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

⁴Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

*Correo electrónico: fvillamilb@unal.edu.co

Resumen

Los polihidroxicanoatos son biopolímeros sintetizados naturalmente por microorganismos, presentan propiedades similares a los plásticos derivados del petróleo. Por su elevado costo de producción en bacterias, se propone su obtención en plantas genéticamente modificadas. Este proyecto realizó la inserción del gen *phaC* de *Aeromonas caviae* en plantas de tabaco y su evaluación de presencia y expresión mediante caracterización molecular.

Palabras clave: transgénesis, PCR, β -glucuronidasa.

Abstract

Polyhydroxyalkanoates are biopolymers naturally synthesized by microorganisms, presenting properties similar to conventional plastics. Due to its production cost, its production in plants is proposed. This project carried out the insertion of the *Aeromonas caviae phaC* gene in *Nicotiana tabacum* plants and its evaluation of presence and expression by molecular characterization.

Keywords: transgenesis, PCR, β -glucuronidase.

Introducción

La síntesis de polihidroxicanoatos (PHA) se realiza en 3 etapas, en las cuales se emplea acetyl-CoA como precursor. El secuestro de esta molécula para la biosíntesis del biopolímero produce efectos deletéreos en las plantas modificadas genéticamente capaces de sintetizar PHA. Se ha dirigido la expresión hacia organelos en donde el acetyl-CoA sea muy abundante, resultando los peroxisomas los candidatos para su expresión, aunque con bajos niveles de producción (Dobrogojski et al., 2018). Esto se puede solucionar al realizar un ajuste de uso codónico, priorizando los codones preferidos por *N. tabacum*. Así, este trabajo busca evaluar la presencia del gen en el genoma de la planta y su expresión.

Materiales y métodos

Se emplearon plantas de tabaco variedad Samsun 10. Se empleó como explante de transformación fragmentos de hoja de 0,5x0,5cm². Para la transformación genética se empleó la cepa bacteriana LBA4404 de *Agrobacterium tumefaciens*. El gen *phaC* proviene de la bacteria *Aeromonas caviae*

Para evaluar el efecto del casete de expresión, se realizó la transformación mediada por *A. tumefaciens*, de plantas in vitro de tabaco con el gen *phaC*, seguido de un proceso de selección con antibióticos y una etapa final de regeneración in vitro del material vegetal. Después se realizó la extracción de ADN y se determinó la presencia del gen mediante reacciones de PCR utilizando primers específicos para el gen *phaC*: primer forward (FP) 5'-ATGAGCCAACCATCTTATGGC-3' y primer reverso (RP) 5'-TCGAAGGCGGATTCGTCGGT-3' que amplifican la secuencia del transgén.

La eficiencia de transformación (ET) se calculó de la siguiente manera:

$$ET = \frac{\# \text{ plantas PCR positivas}}{\# \text{ de explantes sembrados}} \times 100$$

Para evaluar la expresión del gen, se realizó el ensayo de expresión del gen codificante de la enzima β -glucuronidasa (GUS). De igual forma se realizó una reacción RT-PCR a partir de la síntesis de ADN complementario.

Resultados y discusión

Se transformaron 810 explantes de hoja, de los cuales se han obtenido 13 plantas PCR positivas, para una eficiencia de transformación del 1,6 %, este valor es significativamente inferior al 20 % reportado por Bakhsh et al. (2014), con la misma variedad y cepa. Estos resultados tan bajos, podrían ser explicados por la alta dosis de antibióticos empleados en la etapa de selección in vitro, se recomienda reducir la dosis de antibióticos. La figura 1, muestra el resultado de una reacción de PCR en la cual 5 plantas dieron resultado PCR positivo y 4 plantas tuvieron resultado PCR negativo.

Se evidencio la expresión del gen GUS en 7 de las 13 plantas transformadas (Figura 2). Esto puede ser explicado por el silenciamiento del gen dentro del genoma vegetal o por su incorporación en regiones transcripcionalmente no activas (Basso et al., 2020). Acorde a lo indicado por Teixeira (2005), también se registró una mayor expresión en las nervaduras de las hojas maduras, debido al uso del promotor constitutivo CaMV 35s, que permite expresiones en todos los tejidos o estadios de la planta (Park et al., 2010). Sin embargo, la expresión del gen *phaC* se confirmó con las reacciones de RT-PCR, sugiriendo que las plantas expresan la enzima polihidroxialcanoato sintasa.

Conclusión

Se consiguió la transformación genética de 13 plantas de *N. tabacum* con una eficacia del 1,6%. De estas 13 plantas solamente 7 expresa el gen GUS, por lo cual se infiere que también expresa del gen *phaC*. Es necesario aumentar la eficiencia de transformación, reduciendo la dosis de antibióticos.

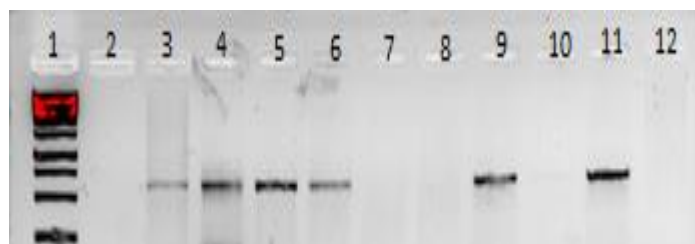


Figura 1. Reacción de PCR. Carril; 1: marcador de peso molecular 1kb; 2: Control negativo; 3: Gen phaC; Los carriles del 4 al 12 representan muestras vegetales de diferentes plantas. Carril 4: SAI1; 5: SAI2; 6: SAI3;7: SAI11; 8: SAI17; 9: SBI3;10: SBII2;11: SBII1; 12: SBII4. El tamaño de la banda es de 613 pb.

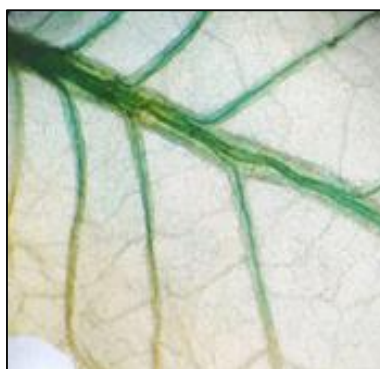


Figura 2. Actividad del gen reportero GUS (β -glucuronidasa), detectada por el ensayo histoquímico X-Gluc en una planta de tabaco transformada con el gen phaC.

Financiación y agradecimientos

Agradecemos a Galindo-Sotomonte, L. por su participación en la transformación genética de las plantas de *N. tabacum*. A COLCIENCAS, por la financiación bajo la convocatoria Jóvenes Investigadores – Convenio 287-2019. A la gobernación del Huila por la financiación.

Referencias

- Bakhsh, A., Anayol, E., & Ozcan, S. F. (2014). Comparison of transformation efficiency of five agrobacterium tumefaciens strains in nicotiana tabacum L. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 26(3), 259–264. <https://doi.org/10.9755/ejfa.v26i3.16437>
- Basso, M. F., Arraes, F. B. M., Grossi-de-Sa, M., Moreira, V. J. V., Alves-Ferreira, M., & Grossi-de-Sa, M. F. (2020). Insights Into Genetic and Molecular Elements for Transgenic Crop Development. *Frontiers in Plant Science*, 11(May), 1–24. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00509>
- Dobrogojski, J., Sychalski, M., Luciński, R., & Borek, S. (2018). Transgenic plants as a source of polyhydroxyalkanoates. *Acta Physiologiae Plantarum*, 40(9), 1–17. <https://doi.org/10.1007/s11738-018-2742-4>

Park, S., Yi, N., Kim, Y. S., Jeong, M., Bang, S., Choi, Y. Do, & Kim, J. (2010). Analysis of five novel putative constitutive gene promoters in transgenic rice plants. *Journal of Experimental Botany*, 61(9), 2459–2467. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq076>

Teixeira, J. A. (2005). Simple multiplication and effective genetic transformation (four methods) of in vitro-grown tobacco by stem thin cell layers. *Plant Science*, 169, 1046–1058. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2005.07.012>

ASOCIACIÓN DEL POLIMORFISMO 5- HTTLPR DEL GEN SLC6A4 CON SUICIDIO EN EL EJE CAFETERO Y NORTE/CENTRO DEL VALLE DEL CAUCA

Monica Osorio-Ospina¹, Juan-Carlos Medina², Jairo Frando-Londoño^{1,2}, German Moreno¹, Oscar-Mauricio Castaño³, Andrés Fandiño-Losada⁴, Jennier Nesim⁴, Luz Damaris Rojas⁵, Ana-María Bravo⁶, Leonardo Beltrán-Angarita⁵

¹Universidad Tecnológica de Pereira

²Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses

³Universidad de Caldas

⁴Universidad del Valle

⁵Unidad Central del Valle del Cauca. Correo electrónico: lbeltran@uceva.edu.co

⁶Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt –Armenia.

Resumen

El suicidio es una problemática mundial de salud pública, en Colombia han venido aumentando los fallecimientos por esta causa. Realizamos genotipificación por PCR y electroforesis capilar para establecer la asociación del polimorfismo 5-HTTLPR con suicidio, encontramos que el genotipo SS de 5-HTTLPR es un factor de riesgo para suicidio (OR:1.91).

Palabras Clave: suicidio, serotonina, marcador 5-HTTLPR, SLC6A4.

Abstract

Suicide is a global public health problem, in Colombia deaths from this cause have been increasing. We performed genotyping by PCR and capillary electrophoresis to establish the association of the 5-HTTLPR polymorphism with suicide, we found that the SS genotype of 5-HTTLPR is a risk factor for suicide (OR: 1.91).

Keywords: suicide, serotonin, 5-HTTLPR, SLC6A4.

Introducción

El suicidio es un grave problema salud pública mundial. La predisposición a conductas suicidas se ha relacionado con la alteración de vía serotoninérgica, el alelo corto del marcador 5-HTTLPR del gen SLC6A4 codificante para el transportador de serotonina se ha asociado con intentos de suicidio violentos, suicidios consumados y con un historial familiar de conductas suicidas lo que sugiere que podría ser heredable [1] [2]. El objetivo de esta investigación es evaluar la asociación del polimorfismo 5-HTTLPR del gen SLC6A4 con el suicidio en el eje cafetero y el norte-centro del Valle del Cauca.

Materiales y Métodos

Se han incluido 59 casos de suicidio consumado y 37 controles, consistentes en muertes por eventos accidentales en los departamentos de la investigación. Se realizó genotipificación por PCR y electroforesis capilar. Los datos obtenidos se analizaron en el software STATA ® 14.2, a través de regresiones logísticas se calcularon las

Oportunidades Relativas (OR= Odds ratio) para la ocurrencia de Suicidio según los genotipos, tomando los genotipos SL y LL como referencia y ajustando por el sexo de los fallecidos.

Resultados y Discusión

La variante alélica corta de 5-HTTLPR se ha relacionado con métodos activos de suicidio que se caracterizan por ser más violentos y letales, en nuestro estudio encontramos que el genotipo SS del marcador 5-HTTLPR es un factor de riesgo para suicidio (OR:1.91), aunque la asociación entre el genotipo y el evento no es estadísticamente significativa ($p= 0.214$), debido al limitado tamaño de esta muestra preliminar.

Conclusión

Nuestros resultados preliminares sugieren que la presencia del genotipo SS de 5-HTTLPR es un factor de riesgo para suicidio; probablemente relacionado con la severidad de la depresión y otras psicopatologías asociadas al suicidio.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo hace parte del proyecto “Factores de Riesgo y Exploración Genética del Suicidio en el Eje Cafetero y Centro/Norte del Valle del Cauca” financiado por COLCIENCIAS y desarrollado por un equipo interdisciplinario de la Unidad central del Valle del Cauca (UCEVA), el Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses, la Universidad del Valle, la Universidad de Caldas, la Universidad Tecnológica de Pereira y la Corporación Universitaria Alexander Von Humboldt.

Referencias

- [1] Macana N. (2018) Forensis 2018 Datos para la Vida: Comportamiento del suicidio. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. 17, 278.
- [2] Clayden R, Zaruk A, Meyre D, Thabane L, Samaan Z. (2012) The association of attempted suicide with genetic variants in the SLC6A4 and TPH genes depends on the definition of suicidal behavior: a systematic review and meta analysis. 2012. *Transl Psychiatry*. 2(10): e166.

DETERMINACIÓN DE LA FRECUENCIA ALÉLICA POBLACIONAL DE LAS VARIANTES DEL COMPLEJO MPS EN EL SUROCCIDENTE COLOMBIANO

Lina Johanna Moreno-Giraldo^{1,2,3,4,5,6}, José María Satizabal-Soto^{1,2,3,5,6}, Adalberto Sanchez-Gomez^{1,2,3,5,6}

¹Universidad del Valle. Correo electrónico: linajohannamorenogiraldo@gmail.com

²Universidad Santiago de Cali,

³Universidad Libre

⁴Posgrado en Ciencias Biomédicas – Universidad del Valle

⁵Énfasis en Genética Médica - Universidad del Valle

⁶Grupo de Investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo, Categoría A Colciencias 2019.

Resumen

Las MPS son enfermedades de depósito lisosomal caracterizadas por la acumulación excesiva de sulfato de GAGs en órganos y tejidos. Determinar la frecuencia alélica poblacional de las variantes del complejo MPS en una población sin diagnóstico clínico y molecular es una herramienta que permitirá tomar decisiones de diagnóstico oportuno.

Palabras Clave: Biología Computacional, Secuenciación de Exomas, Complejo de Mucopolisacaridosis, Enfermedades por Almacenamiento Lisosomal, Frecuencia Alélica (DeCS).

Abstract

MPS are lysosomal deposition diseases that are characterized by excessive accumulation of sulfate GAGs in organs and tissues. Determining the population allelic frequency of the MPS complex variants in a population without clinical and molecular diagnosis is a tool that will allow making timely diagnostic decisions.

Keywords: Computational Biology, Exome sequencing, Mucopolysaccharidosis Complex, Lysosomal Storage Diseases, Allelic Frequency (DeCS).

Introducción

El complejo de mucopolisacaridosis (MPS) es un grupo de enfermedades huérfanas – raras, de baja prevalencia, caracterizada por afección multisistémica, principalmente en hígado, bazo, SNC, hueso, cartílagos y ojos. La prevalencia global es de 1.04 a 4.8/100.000 nacimientos. En Colombia, se hace difícil el cálculo de la frecuencia de estas enfermedades pues solo se diagnostican algunos casos que usualmente corresponden a los casos más graves, siendo poco diagnosticados los leves o portadores (1). Por esta razón son necesarios estudios que brinden información asociada a las frecuencias alélicas poblacionales de mutaciones presentes en la población el suroccidente colombiano.

Materiales y Métodos

Estudio descriptivo observacional donde se determinó la frecuencia alélica de variantes presentes en los genes IDUA, IDS, SGSH, NAGLU, HGSNAT, GNS, GALNS, GLB1, ARSB, GUSB, HYAL1, asociados a MPS. Se tomaron los resultados obtenidos de la secuenciación del exoma completo de 320 pacientes sin diagnóstico clínico de MPS del Suroccidente Colombiano, previa firma de consentimiento y asentimiento informado. Por medio de los hallazgos de VCFs se buscaron variantes génicas; para cada una tabuló su posición, cambio de nucleótido, cambio de aminoácido, y frecuencia alélica. La frecuencia alélica es la medida de la proporción relativa de alelos de una población dada, expresándose en porcentaje o en la unidad. Se estimó contando el número de veces que fue observado el alelo de un locus y dividiéndolo entre el número total de alelos estudiados. La medida se hizo por cuenta simple: $f(A) = \# \text{ alelos observados} / \# \text{ total de alelos}$.

Resultados y Discusión

Se reportaron 509 variantes asociadas al complejo MPS; de estas, 262 no han sido reportadas previamente. Las frecuencias alélicas reportadas oscilaron entre 0,00393 (2 alelos) y 0,47937 (248 alelos). En el gen IDUA se presentó un 24% de alelos reconocidos. La heterogeneidad y la prevalencia de mutaciones destacaron la importancia de los estudios de detección multinacionales para ayudar a dilucidar la relación genotipo-fenotipo en trastornos como la MPS I que se caracterizan por una heterogeneidad alélica extensa (2). En cuanto a los alelos encontrados en el gen GALNS, caracterizado por ser uno de los más estudiados mundialmente, con altas frecuencias mutacionales, se encontró la presencia de 14% de los alelos totales. la variante c.1431G>A fué la más frecuente con un 60% de los alelos, seguido en frecuencia por las mutaciones benignas p.H36= y la variante intrónica 634-19G>A con 41% y 34% respectivamente. En todos los demás genes asociados al complejo MPS no se encontraron alelos que presentaran alta incidencia, por lo que la literatura actual sobre las posibles mutaciones asociadas a estos genes es reducida, generando un componente importante en el conocimiento de los polimorfismos encontrados en personas sin la enfermedad (3).

Conclusión

Los estudios en MPS permiten alertar a la comunidad médica y a las autoridades de salud buscando identificar precozmente e instaurando programas de diagnóstico temprano, ya que actualmente existe tratamiento específico para varias MPS, asociado a la importancia del manejo transdisciplinario que minimice la morbilidad-mortalidad atribuida este complejo patológico.

Financiación y Agradecimientos

Los autores declaran no tener conflictos de intereses. Proyecto financiado con recursos propios.

Referencias

1. Moreno-Giraldo et al (2020) Genomic variability of the mucopolysaccharidosis complex in southwestern Colombia. *Genetics and Molecular Research* 19 (2): gmr18502
2. Zanetti A, D'Avanzo F, Rigon L, Rampazzo A, et al. (2019). Molecular diagnosis of patients affected by mucopolysaccharidosis: a multicenter study. *Eur. J. Pediatr.* 178: 739- 753
3. Lin HY, Chan WC, Chen LJ, Lee YC, Yeh SI (2019). Ophthalmologic manifestations in Taiwanese patients with mucopolysaccharidoses. *Mol Genet Genomic Med.* 7(5):e00617. doi: 10.1002/mgg3.617.

RESPUESTAS METABÓLICAS DE *Thalassia testudinum* ANTE LA ENFERMEDAD DE DEBILITAMIENTO EN PRADERAS DEL CARIBE COLOMBIANO

Maribeb Castro Gonzalez¹, Diana Isabel Gomez², Ericsson Coy Barrera¹, Laura Sánchez², Andres Acosta², Paola Andrea Mendoza¹

¹Universidad Militar Nueva Granada. Correo electrónico: maribeb.castro@unimilitar.edu.co

²Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras “José Benito Vives de Andrés” - INVEMAR

Resumen

Con esta investigación se estimaron algunos parámetros epidemiológicos, así como la respuesta metabólica de pastos marinos con síntomas asociados a la enfermedad del debilitamiento en dos áreas del Caribe Colombiano.

Palabras Clave: Metabolómica, protista marino, pastos marinos, *Thalassia testudinum*.

Abstract

With this research, some epidemiological parameters were estimated as well as the metabolic response of sea grasses with symptoms associated with the wasting disease in two areas of the Colombian Caribbean.

Keywords: metabolomics, marine protist, seagrass meadows, *Thalassia testudinum*.

Introducción

Thalassia testudinum es el pasto marino preponderante del Caribe colombiano y, desde el año 2009, se han observado síntomas de la enfermedad del debilitamiento, similares a los observados en *Zostera marina* en el Atlántico norte, causados por el patógeno endófito *Labyrinthula zosterae*. El objetivo de esta investigación fue estimar la incidencia y severidad de la enfermedad, en dos áreas de la región Caribe, y analizar si la infección promueve una respuesta metabólica particular al pasto, de tal forma que pueda ser usado como parámetro para una caracterización inicial de la interacción entre la planta marina y el patógeno.

Materiales y Métodos

Se realizaron muestreos en época de lluvias en Isla Providencia y Bahía de Chengue (Parque Nacional Natural Tayrona), se cuantificó la incidencia y severidad de la infección y se compararon los perfiles metabólicos de plantas sanas y enfermas, que fueron obtenidos por extracción Sólido-Líquido (S-L) asistida por ultrasonido y posterior análisis por cromatografía de gases acoplado a espectrometría de masas, previa derivatización con MTFSA.

Resultados y Discusión

Los resultados indicaron que la mayor incidencia (15%) y severidad (35,8%) del hongo se dieron en praderas de isla Providencia, y se detectaron cambios en la presencia y abundancia de azúcares entre pastos sanos y enfermos. Por otra parte, los perfiles metabólicos de rizomas y hojas mostraron variaciones particulares en precursores de compuestos fenólicos y monosacáridos (alcohol alílico y talosa presente en rizomas) y disacáridos y precursores de terpenoides (sucrosa e isopent-3-en-2-ona presente en hojas) entre plantas sanas y enfermas y entre áreas de muestreo. Estos resultados concuerdan con lo reportado para *T. testudinum* y *Z. marina*, en los que algunos ácidos fenólicos y otros metabolitos pueden asociarse con la respuesta a la infección, ya sea directa o indirectamente, a través de una pseudo-inducción por mayor abundancia de carbono sobre las lesiones que conlleva a la acumulación de fenoles y azúcares.

Conclusión

Se observó una mayor incidencia y severidad de la enfermedad en praderas de Isla Providencia en comparación con praderas del Parque Nacional Natural Tayrona. Además el perfil metabólico mostró clara variación entre plantas sanas y enfermas y entre áreas de muestreo.

Financiación y Agradecimientos

Producto derivado del proyecto INV-CIAS-2947 financiado por la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad Militar Nueva Granada y el INVEMAR, vigencia 2019.

Referencias

Bockelmann A-C, Tams V, Ploog J, Schubert PR, Reusch TBH. (2013). Beds. PLoS ONE 8(5): e62169. doi:10.1371/journal.pone.0062169

Bockelmann, A.C., Beining, K., Reusch, T.B.H. (2012). Marine Ecology Progress Series, 445:109-116.

Jakobsson-Thor S, Toth GB, Brakel J, Bockelmann AC, Pavia H. (2018). Marine Ecology Progress Series 587: 105–115.

ACTIVIDAD DE UNIÓN A RETICULOCITOS HUMANOS DEL FRAGMENTO CONSERVADO DE LA PROTEÍNA MSP10 DE *Plasmodium vivax*

Laura Alejandra Ricaurte Contreras¹, Darwin Andrés Moreno Pérez², Elizabeth Gutiérrez Vásquez³, Laura Esperanza Cuy Chaparro⁴, Manuel Alfonso Patarroyo Gutiérrez²

¹Universidad Nacional de Colombia - Fundación Instituto de Inmunología (FIDIC).
Correo electrónico: lauraleja_9510@hotmail.com

²Universidad del Rosario - FIDIC

³Universidad Nacional de Colombia – FIDIC

⁴Universidad de Boyacá - FIDIC

Resumen

Plasmodium vivax es un parásito que causa malaria en humanos. Esta especie usa fragmentos de sus proteínas para adherirse a reticulocitos los cuales son un blanco de acción importante para componer una vacuna. Por ende, en este estudio se determinó la capacidad de unión de la región conservada de PvMSP10.

Palabras Clave: *Plasmodium vivax*, adhesión, reticulocitos, PvMSP10.

Abstract

Plasmodium vivax is a parasite that causes malaria in humans. This species uses fragments of its proteins to adhere to reticulocytes which are an important action target for making up a vaccine. Therefore, this study determined the joining capacity of the preserved region of PvMSP10.

Keywords: *Plasmodium vivax*, adhesion, reticulocytes, PvMSP10.

Introducción

Plasmodium vivax es la segunda especie de importancia epidemiológica mundial dada su distribución geográfica. Este parásito invade preferencialmente reticulocitos humanos, proceso facilitado por el censo inicial de dichas células mediante las moléculas de superficie del merozoito (MSP); por ende, el estudio de dichas moléculas es importante para diseñar métodos de control. MSP10 ha sido sugerida como un potencial candidato a vacuna debido a que presenta una región altamente conservada y, además, su homólogo en *Plasmodium falciparum* participa en la invasión (1). Sin embargo, no hay reportes experimentales a la fecha que demuestren la función de esta molécula en *P. vivax*.

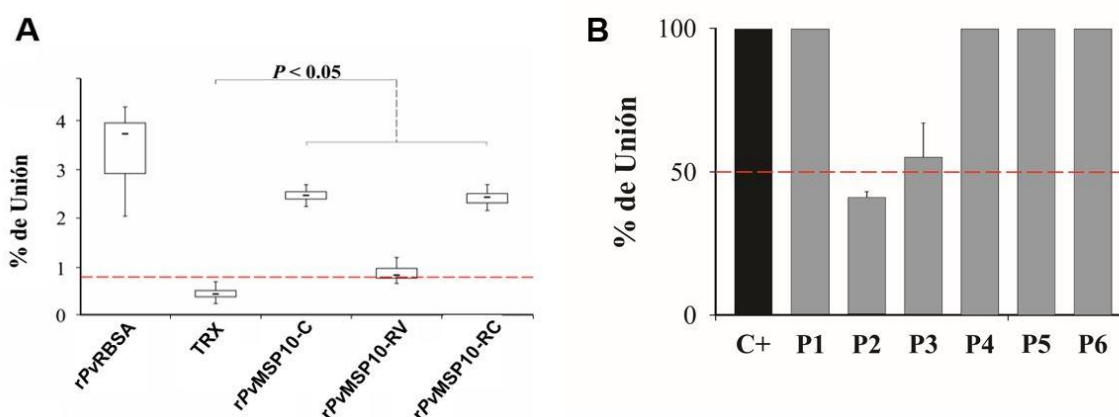
Materiales y Métodos

La secuencia del gen *pvmSP10* de la cepa de referencia Salvador-1 se utilizó para diseñar cebadores con el fin de amplificar el gen completo (*pvmSP10-c*) o dos fragmentos (conservado (*pvmSP10-rc*) y variable (*pvmSP10-rv*)) de acuerdo con los

análisis de selección natural reportados previamente (2). Cada producto se ligó al vector pET32b+ y luego se transformó en células de *Escherichia coli*. Posterior a validar la secuencia, se hizo la expresión de manera recombinante en células *E. coli* BL21-DE3 y luego se purificó cada molécula por cromatografía de afinidad de iones metálicos inmovilizados. Las proteínas purificadas se usaron para evaluar la unión a reticulocitos provenientes de humanos adultos enriquecidos con microperlas magnéticas CD71+ (MACS). Cuatro péptidos de 20 aminoácidos de largo no sobrelapados, derivados de la región conservada, se usaron para hacer ensayos de competencia. Las interacciones proteína-célula se determinaron por citometría de flujo analizando 100 mil eventos (3).

Resultados y Discusión

A pesar de que se han caracterizado varias moléculas de *P. vivax*, el rol de unión para aquellas proteínas de superficie del merozoito es poco conocido. Por ende, en este estudio se determinó el papel de unión de PvMSP10 a reticulocitos humanos. Se encontró que PvMSP10 se une a reticulocitos, siendo la región conservada la que presenta actividad de unión al igual que la región N348-Q507 de su homólogo en *P. falciparum* (1). En particular, esta región se compone de dos dominios EGF-like, los cuales facilitan la interacción parásito-hospedero y son bastante conservados entre Apicomplexas. Interesantemente, dos péptidos derivados de dicha región (42419: 388DKEECRCRANYMPDDSDYF407 y 42420: 415KDCSKENGNCVNAECSIDK434) disminuyeron la unión de PvMSP10 a reticulocitos en un 59% y 45% respectivamente, lo que soporta la idea que la interacción es gobernada por dichos residuos. Estos resultados destacan la utilidad de los análisis de selección natural para encontrar regiones funcionales o estructuralmente importantes para el parásito. Considerando la enorme conservación y selección negativa reportada para el gen, sumado a los resultados aquí encontrados, se sugiere que los péptidos 42419 y 42420 muestran características idóneas para continuar analizando su utilidad en el desarrollo de una vacuna completamente efectiva contra la especie.



A. Diagrama de caja que muestra los porcentajes de unión de cada recombinante a reticulocitos humanos. La línea de puntos (roja) indica el umbral de positividad **B.** La gráfica representa la inhibición de la unión de rPvMSP10-C. Se muestra el porcentaje de inhibición de la unión usando péptidos. C + es el control positivo (rPvMSP10-C). P1-P4 son los resultados obtenidos usando los péptidos 42418, 42419, 42420 y 42421, respectivamente. Los controles negativos son P5 (péptido de *M. tuberculosis* (39266)) y P6 (péptido de *P. vivax* derivado de RBSA 40893). Se muestra la desviación estándar de 3 tres ensayos independientes en ambos casos

Conclusión

Este es el primer estudio en el que se demuestra que PvMSP10 interactúa con reticulocitos humanos. Dicha interacción es mediada por los péptidos 388DKEECRCRANYMPDDSVDYF407 y 415KDCSKENGNCDVNAECSIDK434 los cuales se derivan de los dominios EGF-like. No obstante, futuros estudios son requeridos para postularlos como potenciales candidatos a vacuna.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por la Universidad del Rosario y por la Fundación Instituto de Inmunología de Colombia (FIDIC). Agradecemos de antemano al equipo de trabajo de Biología Molecular y a los estudiantes quienes participaron en este proceso.

Referencias

1. Nagaoka, H., Kanoi, B. N., Jinoka, K., Morita, M., Arumugam, T. U., Palacpac, N. M. Q., . . . Takashima, E. (2019). The N-Terminal Region of Plasmodium falciparum MSP10 Is a Target of Protective Antibodies in Malaria and Is Important for PfGAMA/PfMSP10 Interaction. *Front Immunol*, 10, 2669. doi:10.3389/fimmu.2019.02669
2. Garzon-Ospina, D., Forero-Rodriguez, J., & Patarroyo, M. A. (2015). Inferring natural selection signals in Plasmodium vivax-encoded proteins having a potential role in merozoite invasion. *Infect Genet Evol*, 33, 182-188. doi:10.1016/j.meegid.2015.05.001
3. Camargo-Ayala, P. A., Garzon-Ospina, D., Moreno-Perez, D. A., Ricaurte-Contreras, L. A., Noya, O., & Patarroyo, M. A. (2018). On the Evolution and Function of Plasmodium vivax Reticulocyte Binding Surface Antigen (pvrbsa). *Front Genet*, 9, 372. doi:10.3389/fgene.2018.00372

USO DE HERRAMIENTAS GENÓMICAS PARA EL DIAGNÓSTICO DE ENFERMEDADES COMPLEJAS

Harold Giron Osorio¹, Giselle Alejandra Gomez Castro¹, Lina Johanna Moreno Giraldo^{1,2}

¹Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: Haroldgirono@gmail.com

²Universidad del Valle, Facultad de Salud. Especialización en Pediatría. Universidad del Valle 3. Maestría en Ciencias Biomédicas Énfasis en Genética Médica – Universidad del Valle, 4. Doctorado en Ciencias Biomédicas – Universidad del Valle. 5. Universidad Libre. 6. Grupo de Investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo. Categoría A Colciencias 2019. 7. I

Resumen

La secuenciación del exoma completo permite detección de variantes nuevas y conocidas en genes relacionados a enfermedades genéticas complejas. La bioinformática mediante tecnología in silico permite organizar, analizar información biológica, comprender la aparición, evolución de las enfermedades, analizar las variantes encontradas, permitiendo establecer un diagnóstico, tratamiento y consejería genética oportuna.

Palabras Clave: medicina genómica, secuenciación completa del exoma, variantes, bioinformática, tecnología in silico, enfermedad compleja.

Abstract

Whole exome sequencing is a tool that allows the detection of gene variants that cause complex diseases. Bioinformatics through in silico technology allows organizing, analyzing biological information, understanding the appearance and evolution of diseases, analyzing the variants found, allowing establishing a diagnosis, treatment and timely genetic counseling.

Keywords: genomic medicine, complete exome sequencing, variants, bioinformatics, in silico technology, complex disease.

Introducción

La Atrofia Óptica tipo 1 es una enfermedad genética hereditaria, 60 – 80% de los casos se deben a variantes patogénicas del gen OPA1 (3q28-q29), que alteran la función mitocondrial, haciendo a las células susceptibles de apoptosis (1). Las células ganglionares de la retina mueren gradualmente y los nervios ópticos se atrofian. Los pacientes presentan disminución visual progresiva, hipoacusia neurosensorial, neuropatía periférica, miopatía y oftalmoplejía externa (2). La secuenciación exómica aumenta el conocimiento de la función de genes e implicación de las variantes identificadas a fin de establecer una correlación genotipo–endotipo–fenotipo explicando la etiología de una condición clínica específica.

Materiales y Métodos

Paciente femenina de 39 años con cuadro clínico que inició a los 26 años de edad consistente en progresiva ptosis palpebral y estrabismo bilateral, síndrome del túnel del carpo bilateral, con potenciales evocados visuales anormales compatibles con trastorno desmielinizante bilateral, electroretinograma con compromiso de fotorreceptores a nivel macular, audiometría con pérdida auditiva bilateral de tipo neurosensorial leve. Se practicó biopsia muscular por sospecha de Miastenia Gravis que resultó negativa. Con diagnóstico de atrofia óptica plus por oftalmoplejía externa progresiva. Se solicitó secuenciación exómica dirigida a fin de establecer la respectiva correlación fenotipo – genotipo.

Resultados y Discusión

El estudio de secuenciación exómica dirigido identificó inicialmente 2 variantes en el gen OPA 1 en estado heterocigoto de significado clínico incierto, por lo tanto, conociendo y reconociendo el impacto de la reclasificación de las variantes genéticas se realizó estudio bioinformático mediante tecnología *in silico* a fin de poder establecer posible correlación genotipo/fenotipo. Se consultaron diversas bases de datos: Exac, 1000Genomes, ClinVar, MedGen, HGMD, OMIM, LOVD, HGMD, ClinVar, GenomaD y GenViewe y software de predicción de exones como: SIFT, Polyphen-2, Mutation Taster, UMD-Predictor, Provean, HSF e Intervar para la interpretación clínica de variantes genéticas según la guía de American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG) y la Association for Molecular Pathology (AMP). Con previo consentimiento informado de la paciente se exponen los resultados de los estudios realizados. De acuerdo a los resultados obtenidos se estableció el diagnóstico de atrofia óptica tipo 1, la cual es la forma más frecuente de atrofia óptica hereditaria. Es considerada para Colombia como Enfermedad Huerfana (Resolución 5265/2018) dada su baja prevalencia poblacional.

GEN	CAMBIO EN ADN	PROTEINA	CIGOSIDAD
OPA 1	c.2506C>T	p.Arg836Trp	Heterocigoto
OPA 1	c.116G>A	p.Ser39Asn	Heterocigoto

CAMBIO PROTEICO	PROVEAN	SIFT	UMD - predictor	LOVD	HSF	Mutation Taster
p.Arg836Trp	patogénico	patogénico	patogénico	patogénico	Alteración potencial de sitio de Splicing	patogénico
p.Ser39Asn	patogénico	patogénico	-	patogénico	Alteración potencial de sitio de Splicing	patogénico

Figura 1. Análisis bioinformático – Reclasificación de Variante mediante tecnología *In Silico*.

Conclusión

Uno de los avances diagnósticos moleculares es la secuenciación exómica que incrementa el conocimiento de función de genes e implicación de las variantes. El uso de herramientas bioinformáticas permite la reclasificación de significancia de variantes para correlacionar genotipo-endotipo-fenotipo de una condición clínica específica e instaurar un diagnóstico y tratamiento oportuno.

Financiación y Agradecimientos

Referencias

1. Chao de la Barca JM, Prunier-Mirebeau D, Amati-Bonneau P, Ferré M, Sarzi E, Bris C, et al. (2016). ELSEVIER. OPA1-related disorders: Diversity of clinical expression, modes of inheritance and pathophysiology. 90:20–6.
2. Ferré M, Caignard A, Milea D, Leruez S, Cassereau J, Chevrollier A, et al. (2015). Human Mutation. Improved locus-specific database for OPA1 mutations allows inclusion of advanced clinical data. 36(1):20–25.
3. Chun BY, Rizzo JF. (2017). ELSEVIER. Dominant Optic Atrophy and Leber's Hereditary Optic Neuropathy: Update on Clinical Features and Current Therapeutic Approaches. 24(2):129–34.

DIVERSIDAD GENÉTICA DEL COLIBRÍ DE COLA RUFA (*Amazilia tzacatl*) EN SANTANDER, COLOMBIA

Yesid Albarracín, Fernando Rondón-González

Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander. Correo electrónico: ferongon@uis.edu.co

Resumen

Se evaluó la diversidad genética de *A. tzacatl* en el departamento de Santander, a partir de secuencias del gen mitocondrial ND2. Los valores de diversidad nucleotídica y haplotípica fueron contrastantes. Los resultados evidencian un patrón sur - norte en la distribución haplotípica, aislamiento por distancia y estratificación en subpoblaciones.

Palabras Clave: ADNmt, haplotipos, estructura genética, flujo génico restringido.

Abstract

We assessed the genetic diversity of *A. tzacatl* in the department of Santander, using ND2 mitochondrial gene sequences. Nucleotide and haplotype diversities were contrasting, showing a south-north haplotype distribution pattern, isolation by distance and stratification in subpopulations.

Keywords: mtDNA, haplotypes, genetic structure, restricted gene flow.

Introducción

El colibrí de cola rufa *Amazilia tzacatl* es una especie ampliamente distribuida en el neotrópico, catalogada como de preocupación menor [1]. Los estudios de diversidad genética en aves se enfocan en especies con determinadas características (endémicas, en peligro de extinción, fragmentadas, entre otras), dejando de lado especies comunes o con un grado menor de amenaza, como es el caso de *A. tzacatl*. Teniendo en cuenta lo anterior, el presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la diversidad genética de este colibrí en el departamento de Santander, Colombia, mediante el uso de secuencias del gen mitocondrial ND2.

Materiales y Métodos

El área de estudio comprendió la Hacienda El Roble (Los Santos), vereda La Colorada (San Vicente de Chucurí) y vereda San Benito (Rionegro); todas asociadas a distintos agroecosistemas. Las aves fueron capturadas con redes de niebla e identificadas con guías de campo disponibles para Colombia. La extracción de ADN se realizó a partir de muestras de sangre mediante el protocolo de fenol-cloroformo. El gen mitocondrial ND2 fue amplificado con cebadores de uso generalizado en Aves y los productos fueron secuenciados. La edición de las secuencias se realizó en UGENE v33.0. La estimación de parámetros de diversidad genética se llevó a cabo en DNAsp v6.12, mientras que el

análisis de estructura genética (AMOVA), la evaluación de hipótesis de aislamiento por distancia y de neutralidad fueron realizados en Arlequin v3.5 [2].

Resultados y Discusión

La longitud de las secuencias ND2 de *A. tzacatl* obtenidas son de 960 nucleótidos, los cuales cubren el 92,23% del gen. Las secuencias presentan en promedio 98 mutaciones por localidad (90 transiciones y 8 transversiones). En total se detectaron 10 sitios polimórficos y se caracterizaron 10 haplotipos, 7 de estos únicos, a saber: tres en El Roble, dos en La Colorada y dos en San Benito. La diversidad nucleotídica estimada es $\pi = 0,00312 \pm 0,00045$ y la diversidad haplotípica es $h = 0,867 \pm 0,048$; estos valores están acorde con lo reportado en aves [3] y pueden estar asociados a dinámicas poblacionales específicas. El AMOVA mostró que el 82,95% de la variación se debe al aporte de individuos dentro de subpoblaciones, mientras que el índice de fijación global es $\Phi_{ST} = 0,171$ ($p = 0,02196 \pm 0,00045$), evidenciando diferenciación genética dentro de las localidades consideradas asociada a subestructura poblacional, soportada por una correlación positiva ($R^2 = 0,99$) entre la distancia geográfica y el grado de flujo génico. El análisis de neutralidad mostró que *A. tzacatl* en El Roble y La Colorada se estaría presentando una posible reducción del tamaño poblacional, lo que no se vislumbra para San Benito.

Conclusión

Los estimadores analizados permiten concluir que *A. tzacatl* constituye una metapoblación con presencia de subestructura poblacional y aislamiento por distancia en el departamento de Santander, presentando una relación directa entre la distancia geográfica y el bajo flujo génico estimado que aportan las hembras.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a la Vicerrectoría de Investigación y Extensión por el apoyo del proyecto VIE-UIS 2418 “Identificación, prevalencia y composición de Hemoparásitos causantes de Malaria en aves silvestres asociadas a agroecosistemas en el departamento de Santander”, con el cual se adelantó el presente trabajo.

Referencias

[1] BirdLife International. IUCN Red List of Threatened Species: *Amazilia tzacatl*. IUCN Red List of Threatened Species 2016. <https://www.iucnredlist.org/en> (accessed August 16, 2020).

[2] Excoffier L, Lischer HEL. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 2010;10:564–7. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>

[3] Miller MJ, Bermingham E, Klicka J, Escalante P, Winker K. Neotropical birds show a humped distribution of within-population genetic diversity along a latitudinal transect: Tropical latitudinal gradients in genetic diversity. *Ecology Letters* 2010;13:576–86. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2010.01454.x>.

REDES MOLECULARES DE BIOSURFACTANTES ANTIMICROBIANOS PROVENIENTES DE BACTERIAS MARINAS

Albert D. Patiño, Manuela Montoya-Giraldo, Marynés Quintero, Lina M. Blandón, Javier Gómez-León

Laboratorio de Bioprospección Marina, Instituto de investigaciones marinas y costeras "José Benito Vives de Andrés"-INVEMAR, Calle 25 No. 2-55, Playa Salguero, Santa Marta D.T.C.H., Santa Marta, Colombia

*Correo electrónico: lina.blandon@invemar.org.co ; lmblando@unal.edu.co

Resumen

Este estudio destaca la producción de biosurfactantes con actividad antimicrobiana y no-tóxica encontrada en bacterias marinas. Los biosurfactantes se caracterizaron químicamente por FT-IR, TGA, CLAE-MS/MS, y el análisis metabólico fue hecho mediante redes moleculares. Seis surfactinas fueron identificadas. Los biosurfactantes presentaron actividad antimicrobiana contra *Candida albicans* y *Staphylococcus aureus* meticilino-resistente.

Palabras clave: Surfactina, Lipopéptidos, CLAE-MS.

Abstract

This study highlights the biosurfactants production with antimicrobial activity and non-toxicity found on marine bacteria. The biosurfactants were chemically characterized through FT-IR, TGA, LC-MS/MS, and the metabolic analysis was done through molecular networking. Six surfactin isoforms were identified. The biosurfactants presented antimicrobial activity against *Candida albicans* and Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*.

KeyWords: Surfactin, lipopeptides, HPLC-MS.

Introducción

Los biosurfactantes son conocidos por su aplicación en biorremediación, además, se ha demostrado que poseen propiedades de importancia biomédica como la antimicrobiana. Este trabajo, presenta la producción de estos compuestos a partir bacterias marinas, la evaluación de su actividad antimicrobiana, ecotóxica y la construcción de sus redes moleculares [1].

Materiales y métodos

Las bacterias fueron cultivadas por 7 días en medio de cultivo Bushnell-haas modificado con melaza al 1.0%, al medio de cultivo libre de células se le realizó la extracción de biosurfactantes extracelulares de 5 bacterias marinas, con HCl (2,0 N) y una mezcla CH₃Cl: MeOH (65:35). Los extractos fueron caracterizados por FT-IR, TGA, CLAE-MS. Los datos de espectrometría de masas fueron procesados y alineados en el

software de libre uso MZmine y los resultados fueron cargados a la plataforma en línea GNPS. Por último, se evaluó su actividad antimicrobiana de los biosurfactantes (contra *Staphylococcus aureus* meticilino-resistente (SARM) ATCC 43300 y *Candida albicans* ATCC 10231) y la toxicidad en un ensayo hemolítico de eritrocitos y letalidad en *Artemia franciscana* [2].

Resultados y discusión

En la producción de biosurfactantes se evidenciaron diferencias en cuanto a cantidad y color, características dependientes de su origen (tipo de bacteria). El mayor rendimiento se obtuvo con una cepa de *Bacillus* sp. La caracterización química mostró que los extractos poseían biosurfactantes de tipo lipopéptido por poseer bandas características en infrarrojo, el análisis de TGA evidenció una temperatura de estabilidad de 300°C para los biosurfactantes y el análisis por CLAE-MS permitió identificar tentativamente algunos lipopéptidos presentes en el extracto.

El análisis de redes moleculares (Figura 1) propuso relaciones en la producción metabólica de las bacterias y posibles derivados de surfactinas que se están produciendo en común e identificación de isoformas de surfactina desconocidas.

En la actividad antimicrobiana de los biosurfactantes contra *S. aureus* (SARM) y *C. albicans* se obtuvieron valores de MIC₅₀ entre (12,5-37,5) mg. L⁻¹ contra ambos patógenos.

Los biosurfactantes no presentaron efecto hemolítico (<1%), ni ecotóxico en larvas de camarón de salmuera (*Artemia franciscana*), con valores inferiores a 150 mg. L⁻¹, siendo estos biosurfactantes prometedores para estudios posteriores.

Los ambientes extremos como los fondos marinos pueden ser una fuente importante para el aislamiento de nuevos microorganismos productores de biosurfactantes con uso ambiental y farmacéutico [3].

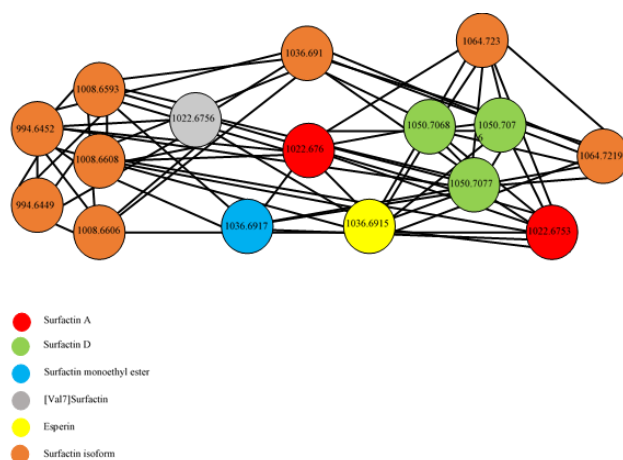


Figura 1.

Conclusión

Los resultados obtenidos permitieron concluir que las bacterias marinas de profundidad evaluadas producen biosurfactantes de tipo lipopéptido con actividad Mem. Congreso. Nac. Cienc. Biológicas ISSN 2665-265X No. 03 Noviembre 07 de 2020 Versión 55 Nacional y 6 Internacional (Virtual) -Cali

antimicrobiana y no-tóxica, los compuestos identificados por el análisis metabólico pueden estar asociados al género de la bacteria y el lugar de aislamiento.

Financiación y agradecimientos

Al Invemar y Minambiente por la financiación, a través del Banco de Proyectos de Inversión Nacional y a la Agencia Nacional de Hidrocarburos (ANH). Esta investigación se encuentra bajo el contrato de acceso a recursos genéticos y producto derivado No. 123; expediente RGE0 158-5, otorgado al Invemar por Minambiente.

Referencias

[1]Prestinaci F, Pezzotti P, Pantosti A. (2015). Antimicrobial resistance: A global multifaceted phenomenon. *Pathogens and Global Health*. 109(7): 309–318.

[2]Moro G V., Almeida R. T. R, Napp A. P, Porto C, Pilau E. J, Lüdtke D. S, et al. (2018). Identification and ultra-high-performance liquid chromatography coupled with high-resolution mass spectrometry characterization of biosurfactants, including a new surfactin, isolated from oil-contaminated environments. *Microb Biotechnol*. 11(4):759–769.

[3]Kecskeméti A, Bartal A, Bóka B, Kredics L, Manczinger L, Shine K, et al. (2018). High-frequency occurrence of surfactin monomethyl isoforms in the ferment broth of a bacillus subtilis strain revealed by ion trap mass spectrometry. *Molecules*. 23(9): 2224.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN AISLADOS PRIMARIOS DEL SEROTIPO 3 DEL VIRUS DENGUE (DENV-3) MUESTREADOS EN DEPARTAMENTOS DE COLOMBIA

Gustavo Ortega-Blanco¹, María Fernanda Carreño², Fernando Rondón-González¹,
Raquel Ocazonez³

¹Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Universidad Industrial de Santander (UIS), Bucaramanga, Colombia. Correo electrónico: gustavo.ortega@correo.uis.edu.co ; ferongon@uis.edu.co

²Departamento de Ciencias Naturales, Facultad Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias, Universidad de Santander (UDES).

³Grupo de Arbovirus, Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales (CINTROP), Universidad Industrial de Santander.

Resumen

En Colombia, desde 2001 dengue virus serotipo 3 (DENV-3) genotipo III participa en epidemias. Se estimó la diversidad genética de 159 secuencias muestreadas en Colombia. Se identificaron dos haplogrupos cocirculando en el territorio. Los análisis sugieren una expansión demográfica y una alta diversidad genética de DENV-3 de Colombia.

Palabras Clave: Dengue, DENV-3, Diversidad genética.

Abstract

In Colombia, since 2001 dengue virus serotype 3 (DENV-3) genotype III participates in epidemics. The genetic diversity of 159 sequences of DENV-3 sampled in Colombia was estimated. Two haplogroups were identified co-circulating in the territory. Analyzes suggest demographic expansion and high genetic diversity of DENV-3 from Colombia.

Keywords: Dengue, DENV-3, Genetic diversity.

Introducción

En Colombia el serotipo 3 del virus del dengue (DENV-3) genotipo III se detectó por primera vez en el año 2001 en la región noroeste; en 2002, el virus se detectó en las regiones occidentales y sur, causando una gran epidemia, este virus también fue el más prevalente en la epidemia de 2009-2010, pero se convirtió en el segundo menos prevalente desde 2014. Conocimiento sobre la diversidad genética del virus en el país es requerida, por esto, se estudió la diversidad y diferenciación genética a partir del gen E en aislados de DENV-3 muestreados en diferentes departamentos de Colombia.

Materiales y Métodos

Se analizaron secuencias completas de nucleótidos del gen E de DENV-3 muestreados en Colombia. 70 secuencias fueron proporcionadas por el Laboratorio de Arbovirus CINTROP y 89 fueron descargadas de base de datos GenBank. El conjunto de datos filtrado incluyó 127 secuencias de 11 departamentos y 32 de procedencia incierta. Se

construyó un árbol filogenético con método ML (software RAxML v.8.2). Del total de secuencias se detectaron los sitios polimórficos, la diversidad haplotípica (h) y nucleotídica (π) [1], además de estimarse el flujo génico (Nm) [2], y se construyó una red de haplotipos MJ [3]. Análisis de varianza molecular (AMOVA) y evaluación de pruebas de neutralidad de Tajima y F_U fueron llevadas a cabo [2].

Resultados y Discusión

El análisis ML recuperó dos linajes de DENV-3 cocirculando en Colombia desde el año 2003. En total se identificaron 310 sitios polimórficos; Santander, Antioquia y Valle del Cauca son los departamentos que aportan la mayor cantidad de estos. Se recuperó una red MJ con 134 haplotipos que conforman dos haplogrupos diferenciados por 17 cambios mutacionales, estos haplogrupos coinciden con los dos linajes recuperados en el árbol ML. La diversidad nucleotídica ($\pi=0.017\pm 0.00051$) y haplotípica ($H=0.997\pm 0.0011$) sugieren expansión de la población viral desde 2001, soportados con los estimadores de Tajima ($D=-1,987$, $p<0,05$) y F_U ($FS=-7,622$, $p> 0,02$). El AMOVA indica muy alta diferenciación genética soportado con el valor $\Phi_{ST}>0,25$. Las secuencias DENV-3 de Valle del Cauca y Santander exhibieron valor de migrantes por generación $Nm>1$ con ocho de los 11 departamentos, contrario a las secuencias de Sucre que mostraron valores de $Nm<1.0$ con todos los demás departamentos. La alta diversidad genética de DENV-3 en Colombia podría estar relacionada con el origen geográfico y expansión demográfica del virus con distintas rutas de dispersión en todo el país. Se necesitan estudios exhaustivos para comprender mejor el papel de la diversidad genética en la dinámica de DENV-3.

Conclusión

Los análisis genéticos poblacionales a partir de secuencias del gen E de DENV-3 sugieren expansión demográfica y alta diversidad genética, además de elevada diferenciación poblacional de este virus en Colombia.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a la Vicerrectoría de Investigación y Extensión por el apoyo del proyecto VIE-UIS FS201803.

Referencias

[1] Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Mol. Biol. Evol.* 34: 3299-3302. DOI: 10.1093/molbev/msx248.

[2] Excoffier, L & H.E. L. Lischer (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564-567.

[3] Network v.5.0.1.1. Fluxus Technology Ltd.

VARIABILIDAD GENÉTICA DE LOS POLIMORFISMOS rs4998, rs2075291, rs2241766 Y rs1800571 ASOCIADOS CON SÍNDROME METABÓLICO EN UNA POBLACIÓN DE BUCARAMANGA, SANTANDER

Valentina Hernández-Espinosa¹, Adriana Castillo-Pico¹, Gerardo Mantilla-Mora¹, Clara Inés Vargas-Castellanos¹, Fernando Rondón-González², Lina Vera-Cala³, Viviana Pérez-Romero^{1,4}

¹Grupo de Investigación en Genética Humana, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. Correo electrónico: valehernandez17@gmail.com

²Grupo de Investigación en Microbiología y Genética, Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

³Departamento de Salud Pública, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

⁴Grupo de Investigación en Ciencias Básicas Aplicadas a la Sostenibilidad, Universidad de Santander, Bucaramanga, Colombia

Resumen

El síndrome metabólico es una enfermedad compleja que involucra factores ambientales y genéticos. En este estudio se evaluaron 4 marcadores SNPs relacionados con esta condición. Tres polimorfismos se encontraron en equilibrio genético lo que permite evaluar posibles asociaciones. No se obtuvieron diferencias significativas entre los grupos de casos y controles.

Palabras Clave: Síndrome Metabólico, SNP, Bucaramanga, casos y controles, genes asociados.

Abstract

Metabolic syndrome is a complex disease that involves environmental and genetic factors. We evaluated 4 SNP markers related to this disease. Three polymorphisms analyzed were found in genetic equilibrium, allowing the implementation of association studies. No significant differences were found between the affected and unaffected groups.

Keywords: Metabolic Syndrome, SNP, Bucaramanga.

Introducción

El síndrome metabólico (SM) es una enfermedad multifactorial que incluye interacciones genético-ambientales, que generan alteraciones como el aumento de la glucemia en ayunas, los triglicéridos en sangre y la presión arterial, obesidad central y una reducción del colesterol HDL [1]. Se han identificado polimorfismos tipo SNP en genes asociados con la alteración de rutas metabólicas que llevan al SM, como ADRB3, APOA5, ADIPOQ y PPARG. Conocer la distribución de dichos polimorfismos en individuos afectados y no afectados con SM, permite identificar posibles diferencias

antes de realizar estudios de asociación entre estos polimorfismos y el SM en la población estudiada [2,3].

Materiales y Métodos

La muestra estuvo conformada por 137 individuos provenientes de Bucaramanga, Santander; a quienes se les recolectó una gota de sangre en papel de filtro y se les extrajo el ADN con el kit PrepFiler Forensic DNA®. Los polimorfismos se amplificaron en una PCR multiplex usando cebadores específicos, diseñados para cada uno de los cuatro SNPs incluidos en el estudio, a saber: rs4998 del gen ADRB3, rs2075291 del gen APOA5, rs2241766 del gen ADIPOQ y rs1800571 del gen PPARG. La detección se realizó mediante minisequenciación con el kit SNaPshot (Applied Biosystems®). Los fragmentos obtenidos se corrieron por electroforesis capilar en un equipo ABI 310. A partir del análisis de los electroferogramas obtenidos se calcularon las frecuencias alélicas y haplotípicas, así como el equilibrio de Hardy-Weinberg (EHW), utilizando el Software Arlequin v 3.5. Las frecuencias genotípicas fueron calculadas por conteo directo.

Resultados y Discusión

Una vez genotipados los individuos se identificó a que grupo pertenecían cada una de las muestras. El grupo de casos estuvo conformado por (n=40) y el de controles por (n=97). Las frecuencias alélicas fueron similares para los grupos de casos y controles (p=0,977). El genotipo más frecuente para el rs4998 en los casos fue GG (0,90) y en los controles GG (0,835); rs2075291 CC (1,0) y CC (0,958); rs2241766 AA (0,650) y AA (0,701); rs1800571 CC (0,90) y CC (0,845), respectivamente. Esto coincide con las frecuencias reportadas para otras poblaciones. Se identificaron 10 haplotipos diferentes, 4 de los cuales están compartidos entre los casos y controles. Únicamente el polimorfismo rs2075291 del gen APOA5 presentó desviaciones del EHW en los controles, mientras que los polimorfismos rs4998, rs2241766 y rs1800571 se encontraron en equilibrio genético en ambos grupos. Este resultado indica que la población está conformada por individuos que se mezclan al azar, hallazgo que coincide con lo reportado en estudios previos en población bumanguesa a partir de la evaluación con otros marcadores genéticos.

Conclusión

Nuestros datos sugieren que no hay diferencias significativas entre las frecuencias encontradas para los grupos de casos y controles. Así mismo, la presencia de equilibrio HW en la población de estudio posibilita la implementación de trabajos que evalúen las interacciones entre estos polimorfismos y los factores de riesgo del SM.

Financiación y Agradecimientos

Este estudio fue financiado por la Vicerrectoría de Investigación y Extensión de la Universidad Industrial de Santander, código del proyecto VIE-UIS 2366.

Referencias

[1] Dizaji, B. F. (2018). The investigations of genetic determinants of the metabolic syndrome. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews*, 12(5), 783-789.

[2] Zaharan, N. L., Muhamad, N. H., Jalaludin, M. Y., Su, T. T., Mohamed, Z., Mohamed, M. N. A., & A Majid, H. (2018). non-synonymous single-nucleotide Polymorphisms and Physical activity interactions on adiposity Parameters in Malaysian adolescents. *Frontiers in endocrinology*, 9, 209.

[3] Larsen, L. H., Ängquist, L., Vimalaswaran, K. S., Hager, J., Viguerie, N., Loos, R. J., & Martinez, J. A. (2012). Analyses of single nucleotide polymorphisms in selected nutrient-sensitive genes in weight-regain prevention: the DIOGENES study. *The American journal of clinical nutrition*, 95 (5), 1254-1260.

ASOCIACIÓN ENTRE EL POLIMORFISMO 5- HTTLPR del gen SLC6A4 TRANSPORTADOR DE SEROTONINA Y EL SUICIDIO EN LOS DEPARTAMENTOS DEL EJE CAFETERO Y NORTE/CENTRO DEL VALLE

Mónica Osorio Ospina¹, Leonardo Beltrán Angarita², Jairo Franco Londoño¹, Juan Carlos Medina Osorio³, Jennifer Nessim-Salazar⁴, Oscar Mauricio Castaño Ramírez⁵, Germán Moreno Gómez³, Maria Catalina Echeverry- Londoño⁶, Luz Damaris Rojas Rodríguez², Ángela Bravo⁶, Luis Alberto Valencia Estrada³, Carlos Andrés Fandiño Losada⁴

¹Universidad Tecnológica de Pereira. Correo electrónico: m.osorio3@utp.edu.co

²Unidad Central del Valle del Cauca-UCEVA

³Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses

⁴Universidad del Valle

⁵Universidad de Caldas

⁶Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt - Armenia

Resumen

El suicidio es una problemática mundial de salud pública, en Colombia han venido aumentando los fallecimientos por esta causa. Realizamos genotipificación por PCR y electroforesis capilar para establecer la asociación del polimorfismo 5-HTTLPR con suicidio, encontramos que el genotipo SS de 5-HTTLPR es un factor de riesgo para suicidio (OR:1.91).

Palabras Clave: Suicidio, Serotonina, Polimorfismo, Genes.

Abstract

Suicide is a global public health problem, in Colombia deaths from this cause have been increasing. We performed genotyping by PCR and capillary electrophoresis to establish the association of 5-HTTLPR polymorphism with suicide, we found that SS genotype of 5-HTTLPR is a risk factor for suicide (OR: 1.91).

Keywords: suicide, serotonin, polymorphism, genes.

Introducción

El suicidio es una problemática mundial de salud pública, Colombia no es la excepción y particularmente los departamentos de Caldas, Quindío, Risaralda y el norte del Valle del Cauca presentan una tasa de suicidio superior al promedio nacional que se sitúa en 5,93 por cada 100 mil habitantes (Caldas 8,45, Quindío 7,59, Risaralda 7,25, norte del Valle del Cauca 8,08). Recientemente la predisposición a conductas suicidas se ha relacionado con la alteración de ciertas rutas genéticas, moleculares y neurobiológicas. El objetivo de esta investigación es evaluar la asociación del polimorfismo 5-HTTLPR del gen SLC6A4 transportador de serotonina con el suicidio.

Materiales y Métodos

Se han incluido 59 casos de suicidio consumado y 37 controles, consistentes en muertes por eventos accidentales en los departamentos de la investigación. Se realizó genotipificación por PCR y electroforesis capilar. Los datos obtenidos se analizaron en el software STATA ® 14.2, a través de regresiones logísticas se calcularon las Oportunidades Relativas (OR= Odds ratio) para la ocurrencia de Suicidio según los genotipos, tomando los genotipos SL y LL como referencia y ajustando por el sexo de los fallecidos.

Resultados y Discusión

La variante alélica corta de 5-HTTLPR se ha relacionado con métodos activos de suicidio que se caracterizan por ser más violentos, en nuestro estudio encontramos que el genotipo SS del marcador 5-HTTLPR es un factor de riesgo para suicidio (OR:1.91), aunque la asociación entre el genotipo y el evento no es estadísticamente significativa ($p= 0.214$), debido al limitado tamaño de esta muestra preliminar.

Conclusión

Nuestros resultados preliminares sugieren que la presencia del genotipo SS de 5-HTTLPR es un factor de riesgo para suicidio; probablemente relacionado con la severidad de la depresión y otras psicopatologías asociadas al suicidio.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo hace parte del proyecto “Factores de Riesgo y Exploración Genética del Suicidio en el Eje Cafetero y Centro/Norte del Valle del Cauca” financiado por COLCIENCIAS y desarrollado por un equipo interdisciplinario del instituto Cisalva de la Universidad del Valle en asocio con la Unidad central del Valle del Cauca (UCEVA), la Universidad de Caldas, la Universidad Tecnológica de Pereira, la Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt y el Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses.

Referencias

- [1] Macana N. (2018) Forensis 2018 Datos para la Vida: Comportamiento del suicidio. Instituto Nacional de Medicina Legal y Ciencias Forenses. 17, 278.
- [2] Clayden R, Zaruk A, Meyre D, Thabane L, Samaan Z. (2012) The association of attempted suicide with genetic variants in the SLC6A4 and TPH genes depends on the definition of suicidal behavior: a systematic review and meta analysis. 2012. *Transl Psychiatry*. 2(10): e166

VARIANTES EN LOS GENES CNTNAP2 y ARFGEF2 ASOCIADAS AL SÍNDROME DE DISPLASIA-CORTICAL-FOCAL-EPILÉPTICA Y HETEROTOPIA-PERIVENTRICULAR

Jaime David Viafara Belalcazar^{1,4,7}, Lina Johanna Moreno Giraldo^{1,2,3,4,5,6,7}, Daniela Arturo Terranova^{1,4,7}, José María Satizábal Soto^{1,2,4,5,7}

¹Universidad del Valle. Correo electrónico: jaime.viafara@correounivalle.edu.co

²Universidad Santiago de Cali.

³Universidad Libre.

⁴Postgrado en Ciencias Biomédicas – Universidad del Valle.

⁵Énfasis en Genética Medica – Universidad del Valle.

⁶Especialización en pediatría.

⁷Grupo de investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo Colciencias 2019.

Resumen

La Displasia (CDFE) y la Heterotopia Periventricular (HNP) pertenecen a un grupo de enfermedades de malformaciones del desarrollo de la corteza cerebral, poco conocidas en el país. Se realizó la correlación fenotípica y genética de un paciente pediátrico con enfermedad compleja con variantes genotípicas de los genes CTNAP2 y ARFGEF2.

Palabras Clave: Biología Computacional, Síndromes Epilépticos, Estudios de asociación genética, Trastorno Autístico, Secuenciación del Exoma Completo, Variación genética (DeCs).

Abstract

Dysplasia (CDFE) and Periventricular Heterotopia (HNP) belong to a group of diseases of malformations of the development of the cerebral cortex, little known in the country. The phenotypic and genetic correlation of a pediatric patient with complex disease with genotypic variants of the CTNAP2 and ARFGEF2 genes was performed.

Keywords: Computational Biology, Epileptic Syndromes, Genetic Association Studies, Autistic Disorder, Complete Exome Sequencing, Genetic Variation (DeCs).

Introducción

La heterogeneidad genética y fenotípica en los trastornos neuro- psiquiátricos en pediatría, hacen que la prueba secuencial de un solo gen no sea práctica. La secuenciación del exoma permite identificar el orden concreto de los nucleótidos en la molécula de DNA codificante. En la actualidad los análisis del exoma permiten una mayor utilidad clínica para asociación de fenotipos y patologías clínicamente relevantes, incluyendo la epilepsia, aumentan las oportunidades del diagnóstico certero, en especial en aquellos casos que no se pueden atribuir los fenotipos a la variación génica de un solo gen. (1)(2).

Materiales y Métodos

Se presenta el caso clínico de una paciente femenina de 9 años, con diagnóstico clínico de trastorno del espectro autista moderado–severo, asociado a síndrome convulsivo y retraso global del neurodesarrollo, con refractariedad a tratamientos farmacológicos, con antecedente de tratamiento de estimulación magnética transcraneal, suspensión de terapia de ABA (Applied Behavior Analysis) por no cumplimiento de los objetivos terapéuticos. Se realizó la secuenciación de exoma dirigido para epilepsia y se utilizaron softwares de predicción como Mutation Taster, Provean, UMD Predictor, SIFT y POLYPHEN; finalmente se utilizó la base de datos del sistema de predicción de interacciones funcionales de Genes obtenidos GeneMANIA, para evaluar las redes de expresión de interacciones físicas y genéticas.

Resultados y Discusión

Se identificaron variantes exónicas para los genes CNTNAP2 (c.2315T>C) (p. Val772Ala) y ARFGEF2 (c.5107C>C) (p. Glu1703Gln) variantes heterocigotas asociadas al síndrome de CDFE y HNP respectivamente. Se determinó la patogenicidad de las variantes encontradas y se reportó co-interacción entre los genes basada en funciones determinadas de los axones neuronales, regulación de la transcripción, conexión entre membranas y funciones neurales. Las variantes patogénicas reportadas para ambos genes son de tipo missense o no sinónima, diferente a lo reportado por la literatura en donde en la mayoría de los casos, la patogenicidad o la no funcionalidad de los productos protéicos para estas patologías eran el resultado de mutaciones sin sentidos causadas por deleciones. Actualmente resolución 5265 del 27 de noviembre del 2018 por la cual se actualizó el listado de enfermedades huérfanas, con el fin de vigilar y reportar a los sistemas de información de salud del país, (Ministerio de Salud y Protección, 2018) HNP y CDFE no se encuentra dentro del listado actualizado que enmarca dicha resolución colombiana, lo cual influye directamente con la generación de datos de prevalencia e incidencia para nuestro país.

Conclusión

Se identificaron variantes patogénicas en los genes CNTNAP2 y ARFGEF2 demostrando correlación con las características clínicas del paciente, explicando su etiología y la heterogeneidad de su presentación. El estudio del exoma, sumado a la bioinformática permite aumentar el nivel de precisión para la toma de decisiones en la práctica clínica.

Financiación y Agradecimientos

Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés. El trabajo presentado fue realizado con recursos propios. Agradecemos a la familia participante del presente estudio y a nuestro grupo de investigación Enfermedades Congénitas del Metabolismo Universidad del Valle.

Referencias

[1] Michaud K, Lachance M, Hamdan F, Carmant F, Lortie A et al (2014) The genetic Landscape of infantile spasms. Hum Mol Gen.23(18): 4846-4858

[2] García León, F. J., Aguado Romeo, M. J., Sánchez Jiménez, F., Romero Tabares, A., & Benot López, S. (2017). Utility of exome sequencing for diagnosed dysmorphic syndromes, with or without intellectual disabilities. Literature review.

REPORTE DE CASO: OSTEOGÉNESIS IMPERFECTA TIPO II

Alejandra Cristina Silva¹, María Luisa Quevedo¹, Isabel Fernández², María Teresa Domínguez¹, Carlos David Aguana¹, Ana María Ávila¹, Boris Linares¹, Ana María Bracho², Constanza Neri¹, Luis Gustavo Celis¹

¹Facultad de Medicina, Universidad de La Sabana; Bogotá D.C, Colombia. Correo electrónico: alejandrasiam@unisabana.edu.co

²Unidad de Genética Médica, Policlínica Metropolitana; Caracas-Venezuela.

Resumen

La osteogénesis imperfecta es una enfermedad genética, autosómica dominante o idiopática, con mutaciones en los genes COL1A1 o COL1A2, resultando en alteraciones en el colágeno. En este artículo, se presenta el caso de un niño de 1 mes de edad con hallazgos prenatales y posnatales de osteogénesis imperfecta tipo II.

Palabras Clave: osteogénesis imperfecta, embarazo, displasia esquelética, desórdenes osteoarticulares.

Abstract

Osteogenesis imperfecta is a genetic disease, predominantly autosomal dominant or with idiopathic variants, which result from mutations in the COL1A1 or COL1A2 genes, resulting in alterations of collagen. In this article, we present the case of a 1-month-old boy with prenatal and postnatal findings of osteogenesis imperfecta type II.

Keywords: osteogenesis imperfecta, pregnancy, skeletal dysplasia, osteoarticular disorders.

Introducción

La osteogénesis imperfecta es una enfermedad genética, autosómica dominante en el 90% de los casos y el 10% restantes idiopática, en el que se presentan mutaciones en los genes COL1A1 o COL1A2 principalmente, codificando la cadena $\alpha 1$ y $\alpha 2$ del colágeno tipo I. Su incidencia es de 1 en 15,000-20,000 con una prevalencia de 10 en 100,000 personas. Existen diferentes presentaciones clínicas de la osteogénesis imperfecta, que cambian según la variación de síntomas y mutaciones encontradas. En cuanto al diagnóstico de la osteogénesis imperfecta este es clínico principalmente y puede hacerse de forma prenatal o posnatal [1].

Materiales y Métodos

Se presenta el caso de paciente masculino, de padres sanos, no consanguíneos, con adecuado control prenatal, sin antecedentes conocidos de enfermedad genética hereditaria. A la semana 24 de gestación con ecografía obstétrica, con acortamiento de miembros superiores e inferiores, sin trazos de fractura ni deformidad. Al momento del nacimiento presenta múltiples fracturas espontáneas de miembros superiores e

inferiores y bóveda craneana. Se realiza TAC con hallazgos de fracturas antiguas en miembros inferiores y recientes en fémur y húmero bilateral, radio derecho, tibia y peroné izquierdo y bóveda craneana. Al mes y 15 días de nacido es evaluado por el servicio de genética, encontrando paciente normocéfalo, frente amplia, escleras azuladas, nariz pequeña, surco subnasal largo, implantación baja del pabellón auricular. En extremidades con fracturas previamente reportadas. Se considera cuadro compatible con osteogénesis imperfecta tipo II, se sugiere cuidados especiales para minimizar fracturas y continuar controles por el servicio de ortopedia [2].

Resultados y Discusión

La osteogénesis imperfecta es un tipo de displasia esquelética que consiste en diversas enfermedades del tejido conectivo que se caracterizan por la alteración de los genes del colágeno, principalmente tipo COL1A1 y COL1A2, produciendo disminución de la masa ósea, generando fragilidad que conlleva a fracturas y deformidad. Existen diferentes variantes de la OI siendo la alteración genética la responsable en gran medida de la presentación clínica, de ahí su alta heterogénea. En este momento existen varias clasificaciones disponibles, siendo la más utilizada la división de Silience, por su fácil aplicación en la práctica hospitalaria. El tratamiento de la osteogénesis imperfecta consiste en brindarle al paciente un manejo multidisciplinario. La rehabilitación y terapia física, se usa con el fin de maximizar la función motora gruesa, y el aumento de la fuerza muscular asociado a la movilidad. Por otro lado, la cirugía ortopédica consiste en la realización de osteotomías de huesos largos con colocación de clavos intramedulares para corregir la deformidad ósea, evitar fracturas y aumentar la función del mismo. Por último, encontramos el tratamiento farmacológico que se basa en la medicación oral con bifosfonatos, un antirresortivo, mejorando la geometría vertebral principalmente y aumentando el grosor cortical y trabecular del hueso [3].



Figura N° 1. La Tomografía Axial Computarizada evidencia hallazgos de fracturas antiguas dado por callos óseos de predominio en miembros inferiores y fracturas recientes en ambos fémur y húmeros, radio derecho, tibia y peroné izquierdo y bóveda craneana.

Conclusión

La osteogénesis imperfecta es una enfermedad con múltiples hallazgos clínicos y variantes genéticas. Resulta importante un diagnóstico temprano para poder otorgarle un abordaje integral y multidisciplinario al paciente. De lo contrario, las consecuentes fracturas y deformidades óseas disminuirán la calidad de vida de los pacientes.

Financiación y Agradecimientos

Este estudio fue financiado por recursos propios.

Referencias

- [1] Byers, Peter H; Krakow, Deborah; Nunes, Mark E, et al. Genetic evaluation of suspected osteogenesis imperfect (OI). ACMG practice guidelines. 2006 8(6):383-388.
- [2] Valadares, Eugênia R; Carneiro, Túlio B; Santos, Paula M; et al. What is new in genetics and osteogenesis imperfecta classification? Jornal de Pediatria. 2014;90(6): 536-541
- [3] Gutierrez-Diez, M.P, Molina Gutiérrez, M.A; Prieto Tato, I; et al. Osteogénesis Imperfecta: Nuevas perspectivas. Revista Española de Endocrinología pediátrica. 2013; 4 (suppl):75-85

ESTUDIO DE LA RESPUESTA GÉNICA IN SILICO AL ESTRÉS HIDRICO EN *Pennisetum glaucum*

Laura B. Garay Farías¹, Sergio Litwiñiuk², Cristian A. Rojas³

¹Universidad Federal de Integración Latinoamericana. Correo electrónico: lau.genetica@gmail.com

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas de Argentina

³Universidad Federal de Integración Latinoamericana

Resumen

Ante una señal de estrés hídrico se activan genes funcionales y reguladores. Aquí se realizó el análisis in silico de los elementos cis del promotor de PgVDAC y el cribado de todo el genoma para identificar los TFbZIP probables en *P. glaucum* caracterizado por su alta tolerancia.

Palabras Clave: Estrés hídrico, *P. glaucum*, PgVDAC, TFbZIP. cis elements.

Abstract

Before a signal of hydric stress, functional and regulatory genes are activated. Here the in silico analysis of the cis-elements of the PgVDAC promoter and the screening of the whole genome were carried out to identify the probable TFbZIP in *P. glaucum* characterized by its high tolerance.

Keywords: Stress hydric, *P. glaucum*, PgVDAC, TFbZIP, cis elements.

Introducción

Pennisetum glaucum o millete (*Cenchrus americanus*) se presenta como un cultivo interesante por su valor nutricional y farmacéutico, además de la resiliencia climática que presenta, por su alta tolerancia a la sequía [1]. El Consorcio Internacional de Secuenciación del Genoma del Mijo Perla o millete (IPMGSC) ha secuenciado su genoma, lo cual ayudará a comprender sus mecanismos de tolerancia a la sequía; aunque requiera de un mayor refinamiento en términos de anotación funcional. El presente trabajo busca indagar in silico en sus genes funcionales y reguladores involucrados en sus múltiples vías de señalización como respuesta al estrés hídrico.

Materiales y Métodos

Para el análisis de la región diferencial arriba (UPSTREAM) promotora del gen funcional PgVDAC (Proteínas Voltaje de canal dependientes de aniones de *P. glaucum*), se utilizó el programa PlantCARE y fueron comparadas con otros organismos en base a su identidad global. Fueron utilizadas 101 secuencias de proteínas bZIP reguladoras involucradas en el estrés hídrico de *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa* y *Setaria itálica* como secuencias de referencia para la identificación de TFbZIP en *P. glaucum*. Estas secuencias de referencia se alinearon con Clustal omega y se generó el perfil HMM con HMMER en función de la secuencia consenso, para posteriormente identificar bZIP

putativos ejecutando el Blast contra el genoma de *P.glaucum*, verificándose la anotación funcional de estas con el Blast2GO.

Resultados y Discusión

PgVDAC es un gen funcional involucrado en el control de movimiento de metabolitos conduciendo al cambio de potencial de membrana resultante en una señal para reajustar la homeostasis celular en caso de estrés [2]. El análisis in silico de PgVDAC reveló la presencia de varios elementos reguladores cis en su región promotora como ABRE, DRE, ARE, MYC, MYB, etc; sugiriéndose su probable participación en la respuesta al estrés hídrico. Comparativamente VDAC lanzó una identidad del 43% con *Oryza sativa* (GenBank: AJ251562.1), cuya región promotora no presentó elementos ABRE, DRE y ARE; 47 % de identidad con *Arabidopsis thaliana* (AY122918.1) con elementos ABRE y ARE en su región promotora analizada pero no DRE (Drought Responsive Element). La biosíntesis de ABA (ácido absísico) es inducida por la deshidratación y la activación resultante del sistema bZIP, las cuales inducen la expresión de genes que contienen potenciales elementos de respuesta a ABA (ABREs) en sus promotores. Esta vía parece actuar en la respuesta adaptativa de las plantas a la deshidratación [3]. El análisis in silico identificó 52 TFBZIP putativos en *P. glaucum*, el 35% de estos mostraron funcionalidad en la regulación positiva de la transcripción del DNA (Figura 1).

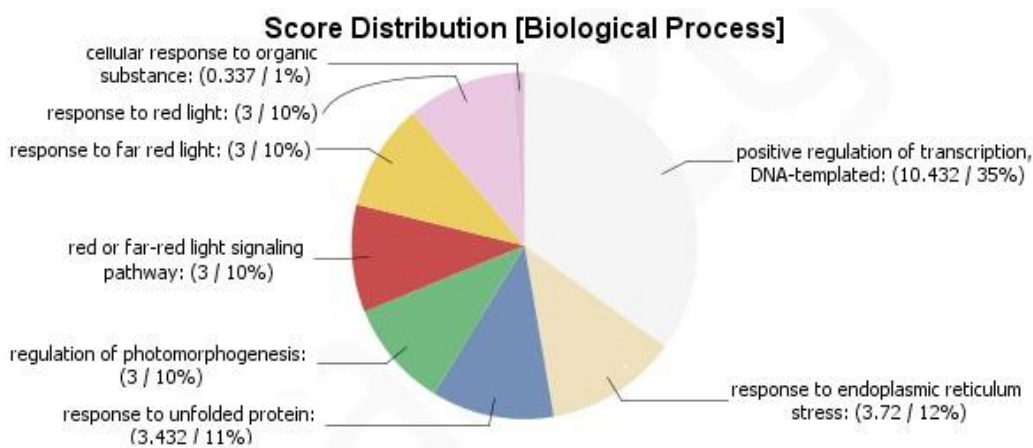


Figura 1.

Conclusión

El análisis de promotores in silico indica el papel diferencial tolerante comparativo con otros organismos vegetales modelos en *P. glaucum*; así como la caracterización funcional de los TF (Factor de Transcripción) PgbZIP identificados podría ser útil para delinear su papel detrás de la tolerancia al estrés hídrico en millete.

Financiación y Agradecimientos

Financiación propia.

Referencias

1. Chanwala, J., Satpati, S., Dixit, A., Parida A., Kumar M., Dey N. Genome-wide identification and expression analysis of WRKY transcription factors in pearl millet (*Pennisetum glaucum*) under dehydration and salinity stress. *BMC Genomics* 21, 231: 1-16 (2020).
2. Desai M.K, Mishra R.N, Verma D., Nair S., Sopory S.K., Reddy M.K. Structural and functional analysis of a salt stress inducible gene encoding voltage dependent anion channel (VDAC) from pearl millet (*Pennisetum glaucum*). *Plant Physiology and Biochemistry* 44: 483-493 (2006).
3. Tamai H., Iwabuchi M., Meshi T. Arabidopsis GARP transcriptional activators interact with the Pro-rich activation domain shared by G-box-binding bZIP factors. *Plant Cell Physiol* 43: 99-107 (2002).

DETECCIÓN CRÓMOGENICA DEL ARN GENÓMICO Y DE REPLICACIÓN DEL VIRUS ZIKA EN CÉLULAS FIJADAS EN FORMOL Y EMBEBIDAS EN PARAFINA

Claudia Yadira Gómez, Alicia Alejandra Rosales, Sheryll Yohana Corchuelo, Aura Caterine Rengifo, Orlando Torres-Fernández

Grupo de Morfología Celular, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Correo electrónico: scorchuelo@ins.gov.co

Resumen

El virus Zika (ZIKV) es un flavivirus de importancia en salud pública. La técnica de hibridación in situ cromogénica (CISH) permite confirmar la ubicación de transcritos virales en células y tejidos. Se sintetizaron satisfactoriamente ribosondas para detectar ARN genómico y de replicación del ZIKV en células fijadas en formol.

Palabras Clave: Virus Zika, hibridación in situ cromogénica, células VERO.

Abstract

The Zika virus (ZIKV) is a flavivirus of public health importance. Chromogenic in situ hybridization (CISH) is used as a technique to confirm the viral transcripts location in cells and tissues. Riboprobes were successfully synthesized to detect ZIKV genomic and replication RNA in formalin-fixed cells.

Keywords: Zika virus, chromogenic in situ hybridization, VERO cells.

Introducción

Tras la reciente epidemia por ZIKV (2015-2016) ha surgido la necesidad de investigar sobre el desarrollo de técnicas que permitan el refinamiento en el diagnóstico y en el estudio de los mecanismos del tropismo viral, una de éstas es la hibridación in situ [1,2]. El objetivo de este estudio fue evaluar el desempeño del diseño de sondas específicas que puedan ser utilizadas para detectar transcritos de ARN del virus Zika en modelos in vivo o in vitro de infección viral, como alternativa al uso de sondas comerciales para laboratorios que no cuentan con muchos recursos.

Materiales y Métodos

Células VERO cultivadas e infectadas con ZIKV (MOI 0.01), fueron recolectadas a los 3 días postinoculación (dpi), fijadas en formol e incluidas en bloques de parafina. El ARN genómico y de replicación del ZIKV fue detectado usando ribosondas diseñadas, sintetizadas y conjugadas con digoxigenina utilizando el kit DIG RNA Labeling Kit (SP6/T7) (Roche,11093274910), siguiendo las indicaciones del fabricante. Se obtuvieron cortes de 5µm que fueron desparafinados y deshidratados. Se realizó digestión enzimática con proteinasa K (Roche, 3115879001) y acetilación con HCl 0.2M. Se realizó pre-hibridación por 2 horas a 60/65°C e hibridación con las ribosondas: ZIKV-SP6-hebra negativa, ZIKV-T7-hebra positiva, overnight a 60/65°C. La especificidad de las sondas se evaluó con la sonda pSPT18-Neo DNA (control negativo).

Se realizó bloqueo con blocking reagent (Roche,11096176001) para evitar marcación inespecífica y se incubaron con anti-DIG Fab fragments (Roche, 11 093 274 910) overnight a 4°C. La marcación fue visualizada con NBT/BCIP (Roche,11697471001).

Resultados y Discusión

Se recolectaron las células VERO inoculadas a los 3 dpi, con el fin de asegurar una tasa alta de replicación viral (confluencia del 80% de virus) y por lo tanto una mayor cantidad de hebras de replicación. La CISH confirmó la presencia de hebras positivas y negativas en las células VERO inoculadas con ZIKV (Fig 1). Se observó una marcación más intensa con la sonda ZIKV-T7-hebra positiva (Fig 1A), lo cual indica una mayor cantidad de ARN genómico respecto al ARN de replicación detectado con la sonda ZIKV-SP6-hebra negativa (Fig 1B). Esta alta concentración de hebras positivas se ha observado en estudios previos con flavivirus, donde se reporta una proporción 24:1 de hebras positivas con respecto a hebras negativas [3]. Para conseguir marcación satisfactoria de las hebras negativas fue necesario incrementar la concentración de 1 a 2ng/μl, disminuir la temperatura de hibridación de 65 a 60°C e incrementar el tiempo de revelado a 3 días. Se evidenció la especificidad de las ribosondas sintetizadas con la ausencia de marcación al emplear la sonda control (Fig 1C).

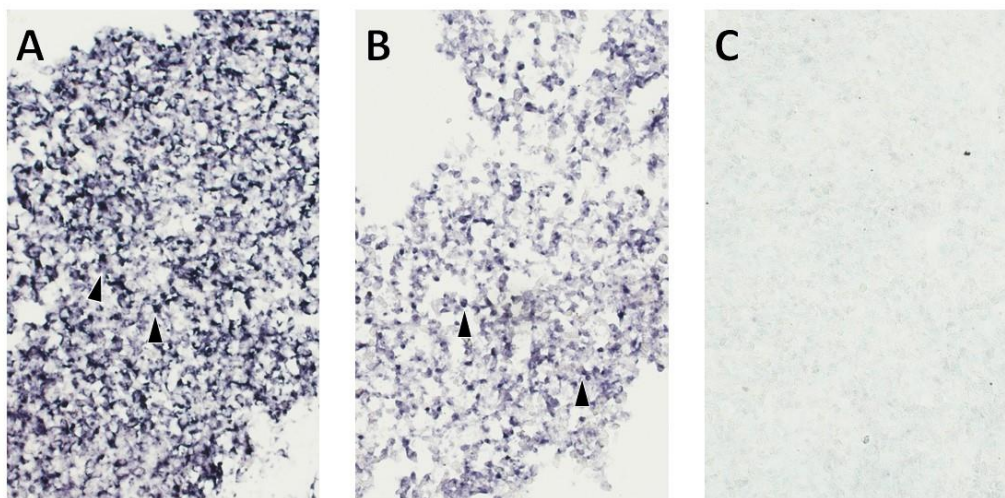


Figura 1. Detección de ARN genómico (A), de replicación (B) y control negativo (C), en células VERO inoculadas con ZIKV. 20X

Conclusión

Las sondas sintetizadas permitieron identificar específicamente hebras positivas/negativas de Zika. Estas sondas pueden ser empleadas para la detección de ARN viral en tejido cerebral de modelo murino infectado pre y postnatal para identificar las regiones afectadas. La síntesis de sondas en laboratorio reduce los costos comparada con sistemas comerciales.

Financiación y Agradecimientos

Éste trabajo fue financiado con recursos del Departamento Administrativo de Ciencia y Tecnología e Innovación (COLCIENCIAS) y del Instituto Nacional de Salud (INS-Colombia) (Proyecto código 210474455818, contrato número 672 of 2017).

Referencias

- [1] Musso D, Gubler DJ. (2016). Zika Virus. *Clin. Microbiol. Rev.* 29(3): 487-524.

- [2] Franco-Mesa ML. (2013). Características, ventajas y desventajas de la hibridización in situ para la identificación de agentes patógenos. *Rev. Med. Vet.* 25: 63-78.

- [3] Gullberg RC, Steel JJ., Moon SL, Soltani E, Geiss BJ. (2015). Oxidative stress influences positive strand RNA virus genome synthesis and capping. *Virology.* 475:219-229.

HIGH RESOLUTION MELTING EN DETECCIÓN DE LA MUTACIÓN DE LA HEMOGLOBINA S EN ESTUDIANTES AFRODESCENDIENTE.

Sandra Catalina Garzon-Castaño, Santiago Velázquez-Quirama, Cesar Eduardo Lerma-Barco, Camilo Constain-Mosquera, Diana Marcela Rojas-Gallardo

Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. Correo electrónico: diana.rojasg@uam.edu.co , sandra.garzon@uam.edu.co

Resumen

La anemia de células Falciforme es una enfermedad autosómica recesiva. La mutación que codifica para esta enfermedad es más prevalente en afrodescendiente. El análisis HRM es simple, rápida y de bajo costo para escaneo de mutaciones. Se analizó la mutación de la hemoglobina S en estudiantes afrodescendientes empleando HRM.

Palabras Clave: anemia de células falciformes, mutación, afrodescendientes, high resolution melting.

Abstract

Sickle cell anemia is an autosomal recessive disease. The mutation that code for this disease is more prevalent in people of Afro-descendant. HRM curve analysis is simple, fast and inexpensive to perform mutation scanning, therefore the hemoglobin S mutation in Afro-descendant students was analyzed using HRM curves.

Keywords: sickle cell anemia, mutation, African descent, high resolution fusion.

Introducción

La anemia de células falciformes es una enfermedad autosómica recesiva representa la anemia hemolítica más frecuente en la población mundial. La mutación que codifica para esta enfermedad es más prevalente en poblaciones de origen afrodescendiente. En Colombia se han realizado estudios que buscan definir la incidencia de la mutación HbS en regiones donde históricamente se generaron asentamientos de comunidades afrodescendientes. El análisis de curvas HRM es simple, rápida y de bajo costo para realizar genotipos y escaneo de mutaciones. Evalúa el patrón de reducción de la señal de fluorescencia, el resultado es un perfil de curva de fusión [1].

Materiales y Métodos

Los estudiantes que cumplieran con los criterios de inclusión, se obtuvieron 5 mL de sangre previa a la firma del consentimiento informado, las muestras se almacenaron en el laboratorio de Biomedicina, se realizó la extracción de ADN empleado el kit Wizard Genomic DNA según especificaciones del fabricante. Para la validación de la técnica se emplearon muestras de ADN de pacientes diagnosticados con anemia de células falciformes, un paciente con antecedentes familiares, pero sin la enfermedad, las curvas HRM se obtuvieron empleando el kit MeltDoctor HRM reagents, los cebadores rs334-R y rs-334. PCR convencionales volumen final de la reacción 25 µL. Los productos de

amplificación fueron digeridos con la enzima de restricción DdeI según las especificaciones del fabricante y enviados a secuenciar a macrogen Korea. El proyecto conto con el aval del comité de ética de la Fundación Universitaria Autónoma de las Américas [2].

Resultados y Discusión

Se obtuvo una n=51 estudiantes de los cuales el 76,5% fueron del sexo femenino, y una edad media de 21 años. El departamento del Chocó fue el lugar de mayor procedencia seguido por el valle del cauca (52,9 y 29,4% respectivamente) específicamente las ciudades de Quibdó (43,1%) y Buenaventura (21,6%). En la población de estudio se encontraron los genotipos AA (0,96) y SA (0,04), con frecuencias alélicas de 0,98 y 0,02 para los alelos A y S respectivamente. La validación de la técnica las curvas melting arrojaron valores de Tm 80 °C. Las digestiones mostraron una banda de 376pb para los individuos con la mutación y dos bandas de tamaño 201 y 175pb para los individuos sanos. Los electroferogramas mostraron dos picos en los individuos heterocigotos y un único pico homocigoto.

Conclusión

Se evaluó la frecuencia de la mutación de la hemoglobina S en población afrodescendiente empleado HRM, Siendo congruente con los resultados obtenidos al emplear RFLP y secuenciación, obteniéndose un genotipo AA de mayor frecuencia para la población de estudio.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimiento a la Fundación Universitaria Autónoma de las Américas por la financiación de este proyecto.

Referencias

- [1] Fong, C., & Barreto, G. (2018). Presencia de haplotipos no africanos incrementa la diversidad genética en pacientes con anemia falciforme en Colombia. *Acta Biológica Colombiana*, 23(3), 253–262. <http://doi.org/10.15446/abc.v23n3.67245>
- [2] Yue L, Lin M, Chen JT, Zhan XF, Zhong DS, Monte-Nguba SM, Liu PF, Pan XF, Huang JH, Wang X, Ehapo JC, Eyi UM, Yang HT, Yang LY. (2014). Rapid screening for sickle cell disease by polymerase chain reaction-high resolution melting analysis. *Mol Med Rep*: 9(6):2479-84. doi: 10.3892/mmr.2014.2130.
- [3] Kato GJ, Hebbel RP, Steinberg MH, Gladwin MT. (2009). Vasculopathy in sickle cell disease: Biology, pathophysiology, genetics, translational medicine, and new research directions. *Am J Hematol*, 84(9):618-25.

EL POLIMORFISMO Val66Met EN EL GEN *BDNF* CONFIERE SUSCEPTIBILIDAD A LA DISMENORREA EN LAS ESTUDIANTES DE ENFERMERÍA PERTENECIENTES A LA UNIDAD CENTRAL DEL VALLE DEL CAUCA

Angel Alfonso Aguirre Durán, Santiago Andrés Saldarriaga Giraldo, Paola Andrea Fontal Vargas, Luz Damaris Rojas Rodriguez, Alejandra Arbelaez Ospina, Paula Nathaly Orozco Agredo

Unidad Central del Valle del Cauca. Correo electrónico: aaguirre@uceva.edu.co

Abstract

In this work are studying the association between the Val66Met single nucleotide polymorphism (SNP) in the *BDNF* gene, which codes for brain-derived neurotrophic factor, and susceptibility to dysmenorrhea.

In addition to demonstrating the high prevalence of this disorder and the participation of other factors that may be influencing the predisposition.

Keywords: Dysmenorrhea, polymorphism, Val66Met, *BDNF* gene.

Resumen

En este trabajo estamos estudiando la asociación entre el polimorfismo de nucleótido simple Val66Met y la susceptibilidad a la dismenorrea. Además demostramos la alta prevalencia de este trastorno y la posible participación de otros factores (estrés), que pueden estar influyendo en la predisposición o en la exacerbación de los síntomas.

Palabras clave: Dismenorrea, polimorfismo, Val66Met, gen *BDNF*.

Introducción

La dismenorrea tiene una alta prevalencia en mujeres jóvenes y se caracteriza por dolor abdominal tipo cólico que se irradia a la región lumbar, femoral, generalmente recurrente durante la menstruación y en ausencia de una enfermedad orgánica detectable. Este trastorno de origen uterino ocurre en los primeros 1-3 años después de la menarquia, generalmente acompañado de síntomas como: transpiración, falta de apetito, cefalea, distracción, náusea, mareo, vómito y depresión (Chiu, et al., 2017). afectando el bienestar mental y la calidad de vida, provocando ausentismo en los estudios y el trabajo (Lu., 2010; Berkley, et al., 2011; Chiu, et al., 2017).

Materiales y Métodos

Las participantes del estudio son 173 estudiantes colombianas con un rango de edad entre 18-26 años.

La genotipificación fue realizada utilizando el ensayo TaqMan® para SNP, (Applied Biosystems; ID C_11592758_10). En un sistema de PCR en tiempo real 7500/7500 Fast Real-Time PCR System y los resultados analizados en el programa 7500 System SDS Software V 1.1.2. (Applied Biosystems, Thermo Fisher Scientific), utilizando primer's específicos. También se realizó una secuenciación Sanger del gen *BDNF* de las

participantes y los archivos. abi y resultados obtenidos fueron analizados mediante los programas Finch TV_1_4_0, Novosnp 3.0.1; y Clustal Omega.

Los datos del estudio comparativo descriptivo fueron recolectados mediante cuestionarios divididos en cuatro partes: **1-** información sociodemográfica de las participantes. **2-** estilo de vida; por ejemplo: actividad física; consumo de: azúcar, café, alcohol, cigarrillo. **3-** problemas de salud reproductiva y variación en el ciclo menstrual. **4-** diferentes patrones de dismenorrea entre las participantes del estudio.

Resultados y Discusión

La genotipificación mostro una asociación significativa entre el polimorfismo Val66Met y la prevalencia de dismenorrea. El mayor porcentaje (87%) de las mujeres que presentaron dolor menstrual crónico tienen el genotipo heterocigoto Val/Met, solo el 13% tienen un genotipo homocigoto Met/Met, indicando que en las pacientes con dismenorrea hay una mayor frecuencia de heterocigotos. El grupo con dolor menstrual crónico y el genotipo Met/Met, presento una duración del dolor >4 días, comparado con el grupo que tiene el genotipo Val/Met con una duración del dolor entre 1 a 3 días. Indicando la asociación entre genotipo y duración del dolor menstrual. La distribución alélica mostro que un 86% de las 149 mujeres que presentan dolor menstrual crónico portan el alelo Met. El 14% o 24 mujeres sin dolor menstrual crónico no presentaron el alelo Met. El secuenciamiento Sanger comprobó la presencia del polimorfismo en las pacientes con dolor menstrual y un mayor porcentaje de heterocigotos, y su ausencia en las mujeres sin dolor menstrual. Además, comprobamos la alta prevalencia de dismenorrea 86% (n=149) en comparación al grupo control 14% (n=24). El alto nivel de estrés 91% (n=182), debido a diferentes situaciones, es un factor importante que posiblemente puede estar exacerbando el dolor.



Figura 1. Fragmento de secuenciación automática del gen *BDNF* de una paciente con dolor menstrual donde se observa una mutación puntual (cambio A a G), que genera una sustitución de Metionina (Met) por Valina (Val), en el codón 66.

Conclusión

La presencia del polimorfismo Val66Met en el gen *BDNF*, confirma su asociación con la dismenorrea, aportando al conocimiento sobre este trastorno, mediante el análisis inicial en un grupo específico; dando un primer paso para continuar otras investigaciones de genoma completo que permitirán tomar mejores medidas de prevención y tratamiento personalizado.

Financiación y agradecimientos

Unidad Central del Valle del Cauca.

Referencias

Berkley, K.J.; McAllister, S.L. Don't dismiss dysmenorrhea. *Pain.*, v. 152, p. 1940-1941, 2011.

Chiu, M.H.; Hsieh, H.F.; Yang, Y.H.; Chen, H.M.; Hsu, S.C.; Wang, H.H. Influencing factors of dysmenorrhea among hospital nurses: a questionnaire survey in Taiwan. *BMJ Open.*, v. 7, p. 1-8, 2017.

Lu, I.C. *Dysmenorrhea and related factors in Taiwanese adolescent girls*. Austin, USA: University of Texas at Austin., 2010.

DETECCIÓN DE UNA VARIANTE DEL GEN TRPM6 EN UNA PACIENTE CON DIAGNÓSTICO DE ACIDOSIS TUBULAR RENAL

Maria Ximena Arteaga¹, Sharon Lechtig¹, Astrid Salazar¹, Maria Paula Prieto¹, Carolina Prieto¹, Amenaída Ferrer¹, Natalia Avellaneda¹, Luis Gustavo Celis¹

¹Facultad de Medicina – Universidad de la Sabana, Bogotá, Colombia.
Correo electrónico: luis.celis@unisabana.edu.co

Resumen

La hipomagnesemia con hipocalcemia secundaria es un síndrome genético autosómico recesivo poco frecuente. Produce otras anomalías electrolíticas que conducen a enfermedades difíciles de tratar. El objetivo del presente trabajo es presentar una variante del gen TRPM6 detectada en una paciente de 5 años con diagnóstico de acidosis tubular renal asociada a hipomagnesemia con hipocalcemia secundaria. Previo consentimiento informado, se realizó la genealogía y se tomaron muestras de sangre y orina para estudios paraclínicos y moleculares. La secuenciación del exoma detectó dos variantes de significado clínico incierto de los genes L1G1 y TRPM6 pero no se pudo establecer una relación de causalidad con el fenotipo encontrado por lo que se requieren nuevos estudios y seguimiento de la paciente para llegar a un diagnóstico diferencial que explique los hallazgos encontrados.

Palabras clave: exoma, TRPM6 acidosis tubular, hipomagnesemia, hipocalcemia.

Abstract

Hypomagnesemia with secondary hypocalcemia is a rare genetic syndrome considered autosomal recessive. It produces other electrolyte abnormalities which lead to diseases that are difficult to treat. The objective of the present work is to present a variant of the TRPM6 gene detected in a 5-year-old patient with a diagnosis of renal tubular acidosis associated with hypomagnesemia with secondary hypocalcemia. With prior informed consent, genealogy was performed and blood and urine samples were taken for paraclinical and molecular studies. The exome sequencing detected two variants of uncertain clinical significance of the genes L1G1 and TRPM6, but a causal relationship could not be established with the phenotype found, so new studies and follow-up of the patient are required to arrive at a differential diagnosis that explains the effects. findings found.

Keywords: exome, TRPM6, renal tubular acidosis, hypomagnesemia, hypocalcemia,

Introducción

La hipomagnesemia, está asociada directamente a diversas manifestaciones clínicas cardiovasculares, neurológicas, metabólicas. Muchas de las causas de esta alteración hidroelectrolítica pueden ser explicadas por alteraciones en el metabolismo del magnesio. La absorción del magnesio se da principalmente por mecanismo transcelular, el cual es un mecanismo activo mediado por receptores de magnesio TRP

(Transient receptor potential channel melastatin member), específicamente los receptores TRPM6 y TRPM7 (1). El objetivo del presente trabajo es presentar el caso clínico de una paciente de 5 años con diagnóstico de acidosis tubular renal asociada a hipomagnesemia con hipocalcemia secundaria que presentó una variante en el gen TRPM6.

Materiales y métodos

Previo consentimiento informado, se procedió a elaborar la historia clínica y examen físico de una paciente de 5 años con diagnóstico de acidosis tubular renal desde el nacimiento. Se realizó genealogía y se tomaron muestras de sangre y orina para estudios paraclínicos y moleculares.

Finalmente, se realizó una búsqueda de literatura en bases de datos como Clinicalkey, PubMed y OMIM para proceder con la comparación entre el caso presentado y la información disponible en dicha literatura.

Resultados y discusión

Al realizar la historia clínica se evidencia una paciente con un retardo severo en el crecimiento, y sospecha de un síndrome genético asociado a hidronefrosis derecha grado IV con nefrolitiasis (con gammagrafía renal con DMSA que mostro exclusión funcional de dicho riñón), nefro calcinosis con nefrolitiasis izquierda, colelitiasis y presencia de hipomagnesemia sostenida. También presenta acidosis renal tubular distal y la paciente tenía consanguinidad. Se le efectuaron varios estudios de secuenciación genética en uno de los cuales se detectó una variante del TRPM6, canal de magnesio presente en colon y túbulo distal del riñón

La secuenciación del exoma permitió la detección de 2 variantes de significado clínico inciertode acuerdo a los criterios de la ACMG en los genes *LIG1* (c.2015G>A) y *TRPM6* ((c.1520G>A). De acuerdo a la literatura las mutaciones asociadas a *TRPM6*, son del tipo de parada o de cambio de encuadre por lo que estamos evaluando si este hallazgo molecular justifica el fenotipo clínico encontrado. El retardo en el crecimiento puede explicarse como una complicación de su patología de base, sin embargo, no se ha encontrado la correlación directa del síndrome con la pobre ganancia de talla. También se han descrito o múltiples casos en la literatura de hipomagnesemia con hipocalcemia secundaria asociado a acidosis tubular renal, que mejoran con la suplementación exógena de magnesio

La paciente ha sido diagnosticada inicialmente como un caso de acidosis tubular pero esta por sí sola no puede explicar las múltiples alteraciones encontradas por lo que se hará nuevas pruebas de función renal, análisis de orina 24 horas para fosforo, magnesio y calcio entre otros.

Conclusiones

Los hallazgos encontrados sugieren que las mutaciones encontradas de significado clínico incierto no pueden explicar el cuadro clínico encontrado por lo que se requieren nuevos estudios y seguimiento de la paciente para llegar a un diagnóstico diferencial adecuado.

Financiación y Agradecimientos

Recursos propios.

Referencias

1. Ahmed F, Mohammed A. Magnesium: The Forgotten Electrolyte-A Review on Hypomagnesemia. *Med Sci (Basel, Switzerland)* [Internet]. 2019 Apr 4 [cited 2019 Oct 23];7(4). Available from: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30987399>
2. Walder RY, Landau D, Meyer P, Shalev H, Tsolia M, Borochowitz Z, et al. Mutation of TPRM6 causes familial hypomagnesemia with secondary hypocalcemia. *Nat Genet.* 2002;31(2):171-4.
3. Passer J. Incomplete Distal Renal Tubular Acidosis in Hypomagnesemia-Dependent Hypocalcemia. *Arch Intern Med.* 1976;136(4):462-6.

DISPLASIA ESQUELÉTICA TIPO ACONDROPLASIA: REPORTE DE CASO EN ASOCIACIÓN CON ALTERACIÓN CROMOSÓMICA ESTRUCTURAL BALANCEADA.

Natalia Gómez¹, María Ximena Arteaga¹, Oriana Luján¹, Amenaida Ferrer¹, Daniel Téllez¹, Ana Isabel Bracho², Isabel Fernández², Luis Gustavo Celis¹

¹Facultad de Medicina – Universidad de la Sabana, Bogotá, Colombia. Correo electrónico: luis.celis@unisabana.edu.co

²Unidad de Genética Médica. Policlínica Metropolitana, Caracas, Venezuela

Resumen

En acondroplasia, es raro encontrar alteraciones cromosómicas estructurales equilibradas. Esta condición genética tiene un patrón autosómico dominante que se caracteriza por trastornos óseos. Presentamos el caso de recién nacido masculino que al examen físico presenta macrocefalia con frente prominente y extremidades superiores e inferiores con acortamiento, principalmente de huesos largos. El cariotipo mostró una translocación entre el cromosoma 15-20 que puede estar de asociada acondroplasia, dicho hallazgo no se ha informado previamente.

Palabras clave: acondroplasia, cromosomopatía, translocación 15;20

Abstract

In achondroplasia, it is rare to find balanced structural chromosomal alterations. This genetic condition has an autosomal dominant pattern which is characterized by bone disorders. We present the case of a male newborn whose physical exam showed macrocephaly with prominent forehead and upper and lower limbs with shortening, mainly of long bones. Karyotype showed a translocation between chromosome 15-20 as the only cause of achondroplasia which is a new finding that has not been previously reported.

Keywords: achondroplasia, chromosomopathy, translocation 15;20

Introducción

La acondroplasia es una alteración genética, autosómica dominante en la cual ocurre mutación del gen receptor 3 del factor de crecimiento de los fibroblastos (FGFR3), situado en el brazo corto del cromosoma 4p16.3 cuyos hallazgos al examen físico son: talla baja con acortamiento rizomélico de huesos largos y macrocefalia con frente prominente sin alteración en el desarrollo neurológico. (1) El objetivo es reportar el caso clínico de un recién nacido masculino con hallazgos clínicos de acondroplasia asociado a un cariotipo con evidencia de translocación balanceada entre los cromosomas 15 y 20. Se realiza una revisión de la literatura para hallar casos lo cuales reporten relación entre pacientes con acondroplasia y la translocación t (15;20) lo cual no es común.

Materiales y métodos

Previo consentimiento informado, se procedió a evaluar a un recién nacido masculino con toma de medidas antropométricas y especial atención en las características clínicas. Se realizó genealogía y se tomó una muestra de sangre periférica para la realización de cariotipo con bandejo G contándose 20 metafases. Por último, se realizó una búsqueda de literatura en bases de datos como Clinicalkey, PubMed y OMIM para proceder con la comparación entre el caso presentado y la información disponible en dicha literatura.

Resultados y discusión

El examen físico del paciente es típico de acondroplasia: brazos, piernas y dedos en tamaños inferiores a los normales, en especial el de los huesos largos, como el hecho de que la parte superior del brazo es más corta que el antebrazo. Así mismo, se evidencia cabeza grande con frente prominente. Al realizar el cariotipo arrojó una composición cromosómica 46, XY, t (15;20) (p22; q13.3) (Figura N° 1), lo cual evidencia la presencia de translocación entre el cromosoma 15 y 20, en asociación con el diagnóstico clínico de acondroplasia.

La translocación t (15;20) es un tipo de cromosopatía estructural balanceada de la cual existen pocos registros en la literatura. Los reportes de casos que involucran este tipo de translocación se asocian a 3 patologías. La primera, hace referencia a neoplasias malignas; la segunda, a abortos y la tercera, siendo más relevante para nuestro caso clínico, las displasias músculo esqueléticas. Hoy en día, no se ha encontrado ningún reporte que justifique una relación directa entre la translocación cromosómica t (15;20) con manifestaciones fenotípicas de acondroplasia. Dichos hallazgos deben ser confirmados por medio del survey óseo, sin embargo, también existen otros métodos diagnósticos entre ellos la caracterización molecular la cual no se realizó en este paciente (2,3). Por esta razón, a pesar de los esfuerzos para localizar al paciente, debido a la pandemia mundial que afecta el desplazamiento de las personas, especialmente las ubicadas en diferentes estados de Venezuela. No ha sido posible por este motivo continuar con el seguimiento clínico ni paraclínico, entre ellos la secuencia del gen para el diagnóstico definitivo de acondroplasia. Debido a la poca información encontrada en la literatura sobre esta alteración cromosómica, no es claro si la asociación encontrada es un hallazgo incidental o relacionado con la patología en estudio. Con base a lo anterior, esperamos poder hacer el análisis molecular pertinente para determinar la causalidad.

Conclusiones

El caso clínico presentado representa una asociación aislada entre una translocación y (15;20) y un diagnóstico clínico de acondroplasia el cual se confirmó con survey óseo. Es importante realizar estudio cromosómico para determinar la displasia esquelética tipo acondroplasia en el caso de este paciente, con el fin de confirmar la ausencia de asociación entre una y otra patología.

Financiación y agradecimientos

Referencias

1. Hernandez-andrade E, Yeo L, Gonçalves LF, Luewan S. 11 - Sistema musculoesquelético fetal [Internet]. Sixth Edition. Callen. Ecografía en obstetricia y ginecología + ExpertConsult. Elsevier España, S.L.U.; 2018. 272–345 p. Available from: <http://dx.doi.org/10.1016/B978-84-9113-213-4/00011-1>
2. Bacino CA. Skeletal dysplasias: Specific disorders. UpToDate [Internet]. 2018;1–28. Available from: https://www.uptodate.com/contents/skeletal-dysplasias-specific-disorders?search=osteopetrosis&source=search_result&selectedTitle=1~23&usage_type=default&display_rank=1#H1875962079
3. Guill LB. Instituto Valenciano de Microbiología. 2013;2

PONENCIAS MICROBIOLOGÍA Y BIOTECNOLOGÍA

BACTERIAS POTENCIALMENTE DEGRADADORAS DE HIDROCARBUROS AISLADAS EN SANTIAGO DE CALI, VALLE DEL CAUCA

Maryuris Machacado, Diana Rache, Doris Rosero

Grupo de Investigación en Microbiología, Industria y Ambiente (GIMIA), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: doris.rosero00@usc.edu.co

Resumen

Se seleccionaron bacterias degradadoras de hidrocarburos mediante tres ensayos. Se evaluaron 132 morfotipos bacterianos, de los cuales 17 son potencialmente degradadores de hidrocarburos. El morfotipo 97 con capacidad degradadora de hidrocarburos fue identificado como *Serratia marcescens*.

Palabras claves: degradación, bacterias, hidrocarburos.

Abstract

Hydrocarbon degrading bacteria were selected throughof three tests. 132 bacterial morphotypes were evaluated, of which 17 are potentially hydrocarbon degraders. The morphotype 97 with hydrocarbon degrading capacity was identified as *Serratia marcescens*.

KeyWords: degradation, bacteria, hydrocarbons.

Introducción

En Colombia las consecuencias ecológicas causadas por los derrames de hidrocarburos han llegado a ser devastadoras afectando la biodiversidad debido a las alteraciones en el paisaje [1, 2]. Se ha reportado que las bacterias tienen la capacidad de degradar hidrocarburos, logrando convertirse en una excelente estrategia para el planteamiento de estudios que contribuyan al mejoramiento de esta problemática [3]. Por esta razón, el objetivo del presente estudio fue determinar bacterias potencialmente degradadoras de hidrocarburos aisladas en muestras de lixiviados que hacen parte de una planta de tratamiento ubicada en el Antiguo Vertedero de Navarro, de la ciudad Santiago de Cali.

Materiales y métodos

Se tomaron muestras de lixiviados en seis lagunas y en un lixiviado puro de una planta de tratamiento ubicada en el Antiguo Vertedero Navarro. Para la contaminación del lixiviado se tomaron 20 mL de las muestras y se contaminaron con 2 mL de diésel, gasolina y ACPM. Se incubaron a temperatura ambiente durante ocho días y se sembraron en agar nutritivo, para la caracterización. Se realizó coloración de Gram a todos los morfotipos bacterianos y tinción de esporas a las bacterias bacilares Gram positivas. A los morfotipos gram negativos se les realizaron pruebas bioquímicas. Prueba de Sensibilidad: los morfotipos se sembraron en agar nutritivo y se agregaron discos impregnados con los hidrocarburos de interés. Prueba en tubo: se seleccionaron

los morfotipos resistentes en el ensayo en disco y se inocularon en 100 uL del hidrocarburo. Los morfotipos con potencial degradador se identificaron mediante secuencias del gen ARNr 16S.

Resultados y discusión

La selección de bacterias degradadoras de hidrocarburos es una alternativa para el diseño de estrategias para estudios de biorremediación. En los lixiviados contaminados con hidrocarburos de las lagunas 4, 5, 6, 7 y el lixiviado puro se observó la formación de biopelículas, evidenciando la adaptabilidad de las bacterias. El hidrocarburo que presentó la mayor formación de biopelículas fue el ACPM y la gasolina presentó la menor producción. En total se seleccionaron 132 morfotipos con capacidad de adaptarse al lixiviado contaminado con el hidrocarburo. Los criterios de selección para reportar bacterias potencialmente degradadoras de hidrocarburos fueron: formación de biopelículas, crecimiento masivo sobre los discos impregnados con hidrocarburos y la formación de un precipitado o turbidez en la prueba en tubo. 17 morfotipos presentaron potencial para degradar gasolina, diésel y ACPM en los tres ensayos evaluados. 15 morfotipos fueron Gram positivos, uno fue Gram negativo y otro Gram variable. El morfotipo 97 presentó características particulares durante todo el estudio, como el color rojo intenso y fue resistente en los tres ensayos. Además, en la prueba en tubo este morfotipo cambió la tonalidad de color del hidrocarburo (ACPM). Finalmente, se identificó como *Serratia marcescens* especie reportada en la literatura como degradadora de hidrocarburos.

Conclusión

Se seleccionaron 17 morfotipos bacterianos como posibles candidatos para la degradación de hidrocarburos, los cuales fueron aislados de la planta de tratamiento de lixiviados de la ciudad Santiago de Cali. El morfotipo 97 se identificó como *Serratia marcescens*; una bacteria degradadora de hidrocarburos.

Financiación y agradecimientos

Universidad Santiago de Cali, Financiación proyecto código: 934-621119-319. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación-Minciencias, Colombia, Convocatoria 811-2018 estancia postdoctoral (DRG). Empresa de Servicio Público de Aseo de Cali-EMSIRVA E.S.P. en Liquidación, autorización ingreso para toma de muestras en el AVN.

Referencias

1. Serrano Guzman M, Torrado Gomez L, Pérez Ruiz D. Impacto de los derrames de crudo en las propiedades mecánicas de suelos. 2013;11(12):233-44.
2. Miranda D, Restrepo R. Los derrames de petróleo en ecosistemas tropicales impactos, consecuencias y prevención. La experiencia de Colombia. Int Oil Spill Conf Proc. 2005;1:571-5.
3. Hernández Ruiz G, Álvarez Orozco N, Ríos Osorio L. Biorremediación de organofosforados por hongos y bacterias en suelos agrícolas: revisión sistemática. Corpoica Cienc Tecnol Agropecuaria, Mosquera (Colombia). 2017;18(1):139-59.

POTENCIAL DE ALMACENAMIENTO DE DOS ESPECIES FORESTALES *Swietenia macrophylla* King (CAOBA) Y *Cariniana pyriformis* Miers (ABARCO)

Marly Grajales-Amorocho¹, Marily Mendoza-Rojas², Rocío Stella Suárez-Román³

¹²³Laboratorio de Biotecnología del Centro de estudios e investigaciones en biodiversidad y biotecnología (CIBUQ), Universidad del Quindío. Correo electrónico: mgrajales@uniquindio.edu.co

¹Docente programa de Biología.

²Estudiante programa de Biología.

³Docente Licenciatura en Ciencias Naturales y Educación Ambiental.

Resumen

Abarco (*Cariniana pyriformis*) y Caoba (*Swietenia macrophylla*) son especies nativas del trópico, catalogadas en un estado de conservación como peligro crítico, debido a la extracción desmedida en nuestros bosques por sus características maderables. Por tanto, este trabajo aporta información sobre germinación, viabilidad y potencial para el almacenamiento de sus semillas.

Palabras clave: Abarco, Caoba, Viabilidad.

Abstract

Abarco (*Cariniana pyriformis*) and Caoba (*Swietenia macrophylla*) are native species of the tropics, catalogued in a state of conservation as critically endangered, due to the excessive extraction in our forests for their timber characteristics. Therefore, this work provides information on germination, viability and potential for storage of their seeds.

Keywords: Abarco, Caoba, viability.

Introducción

Las especies forestales proporcionan servicios ecosistémicos que contribuyen a evitar la desertificación, proteger las cuencas hidrográficas, regulación del clima y conservación de la diversidad biológica, mitigando las acciones adversas del cambio climático. [1]

En este contexto, las poblaciones naturales de Abarco y Caoba, se han visto diezmadas por la deforestación a causa de su valor comercial y social como fuente de leña, fibras y madera [2].

Estudios sobre germinación, viabilidad y respuesta al almacenamiento, como los realizados en este trabajo, ofrecen insumos para establecer programas de manejo, producción en viveros, restauración e incorporación en sistemas agroforestales como estrategias de conservación.

Materiales y métodos

Para evaluar la calidad de las semillas, previo al almacenamiento, se realizaron pruebas biológicas de germinación, del contenido de humedad empleando un analizador

halógeno y, pruebas de viabilidad con tetrazolio al 0,5% y 1% a 40°C por una hora y a temperatura ambiente (23°C) por 24 horas. Posteriormente, muestras de 100 semillas por tratamiento, se sometieron a tres temperaturas de almacenamiento (-20°C, 5°C y temperatura ambiente), para lo cual se dispusieron en recipientes herméticos de vidrio. El monitoreo de la viabilidad, se realizó a los tres y seis meses de almacenamiento.

Resultados y discusión

Los valores iniciales para el almacenamiento de las semillas de Caoba y Abarco, fueron respectivamente, 90% y 60% de germinación y 4,4 y 8% de contenido de humedad. La prueba de viabilidad se estandarizó para ambas especies a temperatura ambiente por 24 horas, en concentración de tetrazolio al 1% para Caoba y 0,5% para Abarco. Espitia-Camacho (2017) [3], logró estos resultados en dos horas con igual concentración para *Cariniana pyriformis*. La evaluación de la calidad luego del almacenamiento indicó que, en las dos especies se mantuvo la viabilidad de las semillas almacenadas a 5°C y a temperatura ambiente, Caoba 90% y 55% y Abarco 87% y 49%. El contenido de humedad fue más estable en Caoba con variaciones de 0,6 a 0,92% en las tres temperaturas, mientras que en Abarco oscilaron entre 1,0 y 1,6% con respecto al valor inicial. Ambas especies presentaron disminución de la viabilidad o capacidad germinativa transcurridos tres y seis meses después de almacenadas a -20°C, registrando valores de 20 y 18 % para Caoba y 15 y 12% para Abarco, respectivamente.

Conclusión

Para promover la conservación de estas especies forestales y el compromiso con el uso adecuado, se debe contar, entre otras estrategias, con la provisión constante de semillas. En tal sentido, es posible mantener la viabilidad, con el almacenamiento de semillas a 5°C y bajo contenido de humedad (4 a 8%).

Financiación y agradecimientos

El presente trabajo se realizó en el marco del proyecto de investigación del Grupo de Estudios e Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (GIBUQ), titulado "Evaluación de la capacidad de almacenamiento y propagación in vitro de tres especies forestales amenazadas", financiado por la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Quindío.

Referencias

1. Abbade, L.C., e M. Takaki. 2014. Teste de tetrazólio para avaliação da qualidade de sementes de *Tabebuia roseo-alba* (Ridl.) Sandwith - Bignoniaceae, submetidas ao armazenamento. *Rev. Árvore* 38:233-240.
2. Cárdenas, D., Castaño, A., Sua, S., & Quintero, L. (2015). Planes de manejo para la conservación de Abarco, Caoba, Cedro, Palorosa y Canelo de los Andaquíes. Bogotá: Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas - SINCHI.

3. Espitia-Camacho, M. (2017). Características morfo métricas, anatómicas y viabilidad de semillas de *Cedrela odorata* L. y *Cariniana pyriformis* Miers. *Agronomía Mesoamericana* 28(3), 605-617.

PRODUCCIÓN DE ASTAXANTINA EN *Haematococcus pluvialis* BAJO EL EFECTO DE LA DEFICIENCIA DE FOSFATOS Y ALTA INTENSIDAD DE LUZ

Judith Elena Camacho Kurmen, Natalia Rodríguez Rodríguez

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Correo electrónico: jelenacamacho@unicolmayor.edu.co

Resumen

La astaxantina es un carotenoide producido por la microalga *Haematococcus pluvialis*, lo cual se realiza bajo condiciones de estrés, como el aumento de luz y la limitación de nutrientes. Estableciéndose que la deficiencia de fosfatos combinada con alta intensidad de luz, aumentan la producción de astaxantina, obteniéndose 5.772 µg/ml.

Palabras Clave: Microalga, carotenoide, deficiencia de fosfatos.

Abstract

Astaxanthin is a carotenoid produced by the microalgae *Haematococcus pluvialis*, which occurs under stress conditions, such as increased light and limited nutrients. Establishing that phosphate deficiency combined with high intensity of light increases the production of astaxanthin, obtaining 5,772 µg / ml.

Keywords: Microalgae, Carotenoid, phosphate deficiency.

Introducción

Los organismos fotosintéticos como las microalgas, son de interés biotecnológico ya que se han utilizado para producir biodiesel, acumular metabolitos de interés como ácidos grasos, se han aprovechado sus capacidades para biorremediar aguas residuales, producir bioproteínas para la alimentación humana y animal, y además, se han utilizado sus propiedades para la acumulación de pigmentos carotenoides. El *H. pluvialis* de manera natural, acumulando hasta un 3% de astaxantina en peso seco, siguiendo la ruta biosintética de los carotenoides. Sin embargo, la microalga tiene un crecimiento lento y debido a un ciclo celular complejo se dificulta la acumulación de astaxantina [1].

Materiales y Métodos

Microorganismo Se utilizó una cepa de referencia de la microalga *Haematococcus pluvialis* UTEX 2505 (colección de cultivos de algas, Universidad de Texas). Se realizó el inóculo a partir de la cepa de referencia. **Evaluación de medios de cultivo con inducción de estrés y crecimiento celular** Se utilizó medio RM con 20 mg/L (RM1), 30 mg/L (RM2), y 40mg/L (RM3) de fosfatos. Se utilizó concentración de 20 mg/L de fosfatos y nitrógeno al 5% (RM4). Se realizó un control, con medio RM (RM5). Todos los ensayos se realizaron por triplicado. Se realizó curva de crecimiento, se observó el color, morfología y viabilidad celular. Se determinaron clorofila y fosfatos, por métodos espectrofotométricos. Se determinó la astaxantina por método espectrofotométrico y HPLC. [2]. **Tratamiento estadístico** Se realizó un análisis de varianza (ANOVA) con un

nivel de confianza del 95%, para establecer si existían diferencias significativas entre tratamientos ($P < 0.05$).

Resultados y Discusión

Macroscópicamente, se observaron cambios en el color durante el cultivo, desde un color verde inicial, hasta el depósito de pigmento rojo en las paredes de los biorreactores. Durante el cultivo se observó en cuanto al cambio morfológico de *H. pluvialis*, las tres formas que se muestran en el trabajo de Shah et al., [3], las cuales son: célula móvil vegetativa verde o macrozoide, célula palmella vegetativa verde y la célula aplanospora, esta última siendo la que acumula finalmente la astaxantina; las células aplanosporas se destacan en el RM1 y RM2, quienes tenían mayor deficiencia de fosfatos. Los tratamientos que obtienen mayor concentración del pigmento son el RM2 con 5.77 ug/ml de astaxantina, seguido del tratamiento Control (RM5) con 5.59 ug/ml y el RM1 con 4.18 ug/ml del carotenoide. Se evidencia que los tratamientos que tuvieron una mayor acumulación de astaxantina al finalizar el estudio, fueron el RM2, que contenía 30 mg/L de fosfatos, con un 52 % más que RM4, que tenía 20 mg/L fosfatos y nitrógeno al 5% y el RM1 (20 mg/L fosfatos) con un 34.3% más que RM4. El ANOVA (95%) realizado no encontró diferencias significativas para Astaxantina ($F: 0.62$; $P: 0.64$; $df: 4$) entre tratamientos.

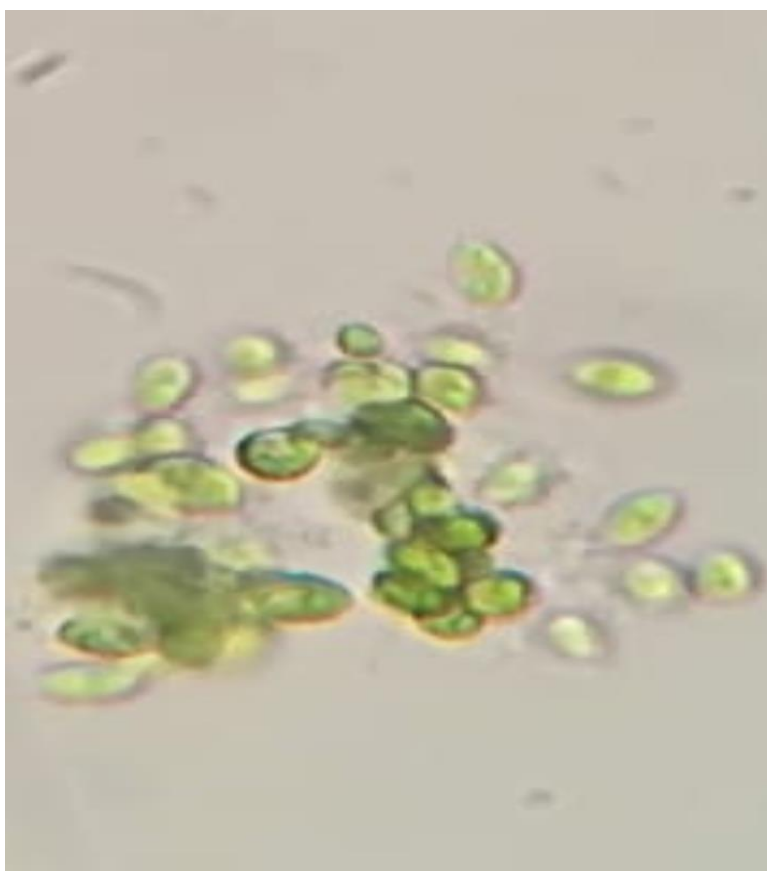


Figura 1.

Conclusión

La mayor concentración de astaxantina fue obtenida en el tratamiento RM2, que contenía 30 mg/L de K₂HPO₄ y KH₂PO₄, con 5.772 ug/ml, a los 62 días de cultivo. La combinación de los factores de estrés deficiencia de fosfatos y alta intensidad de luz blanca producen astaxantina en *H. pluvialis*.

Financiación y Agradecimientos

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Grupo Bioprocesos y control. Universidad de la Sabana.

Referencias

- [1] Niño CM, Rodríguez FC, Díaz LE, Lancheros AG. (2017). Evaluación de las condiciones de crecimiento celular para la producción de astaxantina a partir de la microalga *Haematococcus pluvialis*. NOVA. 15 (28): 19-31.

- [2] Miranda AM, Ossa EA, Vargas GJ, Sáez AA. (2019). Efecto de las bajas concentraciones de Nitratos y Fosfatos sobre la Acumulación de Astaxantina en *Haematococcus pluvialis* UTEX 2505. Inf. tecnol. 30 (1): 23-32.

- [3] Shah MR, Liang Y, Cheng YJ, Daroch M. (2016). Astaxanthin- Production Green Microalga *Haematococcus pluvialis*: From Single Cell to High Value Commercial Products. Front. Plant Sci. 7 (531): 1-28

MICROORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS PARA LA DEGRADACIÓN DE TEREFTALATO DE POLIETILENO (PET): UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA DESDE EL 2004

Cesar David Benavides Fernandez, Michelly Paola Johana Guzman Castillo, Silvia Andrea Quijano Perez, Lida Vivian Carvajal Rodriguez

Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: lida.carvajal01@usc.edu.co

Resumen

La problemática ambiental causada por los residuos de PET ha generado un interés por los procesos de biodegradación de este polímero. Por ende, esta revisión tiene como objetivo hacer una búsqueda bibliográfica de los microorganismos manipulados genéticamente para este fin. Se encontró que *Escherichia Coli* es el más utilizado.

Palabras claves: Tereftalato de polietileno, PET Hidrolasa, microorganismos.

Abstract

The environmental problems caused by PET waste have generated interest in the biodegradation processes of this polymer. Therefore, this review aims to carry out a bibliographic search of microorganisms genetically manipulated for this purpose. *Escherichia Coli* was found to be the most widely used

KeyWords: Polyethylene terephthalate, PET Hydrolase, microorganisms.

Introducción

Los múltiples daños ambientales generados por los residuos de basuras plásticas en diferentes ecosistemas acuáticos y terrestres han forjado una problemática mundial en los últimos años. Esto debido a las propiedades de su estructura molecular que hacen de este un elemento difícil de degradar. Entre estos polímeros el más destacado por su excesivo uso en la industria es el tereftalato de polietileno (PET) siendo utilizado como materia prima de diferentes productos de uso cotidiano [1]. Por ende, se quiere reunir el máximo de información existente sobre el tema planteado de la revisión. se quiere conocer mediante una revisión sistemática aquellos microorganismos modificados genéticamente y actividad enzimática utilizada para incrementar el proceso de degradación de PET.

Materiales y métodos

Se efectuó una búsqueda de publicaciones en diferentes bases de datos como: ScienceDirect, Springerlink, Scopus, Pubmed, Taylor and Francis Online, Wiley Online Library, Scielo y Google Scholar. Se encontraron artículos originales, manuscritos y tesis, publicadas entre 2004-2020. La revisión fue realizada del 22 de mayo al 21 de agosto de 2020. Las Palabras claves utilizadas fueron: Microorganisms, Biodegradation, PET y PET Hydrolase usando booleanos (AND, ON y NOT) con operadores como las

comillas, en inglés y español. Se tuvieron en cuenta parámetros de exclusión como: Artículos duplicados, revisiones de tema, artículos que no evidenciaron técnicas de biodegradación por microorganismos, microorganismos silvestres con actividad metabólica para degradar PET y artículos donde el polímero PET hubiese sido manipulado en su estructura molecular o se presentará en combinación con otros polímeros. Esta metodología hace parte de una revisión sistemática más amplia titulada Revisión sistemática de biodegradación microbiana de Tereftalato de polietileno (PET).

Resultados y discusión

Se encontraron en total 11.389 publicaciones de las cuales 206 fueron seleccionadas debido a su relación con el tema de investigación, basándose en los criterios de inclusión, 132 de estos artículos no cumplieron con los parámetros establecidos.

Los artículos a texto completo incluidos en la revisión corresponden a 74 estudios, de los cuales el 41,9% que representan 31 artículos están relacionados con microorganismos genéticamente modificados y su actividad enzimática para la degradación de PET.

Entre los microorganismos manipulados genéticamente se encontró que las bacterias son las más utilizadas, seguidas de hongos y microalgas que corresponden al 86,5%, 8,1% y 5,4% respectivamente. El microorganismo más reportado en los procesos de manipulación genética fue la bacteria *Escherichia coli*, probablemente debido a su fácil manipulación, su rápido crecimiento, entre otras características que lo hacen un microorganismo de interés biotecnológico [2]

En cuanto a las enzimas y genes empleadas para la mejora de la actividad metabólica de degradación de PET en los microorganismos, se pudieron encontrar 31 de estos. A su vez se logró evidenciar que la PETasa ha sido la más reportada, esto tal vez debido a su efectividad en la degradación de PET [3]

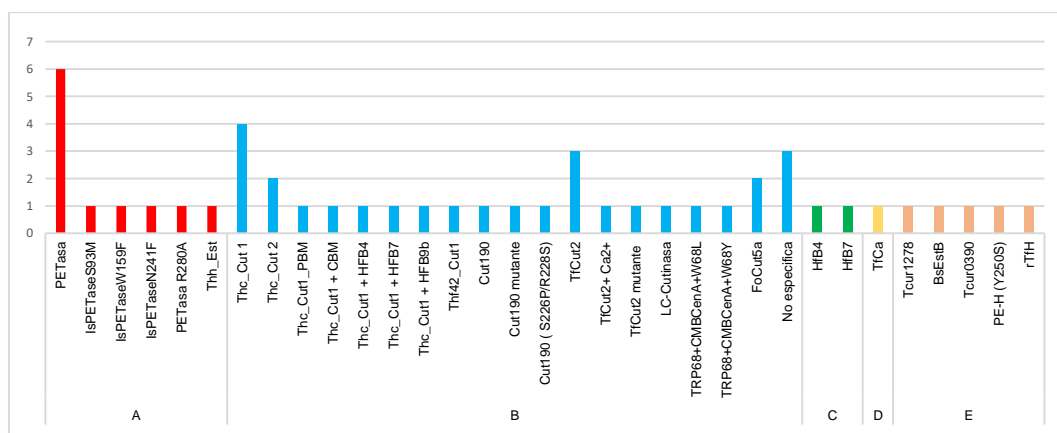


Figura 1. Enzimas y genes utilizados para procesos de manipulación genética con fin de degradar tereftalato de polietileno.

Nota: **A.** Enzimas del grupo Enterasa **B.** Enzimas del grupo Cutinasa; **C.** Proteínas del grupo Hidrofobina **D.** Gen, **E.** Enzimas del grupo Hidrolasa

Conclusión

Con este estudio se encontró que *Escherichia coli* es la más utilizada en diversos trabajos seguida por *Bacillus subtilis* y *Pichia pastoris*; la enzima PETasa con actividad enterasa y la cutinasa Thc_Cut1 provenientes de *Idonella sakaiensis* y *Thermobifida cellulosilytica* respectivamente, como las más utilizadas para hacer estos microorganismos genéticamente modificados.

Financiación y agradecimientos

Agradecimiento a la Universidad Santiago de Cali por la financiación del proyecto: 934-621119-436.

Referencias

- [1] Wierckx N, Narancic T, Eberlein C, Wei R, Drzyzga O, Magnin A, Ballerstedt H, Kenny S, Pollet E, Avérous L, O'Connor K, Zimmermann W, Heipieper H, Prieto A, Jiménez J, Blank L.(2018) Biodegradation: Challenges and Opportunities. Consequences of Microbial Interactions with Hydrocarbons, Oils, and Lipids: Biodegradation and Bioremediation.
- [2] González-Crespo A, Hardy-Sosa A, Sosa-Espinosa A. (2018) Método rápido de verificación de mutantes de *Escherichia coli* empleados en ingeniería genética. VACCI MONITOR, 27: 45-50
- [3] Yoshida S, Hiraga K, Toshihiko T, Taniguchi I, Yamaji H, Maeda Y, Toyohara K, Miyamoto K, Kimura Y, Oda K. (2016). A bacterium that degrades and assimilates poly (ethylene terephthalate). Science, 351:1196-1199.

MICROORGANISMOS PROMOTORES DE CRECIMIENTO VEGETAL (MPCV), AISLADOS DE RELAVES MINEROS

Ortiz Ortiz Juan Camilo^{1*}, Varón-López Maryeimy¹, Pulido Ximena Carolina²

¹Grupo de investigación en biotecnología vegetal y microbiana (GEBIUT), Universidad del Tolima. Correo electrónico: jucaortiz0127@hotmail.com

²Grupo de investigación en química aplicada a procesos ecológicos (QUAPE), Universidad del Tolima.

Resumen

Los MPCV aislados de relaves mineros pueden ser una alternativa para mejorar el establecimiento de las plantas en campo, por ende, el objetivo de esta investigación fue evaluar algunas propiedades de promoción de crecimiento vegetal en estos microorganismos, encontrando dos cepas bacterianas y tres de hongos como las más prometedoras.

Palabras clave: Solubilización de fosfato, Ácido indol-3-acético, bacterias, hongos, mina de oro.

Abstract

The PGPRs isolated from mining tailings can be an alternative to improve the establishment of plants in the field, therefore the objective of this research was to evaluate some properties to promote plant growth in these microorganisms, finding two bacterial and three fungi such as the most promising.

Keywords: phosphate solubilization, Indole-3-acetic acid, bacteria, fungi, gold mine.

Introducción

La minería se considera un problema ambiental ya que causa principalmente deterioro en la calidad del suelo, liberando una gran cantidad de metales pesados, que fácilmente se acumulan y son difíciles de eliminar [1]. Dentro de los métodos de restauración ecológica está el uso de microorganismos tolerantes a estos ambientes mineros, por lo tanto, el objetivo de esta investigación fue caracterizar algunas propiedades de promoción de crecimiento vegetal en bacterias y hongos aislados de relaves mineros.

Materiales y métodos

El aislamiento de microorganismos se realizó a partir de suelo de relaves mineros de oro, contaminados con cadmio y plomo. Los hongos y bacterias aisladas crecieron en los medios agar papa dextrosa (PDA) y agar nutritivo (AN), respectivamente. A estos microorganismos se les evaluó la solubilización de fosfato semicuantitativamente en medio pikovskaya (PKV), y a aquellas con mayor solubilización se les cuantificó esta actividad en medio líquido NBRIP, con la técnica del azul de molibdeno por espectrofotometría a una λ de 660 nm. La producción de ácido indolacético (AIA), se midió en caldo papa dextrosa y caldo nutritivo, con el reactivo de Salkowsky y se

determinó por espectrofotometría a una λ de 530 nm. La producción de amoníaco (NH₃) se evaluó en agua peptonada con el reactivo de Nessler a una λ 400 nm y la actividad celulolítica se estimó con la medición de halo de hidrólisis en medio carboximetilcelulosa.

Resultados y discusión

Se aislaron 31 microorganismos (18 bacterias y 13 hongos). Seis bacterias solubilizaron fosfatos, con los mayores valores en B5CM y B19CM con 97,49 y 95,08 mg/L. El 23% de los hongos presentaron un halo mayor a 2,5 mm, de estos F7CM presentó la mejor solubilización con un valor de 56.74 mg/L. El 77% y 61% de bacterias y hongos produjeron AIA, se destacan B10CM (10,25 ug/mL) y F10CM (12,23 ug/mL). Las bacterias presentaron mayor producción de NH₃ en comparación a los hongos, donde B5CM, B6CM y B19CM registraron valores de 0,93 mg/L; y F1CM, F16CM y F2CM de 0.79, 0.78 y 0.73 mg/L. La actividad celulolítica fue mejor en hongos, con el 84% con esta actividad, donde F10CM, B17CM y B18CM presentaron los mejores índices con valores de 1.92, 1.39 y 1 respectivamente (Tabla 1.) [3]. Los resultados en el presente estudio concuerdan con lo reportado por otros autores, quienes registran que las bacterias son mejores solubilizadoras de fosfatos, y los hongos se caracterizan por tener una mayor actividad celulolítica. Los valores de promoción de crecimiento vegetal están dentro de lo reportado para organismos aislados de zonas similares.

Tabla 1. Actividades promotoras de crecimiento vegetal evaluadas en bacterias y hongos aislados de relaves mineros.

Aislados	Solubilización P		AIA (μ g/mL)	NH ₃ (mg/L)	Actividad Celulolítica
	IS	mg/L			
B1CM	Nd		3,54 ^{DI}	0,22 ^A	Nd
B2CM	Nd		4,09 ^D	0,22 ^A	Nd
B3CM	Nd		1,47 ^{B-C}	0,21 ^A	Nd
B4CM	3,00 ^A	2,68 ^A	Nd	0,84 ^G	Nd
B5CM	2,94 ^A	97,49 ^E	0,83 ^{A-B}	0,93 ^H	Nd
B6CM	3,14 ^{A-B}	77,48 ^C	3,37 ^D	0,93 ^H	Nd
B7CM	Nd		1,23 ^{B-C}	0,59 ^{D-E-F}	Nd
B8CM	Nd		Nd	0,20 ^A	Nd
B9CM	2,80 ^A	68,32 ^B	1,93 ^C	0,88 ^{G-H}	Nd
B10CM	Nd		10,25 ^F	0,63 ^F	Nd
B11CM	Nd		0,39 ^A	0,61 ^{E-F}	Nd
B14CM	Nd		Nd	0,54 ^{C-D}	Nd
B15CM	2,77 ^A	84,07 ^D	5,45 ^E	0,86 ^G	Nd
B17CM	Nd		Nd	0,48 ^B	1,39 ^B
B18CM	Nd		1,37 ^{B-C}	Nd	1 ^A
B19CM	3,75 ^B	95,08 ^E	3,90 ^D	0,93 ^H	Nd
B20CM	Nd		3,85 ^D	0,53 ^{B-C}	Nd
B21CM	Nd		1,12 ^{A-B-C}	0,56 ^{C-D-E}	Nd
F1CM	2,27 ^B		Nd	0,79 ^E	Nd
F2CM	2,33 ^{B-C}		1,19 ^A	0,73 ^{D-E}	1,87 ^{E-F}
F3CM	2,55 ^D	56,74 ^B	9,54 ^D	0,21 ^A	1,13 ^{A-B}
F4CM	2,36 ^{B-C}		5,72 ^C	0,25 ^A	1,55 ^{C-D}
F5CM	2,46 ^{C-D}		1,30 ^A	0,53 ^B	1,67 ^{D-E-F}
F6CM	2,31 ^{B-C}		Nd	0,53 ^B	1,31 ^{B-C}
F7CM	2,96 ^B	48,99 ^A	9,22 ^D	0,50 ^B	1,17 ^{A-B}
F10CM	2,34 ^{B-C}		12,23 ^E	0,64 ^C	1,92 ^F
F11CM	2,00 ^A		Nd	0,47 ^B	1 ^A
F12CM	2,91 ^B	55,48 ^{A-B}	Nd	0,68 ^{C-D}	Nd
F13CM	2,36 ^{B-C}		1,32 ^A	0,24 ^A	1,64 ^{D-E}
F14CM	2,47 ^{C-D}		3,91 ^B	0,22 ^A	1,14 ^{A-B}
F16CM	2,10 ^{B-C}		Nd	0,78 ^E	1,63 ^{D-E}

Notas: Los valores son el promedio de cinco replicas. Los valores en cada columna con el mismo superíndice no difieren significativamente pero con superíndice diferente muestra diferencia significativa entre cada tratamiento por el test LSD de Fisher ($P \leq 0.05$). IS Índice de solubilización. Nd no determinado (ausencia de halo en medio de cultivo o valores negativos en la cuantificación).

Conclusión

De manera general los hongos presentaron mayor potencial de promoción de crecimiento que las bacterias. Por otro lado, los aislados B15CM, B19CM, F3CM, F7CM y F10CM, son las cepas con mejores características para ser utilizadas como promotoras de crecimiento vegetal en especies fitorremediadoras de suelos contaminados por metales pesados.

Financiación y agradecimientos

Oficina de investigaciones de la Universidad del Tolima.

Referencias

- [1] Pérez O, Margarita M., & Betancur V, Angie (2016). Impactos ocasionados por el desarrollo de la actividad minera al entorno natural y situación actual de Colombia. *Sociedad y Ambiente*, (10), 95-112. [fecha de Consulta 23 de febrero de 2020]. ISSN: Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=4557/455746534005>
- [2] Gupta S & Pandey S. (2019). ACC Deaminase Producing Bacteria With Multifarious Plant Growth Promoting Traits Alleviates Salinity Stress in French Bean (*Phaseolus vulgaris*) Plants. *Front. Microbiol.* 10:1506. doi: 10.3389/fmicb.2019.01506
- [3] Amit Kumar Pal & Chandan Sengupta (2019): Isolation of Cadmium and Lead Tolerant Plant Growth Promoting Rhizobacteria: *Lysinibacillus Varians* and *Pseudomonas Putida* from Indian Agricultural Soil. *Soil and Sediment Contamination: An International Journal*, DOI: 10.1080/15320383.2019.1637398

MICROORGANISMOS TOLERANTES A CADMIO Y PLOMO, AISLADOS DESDE RELAVES MINEROS DE ORO

Ramírez Trujillo Rafael Augusto^{1*}, Varón-López Maryeimy¹, Villamil Pulido Ximena²

¹Grupo de investigación en biotecnología vegetal y microbiana (GEBIUT), Universidad del Tolima. Correo electrónico: raramireztr@ut.edu.co

²Grupo de investigación en química aplicada a procesos ecológicos (QUAPE), Universidad del Tolima.

Resumen

Los metales pesados presentan una alta toxicidad y persistencia, por esta razón es necesario crear estrategias para la recuperación de los suelos contaminados por estos elementos. Por lo tanto, el presente trabajo evaluó la capacidad de tolerancia de microorganismos aislados de relaves mineros frente a diferentes concentraciones de Cd²⁺ y Pb²⁺.

Palabras clave: contaminación del suelo, biorremediación, minería, metales pesados.

Abstract

Heavy metals have high toxicity and persistence, for this reason it is necessary to create strategies for the recovery of soils contaminated with these elements. Therefore, the present work evaluated the tolerance capacity of microorganisms isolated from mining tailings against different concentrations of Cd²⁺ and Pb²⁺.

Keywords: Bioremediation, mining, heavy metals, soil contamination.

Introducción

La contaminación ambiental causada principalmente por los vertimientos y residuos de los sectores industriales y agrícolas, ocasiona la migración de elementos tóxicos hacia el suelo y sus ecosistemas cercanos. Es así como el estudio de microorganismos nativos en áreas contaminadas con metales pesados, se considera una herramienta importante para ser implementada en la biorremediación, cuyo propósito es reducir y buscar posibles soluciones a dicha polución.

Materiales y métodos

Se aislaron microorganismos de suelo colectado en relaves mineros con presencia de Cd²⁺ y Pb²⁺, en diluciones de 10⁻¹ y 10⁻², bacterias que crecieron en medios agar-nutritivo (AN) y agar-tripticosa-soya (TSA) y hongos en extracto-de-malta (EM) y agar-papa-dextrosa (PDA), las cepas aisladas fueron caracterizadas microscópica y macroscópicamente. Las bacterias fueron crecidas en los medios AN y los hongos en PDA a diferentes concentraciones de cadmio (5, 75, 1000, 2500 ppm) y plomo (30, 300, 1000, 3000 ppm). En bacterias se evaluó el crecimiento por densidad óptica y en hongos por el tamaño de la colonia, estos últimos datos nos permitieron hallar el índice de tolerancia (IT). A las cepas bacterianas que fueron más tolerantes a los dos metales, se

les determinó la cinética de crecimiento en el medio BHI, en ausencia y presencia de Cd (75 ppm) y Pb (300 ppm), a una λ de 540 nm y con estos datos se calculó el IT de estas 3 cepas. Los resultados se analizaron estadísticamente, mediante ANOVA y Shapiro-Wilk [1].

Resultados y discusión

Se logró aislar un total de 18 bacterias y 13 hongos, encontrando la mayor tolerancia a Pb²⁺. De los aislados bacterianos B6CM, B10CM y B11CM, la cepa B6CM fue la que presentó el mejor desempeño en los dos metales evaluados con índices de tolerancia para cadmio (75 ppm) y plomo (300 ppm) de 0,42 y 0,88, respectivamente.

Para hongos la cepa F3CM fue la más tolerante para los dos metales llegando a tener un IT de 0,69 y 0,62 a la concentración de 1000 ppm para Cd²⁺ y Pb²⁺ respectivamente. Las bacterias evaluadas se encontraron como tolerantes moderadas y los hongos a las concentraciones 5 ppm y 75 ppm de Cd²⁺, 30 ppm y 300 ppm de Pb²⁺ fueron clasificados con tolerancia alta, muy alta [2]. Estos resultados concuerdan con lo obtenidos por otros autores, quienes indican que los hongos presentan una mayor tolerancia a altas concentraciones de metales pesados, siendo el Cd²⁺ es mucho más tóxico. Así mismo se evidencia que las cepas evaluadas (F3CM Y B6CM) (Tabla 1) en el presente trabajo, presentaron una tolerancia mayor a la reportada en otros estudios [3].

Tabla 1. Índice de tolerancia de cepas fúngicas y bacterianas aisladas de relaves mineros en presencia de cadmio y plomo.

Cepas	cadmio Cd ²⁺				plomo Pb ²⁺				
	5 ppm	75 ppm	1000 ppm	2500 ppm	30 ppm	300 ppm	1000 ppm	3000 ppm	
Hongos	F1CM	0,73	0,60	0,42	0,32*	1,00	0,83	0,7*	0,23
	F2CM	0,91	0,76	0,24	0,00	0,89	0,72	0,29	0,21
	F3CM	1,34*	1,17*	0,69*	0,03	1,17	1,13	0,62*	0,32*
	F4CM	1,29*	1,10*	0,28	0,02	1,28	0,84	0,32	0,22
	F5CM	0,00	0,00	0,00	0,00	0,52	0,83	0,66*	0,00
	F6CM	1,12	1,24*	0,00	0,00	1,47*	1,43*	0,00	0,00
	F7CM	1,01	0,89	0,12	0,04	0,88	0,72	0,31	0,10
	F10CM	1,01	0,63	0,00	0,00	0,91	0,73	0,35	0,00
	F11CM	0,81	0,29	0,00	0,00	1,03	0,53	0,09	0,00
	F12CM	0,88	0,27	0,00	0,00	1,21	1,05	0,55	0,20
	F13CM	0,76	0,25	0,00	0,00	0,92	0,89	0,68*	0,17
	F14CM	0,98	0,37	0,31	0,08	1,10	0,75	0,43	0,17
	F16CM	0,77	0,41	0,11	0,00	0,91	0,80	0,44	0,17
Bacterias	B6CM	0,33	0,42*	0,18	0,11	1,45	0,88*	0,08	0,00
	B10CM	1,14	0,30	0,00	0,00	0,81	0,28	0,00	0,00
	B11CM	1,03	0,55*	0,14	0,05	0,91	0,70	0,00	0,00

Notas:

Los valores corresponden en promedio a 3 repeticiones del índice de tolerancia (IT); En cada columna los valores con asterisco * son significativamente diferentes, de acuerdo al test LSD de Fisher ($P \leq 0.05$). Categorías del índice de tolerancia (Tolerancia Muy Baja: 0.00–0.39, Tolerancia Baja: 0.40–0.59, Tolerancia Moderada: 0.60–0.79, Tolerancia Alta: 0.80–0.99, Tolerancia Muy Alta: $IT \geq 1.00$) [2]. Hallando el índice de tolerancia (IT) con la siguiente fórmula, $IT = \frac{\text{densidad óptica del cultivo con el metal} - \text{densidad del medio con metal sin inóculo}}{\text{densidad del cultivo con metal}}$. Hallando el índice de tolerancia (IT) con la siguiente fórmula, $IT = \frac{\text{diámetro del hongo en el medio con metal}}{\text{diámetro del hongo en medio sin metal}}$.

Conclusión

Los microorganismos aislados de los relaves mineros son tolerantes a altas concentraciones de cadmio y plomo, como fueron las cepas B6CM y F3CM; datos que evidencian que podrían ser empleados en la descontaminación de suelos, fomentando el uso de estos aislados en la biorremediación, como herramienta para mejorar el medio ambiente.

Financiación y agradecimientos

Oficina de investigaciones de la Universidad del Tolima.

Referencias

[1] Muñoz-Silva, L., Olivera-Gonzales, P., Santillán-Torres, M., & Tamariz-Angeles, C. (2019). Heavy metals tolerant microorganisms from mine tailing wastelands Santa Rosa, Jangas (Peru). *Revista Peruana de Biología*, 26(1), 109–118. <https://doi.org/10.15381/rpb.v26i1.15914>

[2] Oladipo, O. G., Awotoye, O. O., Olayinka, A., Bezuidenhout, C. C., & Maboeta, M. S. (2018). Heavy metal tolerance traits of filamentous fungi isolated from gold and gemstone mining sites. *Brazilian Journal of Microbiology*, 49(1), 29–37. <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2017.06.003>

[3] Wang, J., & Chen, C. (2009). Biosorbents for heavy metals removal and their future. *Biotechnology Advances*, 27(2), 195–226. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2008.11.002>

BASIDIOMICETO AISLADO A PARTIR DE MANGLAR DEL CARIBE COLOMBIANO PROMISORIO EN BIORREMEDIACIÓN DE COLORANTES TEXTILES

Laura Marcela Jutinico Shubach, Jesús David Castaño, Tulio Juarez, Miguel Mariño, Javier Gómez-León, Lina M. Blandón

Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras “José Benito Vives de Andreis” – INVEMAR. Correo electrónico: lina.blandon@invemar.org.co

Resumen

Se presenta una de las primeras aproximaciones al sistema lignolítico de hongos derivados de ambientes marino-costeros del Caribe colombiano mediante la optimización de condiciones que maximizan la producción de lacasa de un basidiomiceto aislado de manglar, y la determinación de su potencial en la biorremediación de efluentes textiles.

Palabras Clave: Hongo derivado de ambiente marino-costero, Enzima lignolítica, colorante textil.

Abstract

This study shows one of the first approaches to the ligninolytic system of coastal and marine-derived fungi from the Colombian Caribbean through the optimization of conditions to maximize the production of laccase from a basidiomycete isolated from mangrove swamp, and determination of its potential in the bioremediation of textile effluents.

Keywords: Coastal and Marine-derived fungi, Ligninolytic enzyme, textile dye.

Introducción

Los hongos marino-costeros y sus enzimas son de gran interés en biotecnología ambiental. Estos organismos, adaptados a las condiciones fisicoquímicas extremas del medio oceánico, tienen propiedades únicas no encontradas en sus contrapartes terrestres y representan una fuente potencial de novedosas enzimas lignolíticas que se adapten mejor a las condiciones de los efluentes textiles (alta salinidad y pH), permitiendo un proceso más efectivo en la biorremediación de estas aguas residuales [1]. El objetivo de este trabajo fue determinar el potencial de lacasas, producidas por un hongo marino-costero del Caribe colombiano, en la degradación de colorantes sintéticos empleados en la industria textil.

Materiales y Métodos

Se empleó un diseño compuesto central rotacional (DCCR) para evaluar las concentraciones de los componentes del medio de cultivo ideales para la producción de lacasa a partir del hongo lignolítico Cyphellaceae sp. INV BAS1 (aislado de manglar de la Ciénaga Grande de Santa Marta). Los componentes estudiados fueron: Alcohol veratrílico (inductor), salvado de trigo (fuente de carbono) y peptona (fuente de

nitrógeno), evaluados en cinco niveles diferentes y un total de 20 experimentos. Para cada uno, la cepa se cultivó bajo fermentación sumergida durante seis días, adicionando el inductor en el cuarto día. Al final de cada experimento, se determinó la actividad lacasa de los extractos crudos empleando el sustrato ABTS y se realizaron análisis estadísticos con el paquete rsm en R. Finalmente, se estudió la capacidad de la lacasa cruda para degradar el colorante RBBR empleando electroforesis SDS-PAGE (zimogramas), y las técnicas de espectroscopía UV-Vis y ATR-FTIR [2].

Resultados y Discusión

Los resultados indicaron que el medio de cultivo que favorecía una alta producción de lacasa estaba compuesto por: 40 g/L de salvado de trigo, 9,4 g/L de peptona y la adición al cuarto día de 1,5 mM de alcohol veratrílico, obteniendo una actividad lacasa de 69218 ± 7621 UL-1, valor que representa un incremento mayor a 5.7 veces respecto al resultado obtenido en condiciones iniciales (11875 ± 329 UL-1). La capacidad del extracto enzimático crudo (obtenido a partir de las condiciones optimizadas) para decolorar RBBR se evidenció con la disminución del pico de máxima absorción a 595 nm, logrando un porcentaje de decolorización de $93.9 \pm 1.1\%$ después de 24 horas (Figura 1). Este porcentaje fue alto comparado con reportes en lacasas de otras especies (*Arthrospira máxima*) que mostraron porcentajes de 49% después de 4 días o ninguna evidencia de degradación, incluso en presencia de mediadores [3]. El análisis de ATR-FTIR permitió confirmar la degradación del colorante al observar cambios en la intensidad de las señales y la aparición y desaparición de algunos picos del espectro. Finalmente, los zimogramas mostraron la presencia de isoenzimas lacasa en el extracto crudo y permitieron corroborar su participación en la decolorización de RBBR.

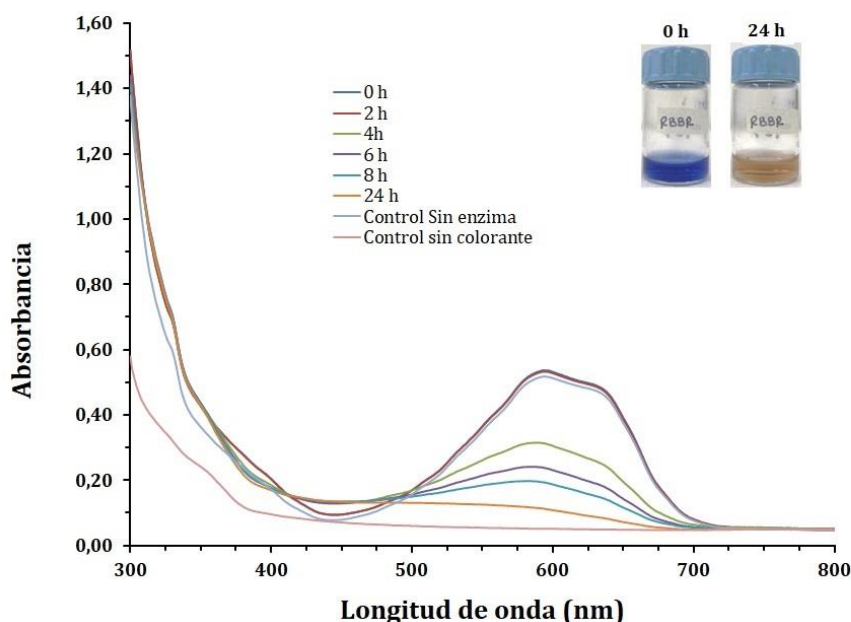


Figura 1. Espectro UV-Visible de muestras del colorante RBBR durante el tratamiento con lacasa cruda obtenida a partir de *Cyphellaceae* sp. INV BAS1

Conclusión

Se optimizó la producción de lacasa a partir del hongo marino-costero *Cyphellaceae* sp. INV BAS1 y se confirmó su capacidad para decolorizar RBBR alcanzando un porcentaje de $93.9 \pm 1.1\%$. Este estudio presenta las bases para implementar un sistema de biorremediación de efluentes textiles a una escala mayor de aplicación industrial.

Financiación y Agradecimientos

Al Invemar y Minambiente por la financiación, a través del Banco de Proyectos de Inversión Nacional. Esta investigación se encuentra bajo el contrato de acceso a recursos genéticos y producto derivado No. 123; expediente RGE0 158-5, otorgado al Invemar por el Minambiente.

Referencias

[1] Bonugli-Santos, R. C., Dos Santos Vasconcelos M. R., Passarini M. R. Z., Vieira G. A. L., Lopes V. C. P., Mainardi P. H., Dos Santos J. A., De Azevedo Duarte L., Otero I. V. R., Da Silva A. M., Feitosa V. A., Pessoa A., Sette L. D. 2015. Marine-derived fungi: diversity of enzymes and biotechnological applications. *Front. Microbiol.* 6: 269, 1-15.

[2] Bonugli-Santos, R. C., Durrant L. R., Sette L. D. 2012. The Production of Ligninolytic Enzymes by Marine-Derived Basidiomycetes and Their Biotechnological Potential in the Biodegradation of Recalcitrant Pollutants and the Treatment of Textile Effluents. *Water. Air. Soil Pollut.* 223: 2333–2345.

[3] Mtibaà, R., Barriuso J., De Eugenio L., Aranda E., Belbahri L., Nasri M., Martínez M.J., and Mechichi T. 2018. Purification and characterization of a fungal laccase from the ascomycete *Thielavia* sp. and its role in the decolorization of a recalcitrant dye. *Int. J. Biol. Macromol.* 120, 1744–1751.

DIVERSIDAD, COMPOSICIÓN Y FUNCIONALIDAD FÚNGICA DE DOS MANGLARES QUE DIFIEREN EN LOS USOS DEL SUELO

María Camila Rodríguez Vásquez, Nelson Rivera Franco, Andres Castillo Giraldo, Neyla Benitez Campo

Universidad del Valle. Correo electrónico: maria.rodriguez.v@correounivalle.edu.co

Resumen

El manglar tiene un importante papel en el ciclo del carbono, proceso en el cual los hongos son de gran importancia. Para conocer la composición y funcionalidad fúngica en manglares del pacífico se realizó un análisis bioinformático, se encontró la presencia de saprotrofos corroborando su importancia en la degradación lignocelulósica.

Palabras Clave: categorías tróficas, intervención antropogénica, lignocelulosa, rutas metabólicas, metagenómica.

Abstract

Mangroves play an important role in the carbon cycle, a process in which fungi are of great importance. To know the fungal composition and functionality in Pacific mangroves, a bioinformatic analysis was carried out, the presence of saprotrophs was found, corroborating their importance in lignocellulosic degradation.

Keywords: anthropogenic intervention, lignocellulose, metabolic routes, metagenomics, trophic categories.

Introducción

El manglar es un ecosistema intermareal ubicado en las costas tropicales y subtropicales, y tiene una gran importancia a nivel mundial debido a los servicios ecosistémicos que ofrece. El papel que desempeña en el ciclo del carbono es considerado la función más importante, proceso en el que los hongos cumplen un papel fundamental al realizar procesos de degradación de compuestos lignocelulósicos. A pesar de su importancia, en los últimos años se han presentado niveles alarmantes de destrucción de este ecosistema, siendo las perturbaciones antropogénicas las principales causantes de esta pérdida.

Materiales y Métodos

Con el propósito de conocer la diversidad, composición y función de las comunidades fúngicas de dos manglares del pacífico colombiano que difieren en el uso del suelo, se realizó un análisis bioinformático de datos resultantes de la secuenciación de la región ITS2 del ADN ribosómico, provenientes de seis muestras de sedimento superficial de los manglares de Islalba y Punta Soldado. En el análisis bioinformático se describió la diversidad y la composición de las comunidades fúngicas con el software Qiime2 y la base de datos UNITE, se realizó un análisis funcional con el software PICRUSt2 y se

relacionaron las comunidades fúngicas con categorías tróficas utilizando la herramienta FUNGuild.

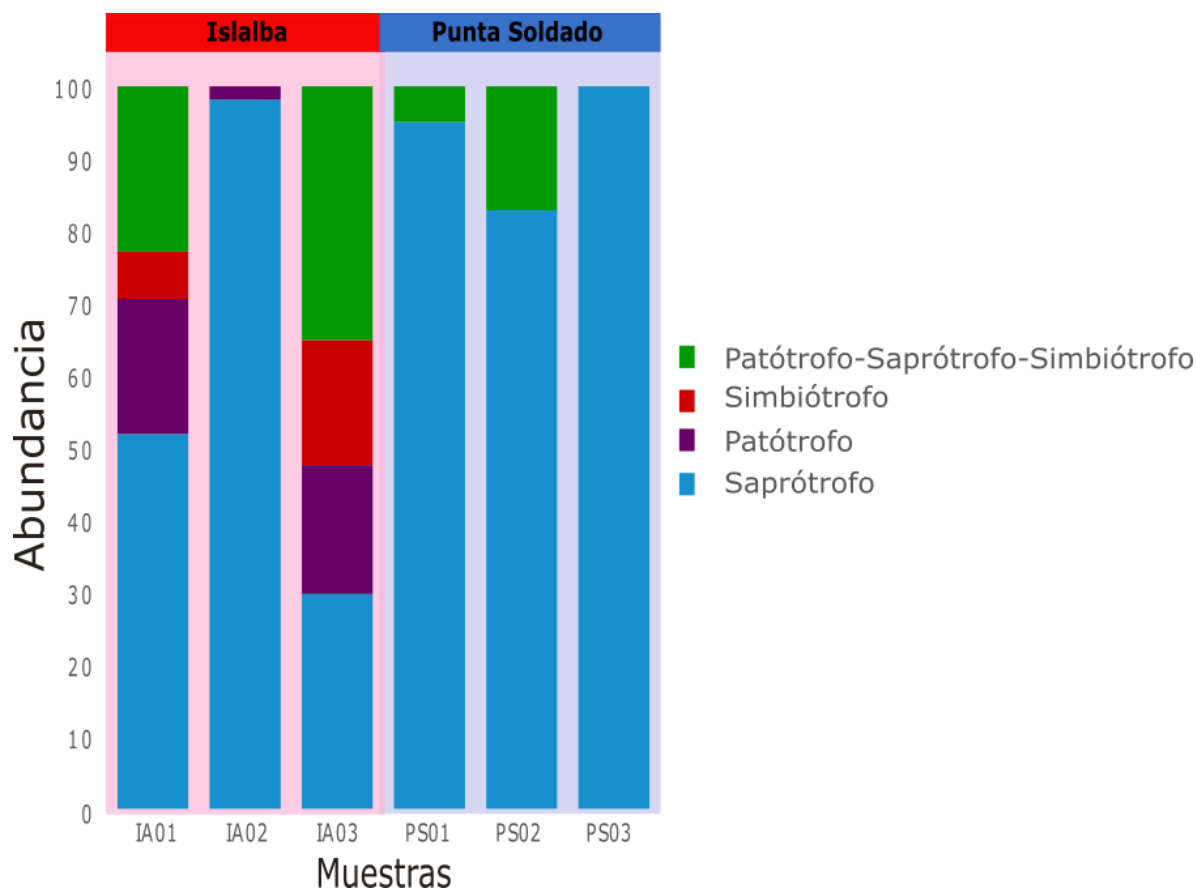


Figura 1.

Resultados y Discusión

Los resultados mostraron que en ambos manglares el phylum más abundante fue Ascomycota seguido de Basidiomycota. El análisis funcional mostró que los hongos están llevando a cabo la degradación de compuestos lignocelulósicos en ambos manglares, corroborando su importante rol ecológico en la degradación de estos. En las categorías tróficas los saprótrosos fueron el gremio con mayor abundancia, lo que sugiere un papel relevante de los hongos en el ciclo de la materia orgánica, adicionalmente, se encontró la presencia de patótrofos únicamente en Islalba, lo que podría indicar la influencia de actividades antrópicas.

Conclusión

Las rutas metabólicas encontradas y la presencia de saprotrofos como gremio con mayor abundancia corroboraron el papel relevante de los hongos en la degradación de la lignocelulosa. Adicionalmente, la presencia de patótrofos únicamente en Islalba podría indicar la influencia de actividades antrópicas.

Financiación y Agradecimientos

A la Universidad del Valle, por la financiación mediante la convocatoria interna 2017-2019. Al personal del Laboratorio de Técnicas y Análisis Ómicos del Centro de Investigación e Innovación en Bioinformática y Fotónica (CIBioFi) de la Universidad del Valle, por permitirme el uso de los equipos de cómputo para los análisis bioinformáticos y por su asesoramiento durante los análisis de datos y el desarrollo del manuscrito.

Referencias

Alongi, D. M. (2014) 'Carbon Cycling and Storage in Mangrove Forests', Annual Review of Marine Science. Annual Reviews, 6(1), pp. 195–219. doi: 10.1146/annurev-marine-010213-135020.

Ortega Giraldo, J. F. (2019) Evaluación del almacenamiento de carbono y la estructura vegetal de manglares ubicados en diferentes biomas antrópicos de la Bahía de Buenaventura, Pacífico Colombiano. Universidad del Valle, Cali, Colombia

Vanegas, J. et al. (2019) 'Effect of salinity on fungal diversity in the rhizosphere of the halophyte *Avicennia germinans* from a semi-arid mangrove', Fungal Ecology. Elsevier Ltd, 42, p. 100855. doi: 10.1016/j.funeco.2019.07.009.

EVALUACIÓN ANTIMICROBIANA DE EXTRACTOS ETANÓLICOS DE VARIEDADES Y LÍNEAS TRANSGÉNICAS DE *Amaranthus hypochondriacus*

Manuel Alejandro Herrera López^{*1}, Fabiana Lora Suarez², Raúl Jacobo Delgado Macuil¹, Flor de Fátima Rosas Cardenas¹, Nelsy Loango Chamorro²

¹Instituto Politécnico Nacional, Centro de investigación en biotecnología aplicada, Tlaxcala-México. Correo electrónico: maherreral_1@uqvirtual.edu.co

²Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Educación (GICBE), Universidad del Quindío, Programa de Biología, Armenia-Colombia.

Resumen

Amaranthus hypochondriacus una planta tradicional mexicana con gran impacto en alimentos. Sus extractos han sido evaluados con efectos positivos como anticancerígenos y antioxidantes. Esta especie tiene algunas variedades; además, se obtienen algunas líneas sobreexpresoras de miRNAs, considerando interesante aplicar los extractos vegetales.

Palabras clave: Amaranto, ensayo antibacteriano, miARN.

Abstract

Amaranth is a mexican traditional plant with great impact on food. Their extracts has been used with positive effect on anticancer and antioxidant assays. These plants has different varieties and we obtain some plants with overexpression of miRNAs, for that reason it would be interesting to applied the extract plants on antibacterial assay.

Keywords Amaranth, Antibacterial assay, miRNA.

Introducción

El amaranto tradicionalmente es consumido en su fase de semilla, por lo cual prácticamente se desecha toda la planta. Estos “desechos” vegetales pueden ser usados para obtención de extractos etanólicos con actividad biológica. Diferentes variedades como CIBA 2, Laura y Gabriela, son cultivadas en México, por lo cual el análisis puede comparar entre ellas detallando variación química intra-variedad. Además, se ha establecido que los miRNAs son reguladores post transcripcionales que indirectamente pueden regular el metabolismo de las plantas afectando la concentración de compuestos inhibitorios [1], por lo cual el objetivo de este trabajo es evaluar la actividad antimicrobiana de extractos etanólicos de variedades y líneas transgénicas de *A. hypochondriacus*.

Materiales y métodos

Plantas de amaranto de tres variedades diferentes y tres líneas sobreexpresoras del miRNA fueron cultivadas en condiciones de invernadero y procesadas en laboratorio para la obtención de extractos vegetales. Los extractos etanólicos y acuosos fueron obtenidos de la planta completa por maceración en etanol al 96%. Los extractos

etanólicos se concentraron por destilación rotativa. Fue evaluada una concentración de 500 µg/mL para la inhibición de *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* y *Ralstonia solanacearum* (Raza 2). Los microorganismos se inocularon en medio de cultivo BHI y se determinó la densidad óptica (DO) a 600 nm, la DO inicial del estudio fue de $\pm 0,1$. El efecto inhibitorio se evaluó cada 30 minutos y se determinó la DO con un espectrofotómetro de placa en 96 pozos. Como control positivo se usó Cloranfenicol a 500 µg/mL y, como control negativo, bacterias creciendo en medio de cultivo sin extractos ni antibióticos.

Resultados y discusión

Se demostró que la variedad conocida como Gabriela de amaranto tiene mayor efecto antibacteriano en las tres bacterias inoculadas. A diferencia de las variedades, las líneas sobre expresas de miRNAs han demostrado tener igual actividad antibacteriana que los extractos de la planta silvestre. Se puede establecer que entre variedades hay una diferencia química inducida por el genotipo [2] o por factores epigenéticos que modulan cascadas de expresión para la biosíntesis de metabolitos secundarios inhibitorios en las bacterias [3]. Se resalta también que el propósito de usar extractos de plantas sobreexpresas es considerar a los microRNAs como moléculas reguladoras que induzcan la producción de metabolitos inhibidores (por el momento desconocidos), asociado por las proteínas silenciadas que desencadenan un amplio espectro de regulación y, por lo tanto, afectan la concentración de metabolitos secundarios como se ha reportado en otras plantas medicinales [1].

Las plantas sobre-expresas de miR319 fueron las que presentaron mayor inhibición en las tres bacterias evaluadas. Los resultados sugieren que se debe seguir investigando el efecto inhibitorio para poder aislar y determinar qué moléculas son las que presentan actividad, especialmente por el gran interés en el tratamiento de enfermedades como la marchitez bacteriana causada por *R. solanacearum* u otras afecciones importantes para la salud en mamíferos en el caso de *S. aureus* y *E. coli*.

Conclusión

Las variedades de una misma especie de amaranto demuestran diferencias inhibitorias en el crecimiento de las bacterias, siendo Gabriela la que mejor se comportó para la inhibición del crecimiento bacteriano. Las líneas transgénicas tienen mayor efecto inhibitorio que la planta silvestre demostrando efectos positivos en usos de plantas genéticamente modificadas para obtener productos naturales con actividad biológica.

Financiación y agradecimientos

Los autores agradecen a la universidad del Quindío, al CIBA – IPN y al CONACyT.

Referencias

[1] Sabzehzari, M., & Naghavi, M. R. (2018). Phyto-miRNAs-based regulation of metabolites biosynthesis in medicinal plants. *Gene*. doi: 10.1016/j.gene.2018.09.049.

[2] Marisol Ochoa-Villarreal, Howat, S., Hong, S. M., Jang, M. O., Jin, Y. W., Lee, E. K., & Loake, G. J. (2016). Plant cell culture strategies for the production of natural products. *BMB Reports*, 49(3), 149–158.

[3] Del Villar, Mauricio (2018). *Amaranto, semilla ancestral, contribución a la soberanía alimentaria*. México. 144 pp.

APLICACIÓN DEL MODELO CINÉTICO DE ANDREWS Y LEVENSPIEL PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL EN PROCESOS FERMENTATIVOS A PARTIR DE MUCÍLAGO DE CACAO CCN-51

Jorge Delgado¹, Jaime Soler², José Ángel Peña²

¹Universidad Cuenca. Correo electrónico: jorge.delgado@ucuenca.edu.ec

²Universidad Zaragoza

Resumen

El objetivo del estudio fue modelar la producción de bioetanol en la fermentación de mucílago de Cacao CCN - 51 con levadura *Saccharomyces cerevisiae* mediante proceso experimental y la aplicación del modelo de Andrew y Levenspiel utilizando MATLAB, los resultados de concentraciones fueron corroborados con la aplicación de ACM.

Palabras Clave: Modelado Cinético, Mucílago de cacao, Bioetanol.

Abstract

The objective of the study was to model the production of bioethanol in the fermentation of Cacao CCN - 51 mucilage with *Saccharomyces cerevisiae* yeast through an experimental process and the application of the Andrew and Levenspiel model using MATLAB, the concentration results were corroborated with the application of ACM.

Keywords: Kinetic Modeling, Cocoa Mucilage, Bioethanol.

Introducción

Debido a la volatilidad del mercado mundial de energía y las crecientes preocupaciones ambientales, los combustibles alternativos como el bioetanol han recibido mucha atención de los investigadores como posibles reemplazos de los combustibles fósiles. Adicionalmente, riquezas agrícolas entre ellas las del Ecuador aporta con biomasa residual que constituye una fuente renovable con un alto potencial de aprovechamiento energético, como: banano, arroz y cacao. A nivel industrial los procesos de fermentación buscan obtener altas concentraciones de etanol, siendo el principal interés estudiar los parámetros cinéticos de la fermentación con modelos que ayuden a predecir y mejorar rendimientos.

Materiales y Métodos

El mucílago de cacao CCN-51 corresponde a la zona geográfica 6 del Ecuador. La fermentación alcohólica se llevó a cabo en un biorreactor batch de marca BiotronGX con agitación constante de 250 rpm. La experimentación transcurrió entre 30 a 96 horas dependiendo de los parámetros de operación y utilizando levadura *Saccharomyces Cerevisiae*. La cuantificación de sustrato se realizó por el método fenol-ácido sulfúrico en un espectrofotómetro UV y luz visible de marca Ciba-Corning 2800 spectrascan. Los pesos de células secas se determinaron mediante secado por liofilización, en un liofilizador FT 33 marca Armfield. La cuantificación del bioetanol se realizó por el

método de microdifusión. El modelo de Andrew y Levenspiel se utilizó para determinar parámetros cinéticos. Los ajustes se realizaron empleando el método de mínimos cuadrados no lineales de Marquardt y para resolver las ecuaciones diferenciales se utilizó el método Runge-Kutta. Los programas utilizados fueron MATLAB y ACM.

Resultados y Discusión

El tiempo óptimo de fermentación para producción de biomasa y bioetanol fue de 36 horas a una temperatura de 35 °C, pH de 4 y concentración de levadura de 3 g/L, tiempo en cual se consumieron los azúcares y obtuvieron buenos ajustes para la producción de levadura ($R^2 = 0.9038$), producción de etanol ($R^2 = 0.9450$), y el consumo de sustrato (azúcares) ($R^2 = 0.9831$). La simulación con el modelo cinético de Andrew y Levenspiel se utilizó para determinar parámetros cinéticos como ($P_{(X.max)}$, K_{SP} , K_{IS} , K_{IP} , m , q_{max} , α , β , $Y_{(X/S)}$, $Y_{(P/S)}$, μ_{max} , K_S), donde los métodos de Marquardt y Runge-Kutta de tercer orden (ODE23), ajustaron los datos experimentales con ayuda de MATLAB, además los resultados de concentraciones fueron corroborados con la aplicación de Aspen Custom Modeler. Los coeficientes de determinación obtenidos a partir de los datos experimentales de biomasa, etanol y glucosa con el modelo de Andrew y Levenspiel, son valores de R^2 que excedieron 0,75 (valor aceptable más bajo), lo que refleja el buen ajuste del modelo.

Conclusión

El mucílago de cacao, residuo de la creciente industria cacaotera, representa una materia prima con potencial para obtener bioetanol. El modelo de Andrew y Levenspiel muestra buen ajuste con los datos experimentales, incluye términos de inhibición, y presenta aceptabilidad para predecir y controlar sistemas fermentativos con mucílago de cacao.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a la Universidad de Cuenca, y a su Facultad de Ciencias Químicas por el apoyo en equipos, materiales; adicionalmente a los investigadores del grupo de Catálisis, Separaciones Moleculares e Ingeniería de Reactores (CREG) de la Universidad de Zaragoza por su apoyo en la sección experimental y el modelado cinético.

Referencias

- [1]. PHUKOETPHIM, N., SALAKKAM, A., LAOPAIBOON, P. and LAOPAIBOON, L. 2017. Kinetic models for batch ethanol production from sweet sorghum juice under normal and high gravity fermentations: Logistic and modified Gompertz models. *Journal of Biotechnology*. Thailand, 243, 69–75. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jtice.2016.06.023>.
- [2]. ARIYAJAROENWONG, P., LAOPAIBOON, P., and SALAKKAM, A. 2016. Kinetic models for batch and continuous ethanol fermentation from sweet sorghum juice by yeast immobilized on sweet sorghum stalks. *Journal of the Taiwan Institute of Chemical Engineers*. Thailand, 66, 210–216. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jbiotec.2016.12.012>
- [3]. AspenTech. (2004). Aspen Custom Modeler 2004.1 Modeling Language Reference Guide.

***Chlamydomonas reinhardtii* COMO MODELO PARA EL ESTUDIO DE DOS TRANSPORTADORES DE NAD⁺ DE *Leishmania braziliensis* (LbNdt2 y LbNdt3)**

Sharon Eliana Villamil Silva¹, Maria Helena Ramírez Hernández¹, Jair Gonzalo Diaz Gonzales²

¹Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica (LIBBIQ), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Carrera 45 # 26-85, Bogotá, Colombia. Correo electrónico: sevillamils@unal.edu.co

²Laboratorio de Toxicología, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de Colombia, Universidad Nacional de Colombia, Carrera 45 # 26-85, Bogotá, Colombia.

Resumen

El sistema algal, representa una alternativa novedosa y promisorio como modelo para el estudio de proteínas de membrana eucariota. Con el propósito de implementar este modelo fueron generados y evaluados vectores recombinantes de dos candidatos a transportadores de NAD⁺ de *L. braziliensis*, como primer paso a su análisis funcional.

Palabras Clave: *C. reinhardtii*, *L. braziliensis*, transportadores.

Abstract

The algal system represents a novel and promising alternative as a model for the study of membrane proteins of eukaryotic origin. To implement this model, recombinant vectors of two candidates for *L. braziliensis* NAD⁺ transporters were generated and evaluated, as a first step in their functional analysis.

Keywords: *C. reinhardtii*, *L. braziliensis*, transporters.

Introducción

Las proteínas transportadoras juegan un papel fundamental en la homeostasis celular, particularmente cuando se trata de parásitos intracelulares como *L. braziliensis*, estas permiten que el microorganismo compita con el hospedero para la adquisición de compuestos esenciales y su distribución a nivel intracelular. Al estar inmersas en una membrana biológica para llevar a cabo su función, el estudio de estas proteínas representa un reto. En consecuencia, la implementación de un sistema eucariota inocuo, de fácil manejo y bajos costos resulta ser una prioridad; el modelo *C. reinhardtii*, un eucariota basal posee todas las características para llevar a cabo esta función (1).

Materiales y Métodos

Estudio in silico de los candidatos LbNdt2 y LbNdt3 y análisis bioinformático de sus ortólogos. Las secuencias de las proteínas fueron obtenidas de NCBI. Los alineamientos se realizaron en CLC Main Workbench y los modelos fueron visualizados con el software UCSF Chimera versión 1.12. Plataformas como NetPhos2.0 y NetAcet1.1, junto con el visualizador GPS 5.0, fueron utilizadas para la predicción de posibles modificaciones postraduccionales. Construcción de los vectores recombinantes pChlmy_4-LbNdt2 y

pChlamy_4-LbNdt3, para expresión en el modelo algal. Se partió de los vectores pGEM-T- LbNdt2 y pGEM-T- LbNdt3, obtenidos previamente mediante subclonación. Herramienta inmunológica para detección de candidatos. Gallinas Hy-line Brown de 50 semanas fueron inoculadas con las proteínas recombinantes obtenidas a partir del sistema heterólogo E. coli. Los α 6xHis-LbNdt2-IgY's y α 6xHis-LbNdt3-IgY's, fueron obtenidos durante el esquema de inoculación a partir de sangrías y huevos. Finalmente, estos fueron evaluados mediante ensayos de western blot y ELISA indirecto (2).

Resultados y Discusión

El estudio de las proteínas transportadoras, resulta ser una pieza clave en el entendimiento del metabolismo energético de parásitos intracelulares, con énfasis en el NAD⁺. Los candidatos LbNdt2 y LbNdt3 analizados in silico, evidencian características propias de la familia de transportadores mitocondriales (MCF), tales como tamaño (entre 318 y 337aa - Protparm), presencia de 6 alfa hélices transmembranales (InterPro) y adicionalmente, a nivel de estructura primaria, motivos distintivos. Según Euk-mPloc 2.0 pueden ubicarse en mitocondria o peroxisoma, aunque carecen de péptido señal. Finalmente, al compararlos con transportadores de NAD⁺ ya caracterizados, se encontró que su estructura en forma de barril capaz de atravesar la membrana formando un canal es altamente conservada, así como las características asociadas a ella; sin embargo, al predecir las posibles modificaciones postraduccionales, se evidencia que este nivel de regulación es diferencial para los transportadores de un mismo organismo (3). El sistema heterólogo C. reinhardtii, constituye una herramienta innovadora para el análisis de este tipo de proteínas. Fueron construidos los vectores recombinantes pChlamy_4-LbNdt2 y pChlamy_4-LbNdt3, para la expresión en este modelo; adicionalmente, se produjeron y caracterizaron los α 6xHis-LbNdt2-IgY's y α 6xHis-LbNdt3-IgY'S específicos para los candidatos. Todo esto, como primer paso al estudio funcional de estos transportadores.

Conclusión

Las algas como C. reinhardtii, constituyen un sistema heterólogo promisorio para la expresión de proteínas de membrana eucariotas, debido a la presencia de mecanismos de compartimentalización y modificaciones postraduccionales. Por ello, se inició la implementación de este sistema para determinar la funcionalidad de los candidatos a transportador de NAD⁺.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo se llevó a cabo gracias a la beca Jóvenes investigadores e innovadores de Colciencias de la convocatoria 812 del 2018 y al proyecto de la DIB "Convocatoria para el fortalecimiento de alianzas interdisciplinarias" código 42176 del 2018.

Referencias

1. Pröschold, T., Harris, E. H., y Coleman, A. W. (2005) Portrait of a species: Chlamydomonas reinhardtii. Genetics. 170, 1601-1610

2. Catalog, A. (2016) GeneArt™ Chlamydomonas Protein Expression Vector For expression of recombinant proteins in Chlamydomonas reinhardtii GeneArt™ Chlamydomonas Protein Expression Vector User Guide
3. Palmieri, F., Pierri, C. L., De Grassi, A., Nunes-Nesi, A., y Fernie, A. R. (2011) Evolution, structure and function of mitochondrial carriers: A review with new insights. Plant J. 66, 161-181.

Myb2: UN POSIBLE REGULADOR DE LA EXPRESIÓN NAD QUINASA EN *Giardia duodenalis*

Derly Melissa Ostos Peña, María Helena Ramírez Hernández

Universidad Nacional de Colombia. Correo electrónico: dmostosp@unal.edu.co

Resumen

Myb2 es un factor de transcripción que favorece la formación del quiste de *G. duodenalis*. Mediante análisis bioinformático se encontró que Myb2 podría unirse al promotor de la NAD quinasa (gInadk). Se estudiaron las condiciones de sobreexpresión de GIMyb2, que permitirá determinar si este factor regula la expresión de gInadk.

Palabras Clave: NADK, *G. duodenalis*, regulación transcripcional, Myb2.

Abstract

Myb2 is a transcription factor that enhance cyst formation in *G. duodenalis*. Using a bioinformatic approach, the binding of Myb2 to nadk gene promoter in this parasite was found. The overexpression conditions of GIMyb2 in *G. duodenalis* was studied, this would determinate if this regulates the gInadk expression.

Keywords: NADK, *G. duodenalis*, transcriptional regulation, Myb2.

Introducción

Giardia duodenalis es un parásito extracelular de gran relevancia en salud pública, debido a que genera la enfermedad gastrointestinal giardiasis. Su ciclo de presenta dos estadios, el quiste (forma infectiva) y el trofozoíto (replicativa) [1]. El factor de transcripción Myb2 (GIMyb2), incrementa la expresión de proteínas necesarias para el proceso de enquistación [2]. Así mismo, la NADK es fundamental para la viabilidad de los organismos, ya que es la única enzima capaz de sintetizar NADP⁺ desde NAD⁺. Con el fin de evaluar si GIMyb2 regula la expresión de GINADK se abordó la estrategia de sobreexpresión de esta en el parásito.

Materiales y Métodos

Para predecir los factores de transcripción con sitio de unión a gInadk, se utilizó el servidor PROMO, tomando como factores más probables aquellos que presentaron un puntaje de disimilitud 0,00. Por búsqueda bibliográfica se seleccionó el factor de transcripción más promisorio GIMyb2. Se generó el vector de sobreexpresión pTubNT-GIMyb2, mediante la técnica de subclonación, teniendo como vector inicial pGEMT-GIMyb2 y posteriormente vector aceptor final pTubNT. Los plásmidos se transformaron en *E. coli* cepa Top10 y se confirmó su identidad por PCR y ensayos de digestión enzimática. La purificación de los vectores se realizó por lisis alcalina y cromatografía de intercambio aniónico en columna. pTubNT-GIMyb2 se transfectó en *G. duodenalis* por electroporación. Como controles se transfectaron el vector vacío pTubNT y positivo, pTubNT-453. Se evaluó el proceso mediante western blot e

inmunofluorescencia. Los cambios en la expresión de GINADK producidos por la sobreexpresión de GIMyb2 se evaluaron mediante western blot.

Resultados y Discusión

Mediante el servidor PROMO, se encontraron 14 factores de transcripción para la regulación de *glnadk*. Se seleccionó como factor más promisorio a GIMyb2, debido a que ya ha sido identificado experimentalmente en *G. duodenalis*, además, en *Triticum aestivum* también se ha determinado que este factor modula la expresión de las proteínas *tanadk1* y *tanadk2*. Por lo anterior, se abordó este factor de manera experimental. En primer lugar, se amplificó la región codificante de *gmyb2* y se ligó en el vector pGEMT. Se liberó el inserto y se ligó en el vector pTubNT. Se realizó extracción de plásmido y se confirmó su identidad. El vector pTubNT-GIMyb2 se utilizó para la transfección en *G. duodenalis*. Se evidenció el proceso de transfección del vector control pTubNT-453 y pTubNT-GIMyb2 mediante inmunofluorescencia, además, por western blot se observó un resultado positivo para el control de transfección. Los parásitos transfectados con el factor de transcripción GIMyb2 adquirieron un fenotipo de célula enquistante, lo que permitió corroborar el proceso de transfección. La evaluación en los cambios de expresión de GINADK, mediante western blot, no permitió aseverar que GIMyb2 modula su expresión, dado que constituyó un reto experimental el reconocimiento de GINADK debido a su baja expresión.

Conclusión

Se obtuvo el vector pTubNT-GIMyb2 de sobreexpresión en *G. duodenalis*, y parásitos transfectados con Myb2. Los cuales son una herramienta experimental que permitirán validar a este factor como posible regulador de la expresión de GINADK.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo se concluyó gracias a la beca jóvenes investigadores e innovadores de Colciencias a través de la convocatoria 812 de 2018 y a la División de Investigación sede Bogotá DIB, mediante el proyecto código 37593.

Referencias

- [1] Ankarklev J, Jerlström-Hultqvist J, Ringqvist E, Troell K, Svärd SG. (2010) Behind the smile: cell biology and disease mechanisms of *Giardia* species. *Nat Rev Microbiol.* 19;8(6):413–22
- [2] Huang YC, Su LH, Lee G a., Chiu PW, Cho CC, Wu JY, et al. (2008) Regulation of cyst wall protein promoters by Myb2 in *Giardia lamblia*. *J Biol Chem.*283(45):31021–9.

LA NAD QUINASA DE *Giardia duodenalis* ES REGULADA POR Ca²⁺/CALMODULINA Y FOSFORILACIÓN DEPENDIENTE DE CaMK

Derly Melissa Ostos Peña, María Helena Ramírez Hernández

Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica LIBBIQ- Universidad Nacional de Colombia-Facultad de Ciencias -Sede Bogotá. Correo electrónico: dmostosp@unal.edu.co, mhramirez@unal.edu.co

Resumen

La NAD quinasa (NADK) es la única enzima que sintetiza NADP⁺ desde NAD⁺, molécula clave para la viabilidad celular. Recientemente identificamos la NADK de *Giardia duodenalis*. Para ahondar en la biología del parásito, este trabajo exploró la regulación postraduccional de NADK, encontrando una posible interacción con Ca²⁺/calmodulina (CaM) y fosforilación dependiente de CaM quinasa.

Palabras clave: NADK, *G. duodenalis*, regulación postraduccional.

Abstract

NAD kinase (NADK) is the enzyme that catalyzes the synthesis of NADP⁺ from NAD⁺. Recently, our research group identified NADK in *Giardia duodenalis*. With the purpose to deep in the parasite biology, we carry out an exploration for the NADK postranslational regulation. The phosphorylation by a CaM kinase-dependent mechanism and the direct interaction with CaM were found.

Keywords: NADK, *G. duodenalis*, postraslational regulation.

Introducción

Giardia duodenalis es un parásito protozoario que causa Giardiasis, la enfermedad gastrointestinal más prevalente a nivel mundial. El tratamiento para esta enfermedad es la administración de nitroimidazoles, sin embargo, se ha reportado resistencia y diferentes efectos adversos [1]. Con el fin de postular nuevas dianas terapéuticas nuestro grupo de investigación estudia el metabolismo energético del NAD⁺. Anteriormente, se identificó a NADK de *G. duodenalis* (GINADK), la única enzima que sintetiza NADP⁺ a partir de NAD⁺ y que mantiene los niveles de NAD⁺/NADP⁺ en la célula para llevar a cabo sus funciones [2]. Para ahondar en el estudio de la NADK se evaluaron mecanismos de regulación postraduccional.

Materiales y métodos

Los mecanismos de regulación evaluados fueron: modificación covalente e interacción proteína-proteína.

Inicialmente, se realizó una predicción bioinformática empleando los servidores para GPS 3.0, NetPhos 3.1, DISPHOS1.3, UbPred y SUMOsp, para evaluar modificaciones covalentes.

Posteriormente, se analizó de manera experimental la fosforilación, mediante inmunoprecipitación de GINADK a partir de extractos proteicos del parásito, e inmunodetección con anticuerpos comerciales α -IgG-fosfoS, α -IgG-fosfoT y α -IgG-fosfoY.

Para evaluar la interacción entre GINADK y Calmodulina, se predijo el acoplamiento molecular empleando el servidor PatchDock. A nivel experimental, para explorar la interacción se utilizaron proteínas recombinantes 6xHis-GINADK y Biotin-Calmodulina. Como control positivo se empleó 6xHis-HsNADK (NADK de Homo sapiens), purificados mediante cromatografía de afinidad a metales inmovilizados. Se llevaron a cabo ensayos de actividad enzimática acoplados, con y sin adición de Calmodulina, con el fin de evaluar los efectos de esta última sobre la actividad de GINADK. Los resultados se evaluaron mediante la prueba estadística t-student.

Resultados y discusión

Mediante los servidores utilizados se predijo que la modificación más abundante sobre GINADK es la fosforilación y que esta puede ser llevada a cabo por CaM quinasas (CaMK). También, se predijeron residuos modificados por ubiquitinación y sumoilación. Por lo anterior, se evaluó experimentalmente si GINADK era fosforilada, para ello se inmunoprecipitó a GINADK desde extractos proteicos del parásito, y al reconocer con anticuerpos anti-fosfo, se detectó que esta es fosforilada en residuos de serina y treonina.

De acuerdo con los resultados obtenidos in silico a nivel de estructura primaria y terciaria, GINADK interactúa con Calmodulina. Con el fin de corroborar lo anterior, se llevaron ensayos de actividad enzimática. Para esto fue necesario establecer las condiciones óptimas para la expresión de la proteína recombinante 6xHis-GINADK en fracción soluble, estas fueron: cepa de expresión SHuffle T7, tiempo de inducción: 4 horas, temperatura: 30 °C, concentración de inductor: 1 mM IPTG. Posterior a obtener la proteína en fracción soluble, se purificó parcialmente mediante IMAC a Co²⁺. Con esta proteína se llevaron a cabo los ensayos de actividad, encontrando que la presencia de Ca²⁺/calmodulina favorece la actividad de GINADK.

Conclusión

Los anteriores resultados constituyen el primer acercamiento al estudio de los mecanismos de regulación postraduccional de GINADK. Permiten postular que esta proteína se regula por modificación covalente con la fosforilación en residuos de serina y treonina, probablemente por quinasas dependientes de CaM o directamente por la interacción proteína-proteína con Ca²⁺/calmodulina.

Financiación y agradecimientos

Este trabajo se concluyó gracias a la beca jóvenes investigadores e innovadores de Colciencias a través de la convocatoria 812 de 2018 y a la División de Investigación sede Bogotá DIB, mediante el proyecto código 37593.

Referencias

[1] Ansell BRE, McConville MJ, Ma'ayeh SY, Dagley MJ, Gasser RB, Svärd SG, et al (2015) Drug resistance in *Giardia duodenalis*. *Biotechnology Advances* 33: 888-901

[2] Contreras Rodríguez LE, Jutinico Shubach LLM, García Castañeda JE, Ramírez Hernández MH. (2019) Functional identification and subcellular localization of NAD kinase in the protozoan parasite *Giardia intestinalis*. *Rev Colomb Química*. 48(1):16–25

ECOTIPOS BACTERIANOS EN EL ANTIGUO VERTEDERO DE NAVARRO (AVN), SANTIAGO DE CALI, VALLE DEL CAUCA

María Alejandra Rentería, Doris Rosero

Grupo de Investigación en Microbiología, Industria y Ambiente (GIMIA), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: doris.rosero00@usc.edu.co

Resumen

Los ecotipos se definieron empleando caracteres ecológicos para la clasificación de Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs). Se identificaron 311 morfotipos y conformaron 88 OTUs, a partir del análisis UPGMA se obtuvieron 11 grupos que correspondieron a ecotipos bacterianos presentes en la planta de tratamiento de lixiviados.

Palabras Clave: OTUs, taxonomía, ecotipos.

Abstract

The ecotypes were defined using ecological characters for the classification of Operational Taxonomic Units (OTUs). 311 morphotypes were identified that made up 88 OTUs and from the UPGMA analysis, 11 groups were obtained that corresponded to bacterial ecotypes present in the landfill leachate treatment plant.

Keywords: OTUs, taxonomy, ecotypes.

Introducción

La taxonomía bacteriana se basa en un sistema de nomenclatura binomial cuyas categorías son: especie, género, familia, orden, clase y filo. Las bacterias cultivables se pueden identificar por caracteres morfológicos (microscópica y macroscópicamente), moleculares, fisiológicos, metabólicos y/o bioquímicos. Sin embargo, a pesar de que las bacterias contribuyen con el mayor número de especies, en los estimativos de biodiversidad, el reporte de bacterias ambientales es escaso, probablemente por dificultades en la identificación. Se ha propuesto que la información obtenida del medio ambiente podría ser un carácter ecológico complementario para la identificación de especies que están presentes en un ecotipo.

Materiales y Métodos

Se realizaron tres muestreos durante el año 2019 en seis lagunas y un lixiviado puro en una Planta de Tratamiento de Lixiviados ubicada en el Antiguo Vertedero de Navarro en la ciudad Santiago de Cali. Los caracteres ecológicos como la exposición al sol, el color de la muestra, la temperatura, la humedad y el pH se registraron en el trabajo de campo. Se identificaron los morfotipos bacterianos con base en caracteres macroscópicos, coloración de Gram y esporas. Adicionalmente, se seleccionaron morfotipos representativos para la identificación por MALDI-TOF MS, siguiendo una

metodología reportada [1]. Se construyó una matriz de similitud utilizando el coeficiente SSM (simple matching) para la conformación de OTUs. Posteriormente, se aplicó el coeficiente de Dice para obtener un dendograma utilizando un método de agrupamiento de pares con la media aritmética no ponderada (UPGMA). Un ecotipo fue definido como un grupo de morfotipos con similitudes ecológicas entre sí [2].

Resultados y Discusión

Se obtuvieron un total de 765 aislamientos y de estos 311 (40%) fueron identificados como morfotipos bacterianos. Se definieron un total de 88 OTUs de acuerdo con los caracteres ecológicos. El resultado obtenido con el análisis UPGMA arrojó 11 grupos denominados como A-K, la hipótesis planteada desde el inicio del proyecto consistió en que cada laguna muestreada era un ecotipo bacteriano único, pero se determinó que los 11 grupos corresponden a 11 ecotipos bacterianos diferentes. Se observó que estos ecotipos presentaban interacciones entre ellos y se encontró que cada laguna muestreada presentaba más de tres ecotipos bacterianos. Lo anterior resalta la importancia de la ecología al identificar y caracterizar bacterias de interés ambiental desde a través del análisis de la taxonomía numérica [3]. Se encontró que estos ecotipos estaban presentes en más de una laguna y en el lixiviado puro, lo que indica la gran variabilidad e interacción bacteriana. En todos los ecotipos bacterianos el género *Bacillus* fue el más predominante, evidenciando su gran adaptabilidad ecológica. Futuros estudios son necesarios para evaluar si el género *Bacillus* sigue siendo el más predominante y si los ecotipos bacterianos encontrados en el lugar de estudio son estables con el tiempo.

Conclusión

En la planta de tratamiento de lixiviados ubicada en el Antiguo Vertedero de Navarro de la ciudad Santiago de Cali se encontraron 11 ecotipos bacterianos, los cuales presentan interacción en las lagunas y el lixiviado muestreados.

Financiación y Agradecimientos

Universidad Santiago de Cali, financiación proyecto código: 934-621119-319 y 934-621119-E32. Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación-Minciencias, Colombia, Convocatoria 811-2018 estancia postdoctoral (DRG). Empresa de Servicio Público de Aseo de Cali-EMSIRVA E.S.P. en Liquidación, autorización ingreso para toma de muestras en el AVN.

Referencias

- [1] Rosero-García, D., Rúa-Uribe, G., Correa, M., Conn, J., & Uribe-Soto, S. (2018). Mosquito (Diptera: Culicidae) grouping based on larval habitat characteristics in high mountain ecosystems of Antioquia, Colombia. *Journal of Vector Ecology*, 43(1), 71–79.
- [2] Cohan, F.M. (2006). Towards a conceptual and operational union of bacterial systematics, ecology, and evolution. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 361(1475), 1985–1996
- [3] Sokal, R., & Sneath, P. (1963). *Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification*. Freeman, San Francisco, 573.

RESISTENCIA A β -LACTÁMICOS DE *Escherichia coli* AISLADA DE CAMAS DE POLLOS DE ENGORDE Y ALGUNAS ESTRATEGIAS BIOLÓGICAS PARA SU CONTROL

Karen Higuera Trujillo¹, Maryeimy Varón López¹, Aura Falco Restrepo²

¹Universidad del Tolima. Correo electrónico: khiguera@ut.edu.co

²Universidad Santiago de Cali

Resumen

Escherichia coli es un microorganismo presente en la producción intensiva de pollos de engorde, ampliamente utilizada como indicadora en camas de pollos para ayudar a rastrear la resistencia emergente ocasionada por el uso frecuente de antibióticos en avicultura, así como su impacto como posible fertilizante en abonos orgánicos.

Palabras Clave: genes, control biológico, bacteriófagos, Bacillus, reuso de cama.

Abstract

Escherichia coli is a microorganism present in the intensive production of broilers and is widely used as an indicator in broiler litter to help track the emerging resistance caused by the frequent use of antibiotics in poultry, as well as its impact as a possible fertilizer in compost organic.

Keywords: gene, biologic control, bacteriophage Bacillus, litter reuse.

Introducción

Los sistemas de producción avícola actuales se basan en altas densidades de pollos que proporcionan las condiciones ideales para la multiplicación y propagación de patógenos. La cama es el material utilizado para cubrir el piso del galpón, presenta una microbiota específica; debido al constante aporte de microorganismos por parte del tracto gastrointestinal de las aves. Este sustrato puede convertirse en un reservorio de patógenos resistentes gracias al uso de antibióticos para controlar y reducir su crecimiento. Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue evaluar la resistencia a β -lactámicos de *E. coli* aislada de cama de pollos [1].

Materiales y Métodos

El aislamiento de *E. coli* se realizó a partir de cama de pollos de engorde reusada y nueva de tres granjas de producción avícola del departamento del Tolima. Se evaluaron cinco etapas de producción y en cada una se determinó la densidad de *E. coli* en el medio agar Mac Conkey por el método de dilución seriada, también fueron evaluados parámetros físicos como la temperatura, humedad y pH. Los aislados de *E. coli* en cada etapa fueron sometidos a pruebas de susceptibilidad antimicrobiana por el método de Kirby Bauer y aquellos que mostraron resistencia a cefotaxima (CTX) se seleccionaron para la identificación de genes de resistencia [2]. Los aislados resistentes de *E. coli* también fueron sometidos a pruebas de control biológico como la actividad antagónica de B.

megaterium y *B. subtilis*, así como la evaluación de la capacidad infectiva de un coctel de fagos aislados a partir de cama.

Resultados y Discusión

Se obtuvo un total de 452 aislados de *E. coli* para las tres granjas evaluadas. La mayor densidad fue en la granja C con $7,9 \times 10^6$ UFC/g y las etapas de producción PI e I mostraron los mayores niveles con decrecimiento en la etapa F. Se encontró que las granjas A y C fueron significativamente iguales en cuanto a la densidad y diferentes a la granja B. Asimismo, el 19% de los aislados fueron resistentes a los tres antibióticos β -lactámicos evaluados (CTX, AMP y AML) y el 24% resistentes a ciprofloxacina (CIP). La identificación molecular permitió determinar mayor presencia de genes de resistencia a β -lactamasas: blaCTX-M-F (Tabla 1) en cama de pollos reusada hasta por más de tres ciclos de producción y menor en cama de pollo nueva. El coctel de fagos aislados a partir de cama logró infectar las cepas de *E. coli* resistentes y la cepa control. Los resultados de este trabajo concuerdan con lo registrado por varios autores que resaltan alta prevalencia de *E. coli* en cama por su existencia natural en el intestino de las aves, además tienen una tasa de muerte lenta en presencia de presión selectiva como los antibióticos [3].

Tabla 1.

RESISTENCIA		RESISTENCIA FENOTÍPICA					RESISTENCIA GENOTÍPICA		
		BETALACTÁMICOS			AMG	QN	CTX-M-F	BLEE	blaCTX-M-F
ANTIBIÓTICOS		AM	AML	CTX	GM	CIP			
GRANJA A	GA AR C2	R	R	R	R	R	-	-	-
	GA E C5	R	I	I	I	I	-	-	-
GRANJA B	GB PI C2	R	R	R	S	S	+	+	-
	GB PI C4	R	R	R	I	I	+	+	-
	GB I C5	R	R	R	I	I	+	+	-
	GB E C10	R	R	R	R	R	+	+	-
GRANJA C	GC AR C2	R	R	R	I	I	+	+	-
	GC AR C3	R	R	I	R	R	-	-	-
	GC AR C6	R	R	R	I	I	+	+	-
	GC PI C1	R	R	R	I	I	+	+	+
GRANJA C	GC PI C2	R	R	I	I	I	-	-	-
	GC PI C3	R	I	R	S	S	+	+	+
	GC PI C4	R	I	R	I	I	-	-	-
	GC I C2	I	I	I	S	S	-	-	-
	GC I C5	I	S	I	S	S	-	-	-
	GC I C6	S	S	I	S	S	-	-	-
	GC I C8	S	S	I	S	S	-	-	-
	GC E C3	S	S	I	S	S	-	-	-
	GC F C4	S	S	R	R	R	+	+	-
	GC F C5	I	S	R	I	I	+	+	+
GC F C6	R	I	R	I	I	+	+	-	
GC F C7	S	S	I	S	S	-	-	-	
GC F C9	S	R	I	I	I	-	-	-	
GC F C10	S	S	I	I	I	-	-	-	
<i>E. coli</i> ATCC 25922		S	S	S	S	S	-	-	-

Conclusión

La cama de pollos de engorde reusada es una fuente potencial de cepas silvestres de *E. coli* resistentes a antibióticos usados tanto en avicultura como en prácticas clínicas, y estas cepas presentan genes de resistencia a β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) principalmente blaCTX-M-F.

Financiación y Agradecimientos

Oficina de investigaciones de la Universidad del Tolima.

Referencias

- [1] H., De Oliveira, L. L., Pena, J. L., & Scatamburlo, M. A. (2019). Antimicrobial and synergistic activity of 2,20,4-trihydroxybenzophenone against bacterial pathogens of poultry. *Frontiers in Microbiology*, 10(March), 1–10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00490>
- [2] Dierikx, Cindy M., Van Der Goot, J. A., Smith, H. E., Kant, A., & Mevius, D. J. (2013). Presence of ESBL/AmpC -producing *Escherichia coli* in the broiler production pyramid: A descriptive study. *PLoS ONE*, 8(11). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0079005>.
- [3] Ajayi, K. O., & Omoya, F. O. (2017). Antibiotic Usage Pattern in Poultry and Resistance Pattern of Human Pathogenic Bacteria Isolated from Poultry Droppings in Akure, Nigeria. *International Journal of Biomedical Science and Engineering*, 5(4). <https://doi.org/10.11648/j.ijbse.20170504.11>.

DESARROLLANDO HERRAMIENTAS MOLECULARES: OBTENCIÓN DE ANTICUERPOS (IgYs) CONTRA LA PROTEÍNA VERDE FLUORESCENTE (EGFP)

Sebastián González Rodríguez, Valentina Gómez Osorio, Sharon Villamil Silva, Luis Ernesto Contreras Rodríguez, María Helena Ramírez Hernández, Gonzalo Díaz

Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá. Correo electrónico: vgomezo@unal.edu.co

Resumen

La proteína verde fluorescente mejorada (EGFP) es ampliamente utilizada en ensayos in vivo e in vitro. Su detección puede ser directa o indirecta (inmunoensayos). Dada su utilidad, se plantea la producción de la proteína recombinante y la generación de anticuerpos, utilizando el modelo aviar.

Palabras Clave: Anticuerpos policlonales, Biotecnología, GFP.

Abstract

The enhanced Green Fluorescent Protein (EGFP) is widely used for in vivo and in vitro assays. Its detection can be direct or indirect (immunoassays). Given its usefulness, the production of the recombinant protein and the generation of antibodies are proposed, using the avian model.

Keywords: Polyclonal Antibodies, Biotechnology, GFP.

Introducción

La EGFP es importante como proteína reportera, marcador celular e indicador de dimerización. La GFP fue aislada de *Aequorea victoria* y, posteriormente, a través de mutagénesis dirigida, se aumentó la intensidad de la señal de fluorescencia (EGFP). En su estructura contiene un arreglo que le permite generar fluorescencia, sin el uso de cofactores externos. La GFP (28 kDa) tiene una alta solubilidad que le confiere ventajas a nivel biotecnológico [1]. Los anticuerpos específicos que facilitan su detección en estudios in vitro, son importados y tienen alto costo. Por ello, se propone la producción de la 6xHisEGFP y su anticuerpo.

Materiales y Métodos

Obtención de 6xHisEGFP. Se generó el vector de expresión EGFPpET100 a partir del vector pSP72R α neo α GFP [2,3]. Se transformaron células *E. coli*-BL21 STAR DE3. Consecutivamente, se indujo la expresión de la proteína utilizando IPTG. Posteriormente, se realizó la purificación de la proteína a partir de la fracción soluble por cromatografía de afinidad a metales así como a partir de los cuerpos de inclusión, empleando electroforesis preparativa. El proceso se monitoreó por SDS-PAGE y western blot. Producción de α 6xHisEGFP. Se realizaron 4 inoculaciones con el antígeno previamente purificado a una gallina Hy-line Brown. Se emplearon, para la purificación de los anticuerpos (IgY), los sueros inmunes y los huevos recolectados durante 33 días.

Esto se llevó a cabo mediante precipitaciones con polietilenglicol seguido de afinidad al antígeno. Finalmente, se evaluaron los anticuerpos obtenidos, para determinar especificidad y sensibilidad.

Resultados y Discusión

Se logró construir un vector recombinante de expresión con el gen codificante para la EGFP. Con este plásmido, se transformaron E. coli (BL21 star DE3) a partir de las cuales se establecieron las condiciones de expresión. Se purificó la proteína tanto de la fracción soluble como de la fracción insoluble, siendo esta última la fracción donde hubo mayor cantidad de proteína, la cual se empleó como antígeno. Se obtuvieron anticuerpos policlonales α 6xHisEGFP desde los sueros y huevos recolectados. Finalmente, en cuanto a las evaluaciones de la herramienta inmunológica, los IgYs purificados reconocen hasta una cantidad mínima de 15ng del antígeno.

Conclusión

Se generaron dos herramientas moleculares importantes para estudios de detección in vivo e in vitro, mediante la producción de la proteína EGFP y el anticuerpo correspondiente.

Financiación y Agradecimientos

Se agradece a la Universidad Nacional de Colombia- Sede Bogotá por la financiación por medio del proyecto “Desarrollo y evaluación de un sistema productivo de proteínas recombinantes y herramientas inmunológicas, acorde a las necesidades actuales del país”, código 40542 Convocatoria Nacional Sesquicentenario - Proyectos de Importancia Institucional.

Referencias

- [1] Tsien, R. (1998). The Green Fluorescent Protein. *Annu. Rev. Biochem*, 67:509-44.
- [2] Atayde VD, Ullu E, Kolev NG. A single-cloning-step procedure for the generation of RNAi plasmids producing long stem – loop RNA. *Mol Biochem Parasitol*. 2012;184:55–58.
- [3] Contreras Rodriguez, LE. (2016). Obtención y caracterización bioquímica y funcional de la enzima recombinante nicotinamida/nicotinato mononucleótido adenilil transferasa de *Leishmania braziliensis* (LbNMNAT). Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

PRESENCIA Y RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *Salmonella sp.* EN CAMAS DE POLLO DE ENGORDE DURANTE LAS ETAPAS DE PRODUCCIÓN AVÍCOLA

Maria Paula Lozano Puentes, Mayra Alejandra Bonilla Caballero, Maryeimy Varón López, Maria Alejandra Ospina Barrero

Grupo de investigación en biotecnología vegetal y microbiana (GEBIUT), Universidad del Tolima. Correo electrónico: mplozanop@ut.edu.co

Resumen

Salmonella sp., es uno de los patógenos zoonóticos de mayor distribución en camas de pollos mundialmente. Este estudio tuvo como objetivo aislar e identificar *Salmonella sp.* de cama de pollos, durante las etapas de producción en el departamento del Tolima, estimar la resistencia a antimicrobianos y detectar los genes asociados.

Palabras Clave: Patógenos, avicultura, resistencia antibiótica.

Abstract

Salmonella sp., is one of the zoonotic pathogens with the greatest distribution in chicken litter worldwide. This study aimed to isolate and identify *Salmonella sp.* of litter, during the production stages in the department of Tolima, estimate antimicrobial resistance and to detect the associated genes.

Keywords: Pathogens, poultry, antibiotic resistance.

Introducción

Los pollos de engorde pueden ser colonizados por patógenos como *Salmonella sp.* desde la granja, donde la cama es una fuente potencial de transmisión por su estrecho contacto con las aves. De esta manera, los productos avícolas al ser consumidos crudos o con insuficiente cocción, se convierten en fuente de infección de este microorganismo para los humanos. Adicionalmente, se ha reportado resistencia antibiótica en estas bacterias relacionada con el uso inadecuado de antibióticos en la industria avícola, lo cual genera reducción en las opciones de tratamientos para las enfermedades infecciosas y un aumento en el costo de los mismos.

Materiales y Métodos

Un total de 45 muestras de cama de pollo de engorde fueron recolectadas en tres granjas de diferente tamaño del departamento del Tolima - Colombia, durante cinco etapas del ciclo de producción avícola. El aislamiento de *Salmonella sp.* se llevó cabo a través de medios de cultivo selectivos, diferenciales y pruebas bioquímicas. Se realizó la confirmación molecular del patógeno con el gen *invA* y serotipificación mediante el esquema Kauffman-White. Se determinó la susceptibilidad antimicrobiana mediante el método Kirby Bauer y para las cepas resistentes a cefotaxima se evaluó mediante PCR los genes *bla*CTX-M, *bla*CTX-M-1, *bla*CMY y *bla*TEM que codifican para esta resistencia.

Los resultados se analizaron bajo los métodos estadísticos de análisis de varianza (ANOVA) y comparación de medias con la prueba F de Fisher.

Resultados y Discusión

Se lograron aislar 16 cepas de Salmonella pertenecientes a los serotipos S. Infantis y S. Gallinarum provenientes de la granja grande antes de la recepción de las aves y en la etapa de finalización. El aislamiento de estas cepas estuvo correlacionado con una mayor densidad poblacional de aves, presencia de escarabajos, reúso de la cama y protocolos de bioseguridad usados en la granja [1]. Todos los aislados presentaron resistencia a cefotaxima y a gentamicina, medicamentos vitales para el tratamiento de enfermedades infecciosas en humanos y aves de corral [2]. La resistencia a los antibióticos en Salmonella sp. depende principalmente de la adquisición de genes de resistencia de su entorno; para los betalactámicos, el gen blaCTX-M es el más común [3], siendo el único gen detectado en este estudio, presente en todas las cepas resistentes a cefotaxima.

Tabla 1. Resultados de las pruebas microbiológicas y moleculares realizadas a las cepas aisladas de Salmonella sp

Cepa	Etapa	Confirmación bioquímica							Confirmación molecular (<i>invA</i>)	Serotipificación	Resistencia fenotípica	Resistencia genotípica
		Citrato	TSI	LIA	SIM		Urea	Producción de SH ₂				
					Motilidad	Indol						
GCM16C1	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C2	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C3	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C4	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C5	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C6	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C7	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C8	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C9	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C10	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C11	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C12	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Gallinarum	CIP Y GM	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C13	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM, CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM16C14	RA	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM, CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM28C17	F	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}
GCM28I18	F	+	K/A	+/-	+	-	-	+	+	S. Infantis	CIP, GM Y CTX	<i>bla</i> _{CTX-M-F}

GC: Granja C; M: Número de Muestra; C: Número de Cepa; RA: antes de la recepción de las aves; F: Finalizador; CIP: Ciprofloxacina; GM: Gentamicina; CTX: Cefotaxima

Conclusión

Los resultados del presente estudio evidencian que la cama de pollos de engorde es una fuente importante de Salmonella con altos niveles de resistencia a múltiples antimicrobianos, patógeno zoonótico que en los últimos años se ha tornado una preocupación de salud pública a nivel mundial.

Financiación y Agradecimientos

Oficina de investigaciones de la Universidad del Tolima.

Referencias

- [1] Chaiba, A., & Rhazi Filali, F. (2016). Prévalence de la contamination par Salmonella des élevages de poulet de chair au Maroc. Cahiers Agricultures, 25(3). <https://doi.org/10.1051/cagri/2016017>
- [2] Monte, D. F., Lincopan, N., Fedorka-Cray, P. J., & Landgraf, M. (2019). Current insights on high priority antibiotic-resistant Salmonella enterica in food and foodstuffs: a review. Current Opinion in Food Science, 26, 35–46. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.03.004>
- [3] Mendonça, E. P., Melo, R. T., Oliveira, M. R. M., Monteiro, G. P., Peres, P. A. B. M., Fonseca, B. B., ... Rossi, D. A. (2020). Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of Salmonella Infantis isolated from broiler chicken in Brazil. Pesquisa Veterinaria Brasileira, 40(1), 29–38. <https://doi.org/10.1590/1678-5150-PVB-5546>.

ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DE BACTERIAS ENDÓFITAS ASOCIADAS AL MANGLE ROJO (*Rhizophora mangle* L.) SOBRE *Fusarium oxysporum* f. sp. *Cubense*

Julián Betancur Jurado¹, Naren Grajales Ríos², Lizeth Rodríguez Zambrano³, Luis Fernando Patiño⁴

¹Estudiante Ingeniería Agropecuaria Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid.

²MSc (e) Ciencias-Biotecnología, Docente Facultad de Ciencias Agrarias Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, Grupo de Investigación Fitotecnia Tropical. Correo electrónico: narengrajales@elpoli.edu.co

³MSc Ciencias Agrarias, Docente Facultad de Ciencias Agrarias Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, Grupo de Investigación Fitotecnia Tropical.

⁴MSc Ciencias Agrarias, Docente Facultad de Ciencias Agrarias Politécnico Colombiano Jaime Isaza

Resumen

Este estudio tuvo como objetivo aislar bacterias endófitas de *Rhizophora mangle* con el fin de inhibir el crecimiento de un hongo patógeno de forma in vitro. Los resultados obtenidos revelaron la capacidad biocontroladora que tienen estas bacterias, y destacaron diferencias sustanciales dependiendo del tejido donde fueron recuperadas.

Palabras Clave: Banano, Diversidad, Inhibición.

Abstract

This study aimed to isolate endophyte bacteria of *Rhizophora mangle* in order to inhibit the growth of a pathogenic fungus in vitro. The results revealed the biocontrol capacity of these bacteria, and highlighted substantial differences depending on the tissue where they were recovered.

Keywords: Banana, Diversity, Inhibition.

Introducción

Fusarium es un género de hongos filamentosos ubicuo y forma asociaciones con plantas. Sin embargo, una de las formas especiales, *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (FOC), agente causal del Marchitamiento por *Fusarium*, es considerada la enfermedad más destructiva del banano y de difícil manejo. Considerando la capacidad de los endófitos para inhibir fitopatógenos, ya que colonizan el tejido interno de las plantas sin causar daño aparente, su importancia biológica ha sido investigada. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antagónica de bacterias endófitas aisladas de *Rhizophora mangle* L., sobre FOC [1].

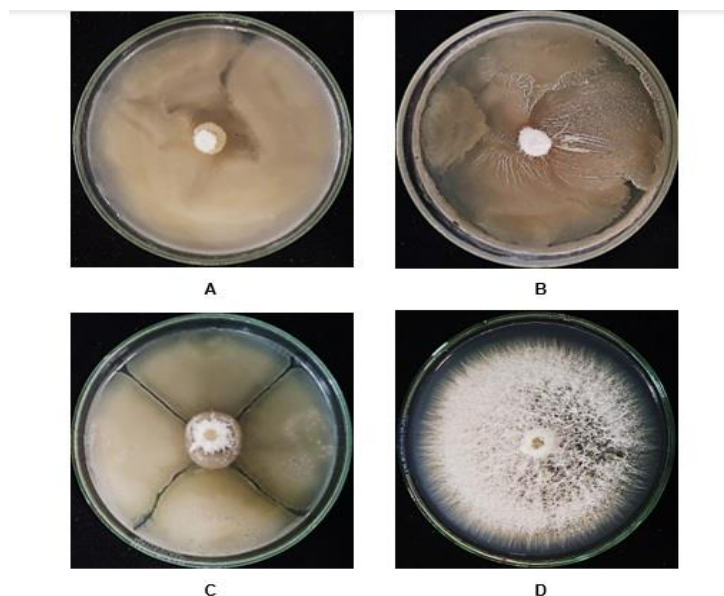
Materiales y Métodos

El material vegetal fue colectado de los Bosques de Manglar (Bocas del Atrato), se seleccionaron tres individuos y se tomaron muestras de hoja, propágulo y raíz de la especie *R. mangle*. Los tejidos fueron lavados, secados, cortados y desinfectados. Se

maceraron y se realizaron diluciones seriadas del extracto hasta 10⁻³, se sembraron en medio de cultivo Trypticase Soya Agar y se incubaron a 25°C por siete días. FOC se incubó en medio Papa Dextrosa Agar a 25°C por cinco días, se tomó con sacabocados el micelio del hongo, y se inoculó en caja de Petri con PDA. Para evaluar el efecto antagónico de las bacterias endófitas, cada una se inoculó en los 4 puntos cardinales (N, E, S, W) en el mismo medio de cultivo, se realizó por triplicado y se llevaron a incubar a 25°C por siete días. Finalmente, se evaluó el porcentaje de inhibición [2].

Resultados y Discusión

Se aislaron 105 bacterias endófitas de tres tejidos de *Rhizophora mangle*, escogidas por sus características morfológicas. En comparación con otros estudios realizados por Castro et al. (2014) y Bibi et al., (2018) donde se obtuvieron 40 cepas bacterianas de las ramas de *R. mangle* y *Avicennia nitida*, y 552 bacterias de *A. marina*, *Halocnemum strobilaceum* y *Zygophyllum qatarense* respectivamente, se concluye que estos estudios demuestran la gran diversidad microbiana que habita dentro de las plantas de mangle, siendo las bacterias una parte de los microorganismos endófitos. De los 105 aislamientos, el 16.2% de estos inhibieron el crecimiento de FOC mayor al 40%, siendo dos bacterias aisladas del propágulo y una de la hoja con el mayor porcentaje de inhibición (82, 86 y 84% respectivamente). De acuerdo con los resultados obtenidos se puede evidenciar que nuestros aislamientos tienen una mayor capacidad antagónica ante FOC en comparación a los reportes de Ntabo et al, (2018), Shahzad et al., (2017), Bahroun et al., (2017) y Muthulakshmi et al., (2019), demostrando la capacidad que tienen estos microorganismos endófitos para combatir un patógeno, y así emplearlos de forma biotecnológica para promover alternativas más eficaces y sostenibles para el manejo de la enfermedad [3].



Actividad antagónica de bacterias endófitas aisladas de hojas, propágulo y raíz de *Rhizophora mangle* L. hacia *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* A. Cepa 47 aislada de hoja (84%). B. Cepa 75 aislada de propágulo (86%). C. Cepa 124 aislada de raíz (76%). D. Control de crecimiento de FOC.

Conclusión

Las bacterias asociadas a *R. mangle* tienen un gran potencial para ser implementadas en tratamientos para el manejo de FOC in vitro, aunque es necesario llevar estas pruebas a invernadero y posteriormente a campo para observar el comportamiento de las bacterias bajo condiciones de estrés.

Financiación y Agradecimientos

Este proyecto fue financiado por el Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid en convocatoria interna "Proyectos de investigación sede central y sedes regionales Menor Cuantía 2018". Los autores quieren agradecer a la Comunidad Bocas del Atrato por permitir la recolección de las muestras de manglar, así como también al laboratorio del grupo de investigación Fitotecnia Tropical de la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

Referencias

1. Mostert D, Molina AB, Daniells J, Fourie G, Hermanto C, Chao CP, et al (2017). The distribution and host range of the banana Fusarium wilt fungus, *Fusarium oxysporum* F. Sp. cubense, in Asia. PLoS One. 12(7):1-24.
2. de Almeida Lopes KB, Carpentieri-Pipolo V, Fira D, Balatti PA, López SMY, Oro TH, et al. (2018). Screening of bacterial endophytes as potential biocontrol agents against soybean diseases. J Appl Microbiol. 125(5):1466-81.
3. Muthulakshmi, P., Thangavel, S., Seethapathy, P. (2019). Characterization of antifungal volatile organic compounds produced by bacterial endophytes against *Fusarium oxysporum* through GC-MS Analysis. Microbiol Res J Int. 29 (1):1-9.

HONGOS ENDÓFITOS ASOCIADOS AL MANGLE ROJO (*Rhizophora mangle* L.) CON ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA SOBRE *Fusarium oxysporum* f. sp. *Cubense*

Luisa Garzón Quintero¹, Naren Grajales Ríos², Lizeth Rodríguez Zambrano³, Luis Fernando Patiño⁴

¹Estudiante Ingeniería Agropecuaria Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid

²Docente Facultad de Ciencias Agrarias Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, MSc (e) Ciencias-Biotecnología, Grupo de Investigación Fitotecnia Tropical. Correo electrónico: narengrajales@elpoli.edu.co

³Docente Facultad de Ciencias Agrarias Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, MSc Ciencias Agrarias, Grupo de Investigación Fitotecnia Tropical.

⁴Docente Facultad de Ciencias Agrarias Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, MSc Ciencias

Resumen

Este estudio pretendió buscar la diversidad fúngica endofítica de *Rhizophora mangle* para evaluar su capacidad de producir compuestos antimicrobianos contra un patógeno del banano de forma in vitro. Los resultados obtenidos demuestran que es posible inhibir al patógeno debido la capacidad de reducir su crecimiento en caja de Petri.

Palabras Clave: Antagonismo, Banano, Diversidad.

Abstract

This study sought to look the endophytic fungal diversity of *Rhizophora mangle* to assess its ability to produce antimicrobial compounds against a banana pathogenic fungus in vitro. The results obtained show that it is possible to inhibit the pathogen due to the ability to reduce its growth in Petri dishes.

Keywords: Antagonism, Banana, Diversity.

Introducción

El cultivo de banano enfrenta una amenaza del patógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 4 tropical (FOC), puede perpetuarse en el suelo por largos periodos y no se le conocen métodos para su control. Una alternativa de control son los hongos endófitos, los cuales constituyen una fuente prometedora de nuevos compuestos antimicrobianos, estos habitan dentro de las plantas sin causar daño, han sido ampliamente estudiados dado que regulan las actividades fisiológicas de la planta. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antagónica de hongos endófitos aislados de *Rhizophora mangle* L., sobre FOC [1].

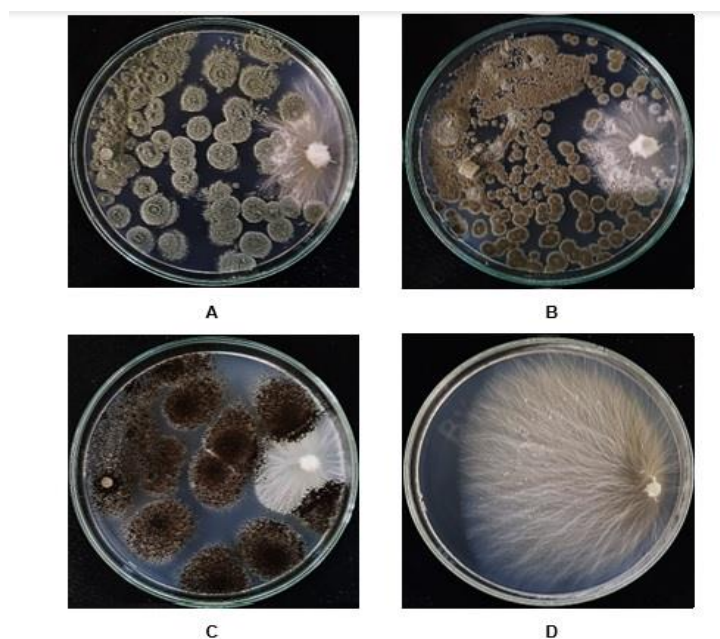
Materiales y Métodos

El material vegetal fue colectado de los Bosques de Manglar (Bocas del Atrato), se seleccionaron tres individuos y se tomaron muestras de hoja, propágulo y raíz de la

especie *R. mangle*. Los tejidos fueron lavados, secados, cortados y desinfectados. Se maceraron y se realizaron diluciones seriadas del extracto hasta 10⁻³, se sembraron en medio de cultivo Agar Papa Dextrosa y se incubaron a 25°C por siete días. FOC se incubó en medio PDA a 25°C por cinco días, se tomó con sacabocados el micelio del hongo, y se inoculó en un extremo de la caja de Petri con PDA. Para evaluar el efecto antagónico de los hongos endófitos, se realizó la prueba de cultivo dual por triplicado y se llevaron a incubar a 25°C por siete días. Finalmente, se evaluó el porcentaje de inhibición [2].

Resultados y Discusión

En manglares de china, se evaluaron 30 especies de hongos endófitos por un ensayo de cultivo dual in vitro contra *Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum*. Los resultados revelaron que todos los aislamientos de hongos endófitos eran altamente capaces de inhibir el crecimiento de colonias miceliales de FOC con porcentajes de inhibición al 66% en comparación con el control, siendo *Penicillium* sp. el de mejor resultado con 66.4% [3], así mismo, Suciati Mih en el 2013, aisló 69 hongos endófitos de hojas, ramas y raíces de plantas de seis especies de manglares, y evaluó su capacidad antifúngica contra *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. Las mayores inhibiciones fueron producidas por *Colletotrichum* sp. (43%) y *Aspergillus niger* (42%). En comparación con nuestros resultados, las 12 cepas de hongos endófitos obtuvieron un porcentaje mayor al 40% en el control de FOC, siendo las cepas 33 y 22 con los mayores porcentajes (83 y 81% respectivamente), confirmando así, que los bosques de manglar, específicamente *R. mangle* del caribe colombiano, albergan una microbiota fúngica endofítica con un potencial de ser implementados como biocontroladores de agentes patógenos [3].



Actividad antimicrobiana sobre *Fusarium oxysporum* f. sp. *cupense* a partir de aislamientos de hongos endofíticos aislados de tres tejidos de *Rhizophora mangle* L. A. Cepa 33 aislada de hoja (83%). B. Cepa 25 aislada de propágulo (70%). C. Cepa 31 aislada de raíz (66%). D. Control de crecimiento de FOC.

Conclusión

Se aislaron 61 hongos endófitos de los tejidos evaluados de *Rhizophora mangle*, siendo la hoja con mayor cantidad de aislamientos. En total, 12 hongos pueden ser implementados en tratamientos para el manejo de FOC de forma *in vitro*, dado que estos lo inhibieron con un porcentaje mayor al 40%.

Financiación y Agradecimientos

Este proyecto fue financiado por el Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid en convocatoria interna "Proyectos de investigación sede central y sedes regionales Menor Cuantía 2018". Los autores quieren agradecer a la Comunidad Bocas del Atrato por permitir la recolección de las muestras de manglar, así como también al laboratorio del grupo de investigación Fitotecnia Tropical de la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

Referencias

1. Gul Jan F, Hamayun M, Hussain A, Jan G, Iqbal A, Khan A, et al. (2019) An endophytic isolate of the fungus *Yarrowia lipolytica* produces metabolites that ameliorate the negative impact of salt stress on the physiology of maize. *BMC Microbiol.*19(1):1-10.
2. Rios-Velasco C, Caro-Cisneros J, Berlanga-Reyes D, Ruíz-Cisneros MF, Ornelas-Paz J, Salas-Marina M, et al. (2016). Identification and antagonistic activity *in vitro* of *Bacillus* spp. and *Trichoderma* spp. isolates against common phytopathogenic fungi. *Rev Mex Fitopatol Mex J Phytopathol.* 34(1):84-99.
3. Abro MA, Sun X, Li X, Jatoi GH, Guo L. (2019). Biocontrol Potential of Fungal Endophytes against *Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum* Causing Wilt in Cucumber. *Plant Pathol J.* 35(6):598-608.

EVALUACIÓN DE BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL EN AGRAZ SILVESTRE (*Vaccinium meridionale Swartz*)

Angie Sofía Barbosa Romero¹, Lucía Cristina Lozano Ardila^{1,2}

¹Universidad de la Salle. Departamento de ciencias básicas. Programa de Biología.

²Microbióloga M.Sc.Ph.D. Correo electrónico: abarbosa68@unisalle.edu.co

Resumen

Evaluar el efecto que tiene *Pseudomonas* sp., *Microbacterium* sp., y *Streptomyces* sp. como bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB, por sus siglas en inglés), en la inoculación a semillas de agraz silvestre (*Vaccinium meridionale Swartz*) para comparar la germinación y el desarrollo a plántula de esta.

Palabras clave: PGPR, inoculación, semillas, germinación, Agraz.

Abstract

Evaluate the effect of *Pseudomonas* sp., *Microbacterium* sp. And *Streptomyces* sp. as plant growth promoting bacteria (PGPB), in the inoculation of wild andean blueberry seeds (*Vaccinium meridionale Swartz*) to compare germination and seedling development.

Keywords: PGPR, inoculation, seeds, germination, andean blueberry.

Introducción

Las bacterias promotoras de crecimiento vegetal, favorecen a las plantas en la síntesis de fitohormonas, promoviendo el crecimiento de las raíces, la proliferación de pelos radicales, mejorando la absorción de agua y minerales del suelo y con ello el mejor y mayor desarrollo de la planta (Caballero, 2006). Actualmente el agraz silvestre cuenta con variados problemas de establecimiento de plántulas, por lo que ha sido difícil de domesticar. De esta manera, se pretende evaluar el efecto que tiene *Pseudomonas* sp., *Microbacterium* sp., y *Streptomyces* sp. en la germinación de las semillas de *Vaccinium meridionale* y su desarrollo a plántula.

Materiales y Métodos

Para la fase preliminar se recomienda revisar los métodos de Cruz y Lozano (2020) en el aislamiento, selección y caracterización de *Pseudomonas* sp., y *Microbacterium* sp. Se coleccionarán un promedio de 1000 semillas maduras de agraz (*Vaccinium meridionale Swartz*) en el municipio de Tinjacá, en Boyacá. Las semillas se desinfectarán superficialmente, se les harán pruebas de viabilidad, se establecerán tres tratamientos para cada bacteria y un control con agua destilada, cada uno por triplicado. Las semillas se hidratarán y las rizobacterias se inocularán a las semillas por la técnica de bio-priming, que tiene como objetivo cubrir semillas con organismos vivos (Melo, 1996; Junges et al., 2015). El efecto de la inoculación de las bacterias se comparará con semillas tratadas solo con agua destilada, para lo cual se realizarán recuentos diarios

de semillas germinadas con radículas >1 mm. Los resultados se expresarán en porcentaje de germinación a los 60 días de cada PGPR inoculada y se determinará el tiempo (h) en que germinará el 50 % de las semillas (Rivera et al., 2017).

Resultados y Discusión

La fase preliminar de este estudio se basa en el trabajo de Cruz y Lozano (2020). Los autores querían determinar el efecto del paso por el tracto digestivo de tres especies del género *Tangara* en las semillas de *Vaccinium meridionale* consumidas y la microbiota endófitas. Dentro del aislamiento, la caracterización y la identificación de la microbiota endófitas de las semillas, se registraron 25 morfotipos. Con los aislamientos puros, Cruz y Lozano (2020) emplearon medio libre de nitrógeno (MLN) y medio Pikovskaya (para solubilizadores de fosfato) para evaluar características ligadas con la promoción de crecimiento vegetal, allí seleccionaron 7 morfotipos candidatos donde fueron identificados por amplificación y secuenciación del gen que codifica para el ARN ribosomal 16S y sólo de 4 individuos les fue posible obtener producto de PCR, dentro de estas cepas encontramos a *Pseudomonas* sp., y *Microbacterium* sp., reportadas previamente como promotoras de crecimiento vegetal. Como fase a seguir, se espera inocular estas cepas más *Streptomyces* sp., a semillas de *V. meridionale* realizando los triplicados para cada tratamiento (3) y el control (1) con 50 semillas respectivamente para cada uno, logrando obtener mayor porcentaje de germinación y crecimiento en menor tiempo.

Conclusión

Se espera tener un efecto positivo en la germinación de las semillas de *Vaccinium meridionale*, inoculadas con *Pseudomonas* sp., *Microbacterium* sp., y *Streptomyces* sp. y en el desarrollo de estas a plántula, a menor tiempo en comparación con el control.

Financiación y Agradecimientos

Agradezco a la profesora Lucía Cristina Lozano Ardila PhD, docente de la Universidad de la Salle quien actualmente es mi tutora y dirige mi proceso en este proyecto que apenas está iniciando. Y al docente Luis Alberto Núñez PhD quien en su curso de investigación IV nos motivó a enviar este resumen para aprender de los errores como futura investigadora. A todos, gracias.

Referencias

Caballero, M. J. (2006) Microbiología agrícola e interacciones microbianas con plantas. *Revista Latinoamericana de Microbiología* 48 (2): 154-161.

Cruz-Suárez, D. F. Lozano-Ardila, L. C. (2020). Pasar o no pasar por el tracto digestivo de un ave: consecuencias para la Microbiota Endófitas de semillas. Retrieved from <https://ciencia.lasalle.edu.co/biologia/73>

Rivera-Conde, M. I., Aranda-Ocampo, S., Carrillo-Castañeda, G., Gijón-Hernández, A. R., & BuenoAguilar, G. M. (2018). Effect of fluorescent *Pseudomonas* on tomato seed germination and seedling vigor. *Revista Chapingo. Serie horticultura*, 24(2), 121-131.

CONTRIBUCIÓN ANTIMICROBIANA DE COLISTINA ENCAPSULADA DENTRO DE NANOLIPOSOMAS MODIFICADOS SUPERFICIALMENTE CON QUITOSANO, FRENTE A *Pseudomona aeruginosa* SENSIBLE Y RESISTENTE A COLISTINA

Valentina Laverde-Rojas¹, Maria José Alhadj², Sandra Rivera¹, Ivan Ocampo¹, Yesiton Betancurt¹, Constain H Salamanca², Jose Oñate-Garzón^{1*}

¹Grupo de Investigación en Química y Biotecnología (QUIBIO), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali, calle 5 No. 62-00, Cali 760035, Colombia.

²Laboratorio de Diseño y Formulación de Productos Químicos y Derivados, Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad ICESI, Calle 18 No. 122-135, Cali 760035, Colombia.

Correo electrónico: jose.onate00@usc.edu.co

Resumen

En este trabajo se encapsuló la colistina dentro de nanoliposomas modificados superficialmente con quitosano desacetilado. Los liposomas fueron caracterizados fisicoquímicamente, adquiriendo valores de tamaño, potencial z y polidispersidad. La cantidad de colistina encapsulada fue determinada. La actividad antibacteriana se evaluó en *P. aeruginosa* sensible y resistente a colistina.

Palabras clave: Colistina, *P. aeruginosa* multirresistente, nanoliposomas funcionalizados.

Abstract

In this work deacetylated chitosan-modified Surface nanoliposomes loading colistin were prepared. These systems were characterized physicochemically, acquiring values of size, z potential and polydispersity (PDI). The amount of encapsulated colistin was also determined. Antibacterial activity was evaluated in *P. aeruginosa* sensitive and resistant to colistin.

Keywords: Colistin, multidrug resistant *P. aeruginosa*, polymer coated nanoliposomes.

Introducción

La colistina es un péptido antibiótico re-emergente la cual es usada como último recurso en la clínica para tratar infecciones por bacterias Gram-negativas multidrogorresistentes (MDR). Desafortunadamente, en los últimos años, se ha reportado resistencia hacia este antibiótico, dejando prácticamente a la humanidad a merced de las enfermedades infecciosas. Alternativas como el uso de nanoliposomas funcionalizados, han superado la resistencia hacia antibióticos convencionales [1]. Por lo tanto, en este trabajo se encapsuló la colistina dentro de nanoliposomas funcionalizados para estudiar la contribución antimicrobiana en *P. aeruginosa* sensible y resistente a colistina.

Materiales y métodos

Los nanoliposomas fueron construidos con fosfolípidos zwitterionicos y colesterol por el método de inyección de etanol en donde la fase acuosa es la colistina. Posteriormente, los polímeros de quitosano previamente desacetilados por microondas, fueron adheridos a la superficie por el método capa por capa. Luego la caracterización fisicoquímica se hizo usando celdas especiales DLS y potencial Z en zsizer nano ZSP. El porcentaje de encapsulación se determinó separando la colistina no encapsulada por ultrafiltración y tiñéndola con el colorante BCA. Finalmente, la actividad antimicrobiana se evaluó por microdilución en caldo de acuerdo [2], en cepas de *P. aeruginosa* sensibles y multiresistentes a colistina facilitadas por la secretaría de Salud Pública del Valle.

Resultados y discusión

Los sistemas no recubiertos con colistina exhibieron un tamaño de 1610,7 nm y una PDI de 0.914, sugiriendo tamaños muy heterogéneos en la muestra debido a que la colistina se podría posicionar en algunos casos en el interior de los liposomas o en otros casos en la mitad de la bicapa lipídica debido a los aminoácidos hidrofóbicos en su secuencia. El potencial Z aumentó de -48.8mV en liposomas sin colistina a -23.2 con colistina, sugiriendo que algunos residuos catiónicos podrían exponerse en la superficie del liposoma. Después de recubrir los liposomas el tamaño se redujo considerablemente a 485,2nm y una PDI por debajo de 0.5 sugiriendo que el polímero estaría ejerciendo una presión sobre la superficie del liposoma de forma estabilizadora, disminuyendo la variación del tamaño de la población. Por otro lado, el potencial z cambio de negativo a positivo después de recubrir indicando que los polímeros fueron adheridos satisfactoriamente a la superficie del liposoma. El porcentaje de colistina encapsulada fue de alrededor del 60%. La actividad antimicrobiana en cepas poblacionales sensibles aumentó en alrededor de 4 veces. Sin embargo, frente a las cepas resistentes a colistina, la actividad antimicrobiana de la colistina no varió en cepas resistentes pero los vehículos sin colistina si mostraron una moderada actividad antibacteriana. Se ha evidenciado que el quitosano tiene propiedades antimicrobianas [3].

Conclusión

Se observó que los liposomas pueden tener tamaños variables cuando la colistina es encapsulada dentro de estos. Después de cubrir los liposomas con quitosano adquirieron un tamaño menor y más homogéneo. La colistina encapsulada mejoró su actividad antimicrobiana considerablemente en bacterias sensibles. En bacterias resistentes a colistina, los vehículos tuvieron contribución antimicrobiana independientemente de la presencia de colistina.

Financiación y agradecimientos

Agradecimientos a las Universidades Icesi y Santiago de Cali.

Referencias

1. Arévalo, L.M.; Yarce, C.J.; Oñate-Garzón, J.; Salamanca, C.H. Decrease of antimicrobial resistance through polyelectrolyte-coated nanoliposomes loaded with β -lactam drug. *Pharmaceuticals* 2019, 12, 1–11.
2. Liscano, Y.; Salamanca, C.H.; Vargas, L.; Cantor, S.; Laverde-Rojas, V.; Oñate-Garzón, J. Increases in hydrophilicity and charge on the polar face of alyteserin 1c helix change its selectivity towards gram-positive bacteria. *Antibiotics* 2019, 8.
3. Ciro, Y.; Rojas, J.; Oñate-Garzon, J.; Salamanca, C.H. Synthesis, characterisation and biological evaluation of ampicillin-chitosan-polyanion nanoparticles produced by ionic gelation and polyelectrolyte complexation assisted by high-intensity sonication. *Polymers (Basel)*. 2019.

EN LA BÚSQUEDA DE UN NUEVO MODELO PARA LA PRODUCCIÓN DE LA GLICOPROTEÍNA (RVG) DEL VIRUS DE LA RABIA

Miguel Esteban Chacón Gómez¹, Zulma Rocío Suárez², María Helena Ramírez Hernández¹

¹Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica – LIBBIQ. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá. Correo electrónico: mechacong@unal.edu.co, mhramirez@unal.edu.co

²VECOL S.A.

Resumen

La neuropatología causada por el virus de la rabia es prevenible mediante inmunización, sin embargo, el desarrollo de vacunas es costoso y requiere infraestructura de alta bioseguridad; en este trabajo se aborda la generación del principal antígeno (RVG) en un sistema heterólogo eucariota, alternativa promisorio para la producción de la vacuna.

Palabras clave: Virus de la rabia, glicoproteína G del virus de la rabia (RVG), *Saccharomyces cerevisiae*.

Abstract

The neuropathology caused by the rabies virus could be prevented through immunization, nevertheless, vaccine development is expensive and requires specialized infrastructure. The generation of the main antigen (RVG) in a eukaryotic heterologous system is addressed in this work, turning out to be a promising alternative for the vaccine production.

Keywords: Rabies virus, rabies virus glycoprotein (RVG), *Saccharomyces cerevisiae*

Introducción

El virus de la rabia (Rabies lyssavirus) causa una infección neurológica fatal que afecta humanos y otros mamíferos; anualmente miles de casos son reportados en todo el mundo e importantes pérdidas económicas derivan de estos. A pesar de que esta enfermedad es 100% prevenible mediante inmunización, la producción de una vacuna es costosa y representa un reto en países en desarrollo [1]. La producción de una RVG (principal determinante antigénico del virus) recombinante en un modelo eucariota, como lo es *Saccharomyces cerevisiae*, representa una alternativa segura y económica para la generación de la vacuna antirrábica.

Materiales y métodos

El gen de la RVG fue amplificado mediante PCR a partir del plásmido pET30-RVG, suministrado por la empresa Vecol y cuya identidad había sido confirmada previamente por secuenciación. El vector pGEM-T Easy-RVG fue construido y

posteriormente, mediante sub-clonación, se obtuvo el vector de expresión pYES2-RVG. La identidad de los plásmidos recombinantes generados fue corroborada por PCR y digestión enzimática. Mediante choque térmico se transfectaron células de *S. cerevisiae* de la cepa de expresión INVSc1 siguiendo el método de LiAc/PEG3350/ssDNA [2]. Con la línea transfectante de *S. cerevisiae* se realizaron ensayos de expresión de la RVG. La evaluación de la expresión se hizo mediante SDS-PAGE y western blot; para la inmunodetección se emplearon IgY's α -RVG que habían sido generadas previamente por nuestro grupo de investigación.

Resultados y discusión

Un producto de amplificación de alrededor de 1300 pb, correspondiente a la secuencia del gen de la RVG, se obtuvo por PCR y fue introducido en el vector pGEM-T Easy; lo anterior fue corroborado por PCR de plásmido, tras obtener el producto esperado, y por digestión enzimática, al observar el perfil para el vector recombinante. Se monitoreó el proceso de la construcción del vector de expresión de *S. cerevisiae* pYES2-RVG, y finalmente se corroboró su

identidad mediante PCR de plásmido y digestión enzimática, donde de igual manera se obtuvieron los productos esperados.

La transfección se evaluó mediante PCR de colonia, en donde el producto génico fue amplificado con una baja intensidad, lo cual está en concordancia con lo reportado en literatura, donde este tipo de rastreo en colonias de *S. cerevisiae* se considera como un reto experimental [3].

Tras la inducción de la expresión de la proteína recombinante en la cepa INVSc1, se evaluaron los perfiles proteicos de células transfectadas con el vector pYES2 vacío y de aquellas con el pYES2-RVG. De igual manera fue posible evaluar la obtención de la proteína recombinante mediante inmunodetección con los anticuerpos previamente producidos.

Conclusión

La generación de plásmidos recombinantes y el uso de un sistema heterólogo de expresión permitió evaluar la producción de la RVG en *S. cerevisiae*. Este es el primer paso para una promisoriosa y novedosa alternativa para diversificar la producción del principal antígeno requerido para la vacuna del virus de la rabia.

Financiación y agradecimientos

Proyecto Implementación y mejoramiento de procesos asociados a la producción de vacuna antirrábica – Código 450176956572 de Colciencias.

Referencias

- [1] Singh, R., et al., (2017). *Veterinary Quarterly*. Volumen: 37, páginas: 212-251.
- [2] Gietz, R.D., (2014). *Yeast Protocols*. Volumen: 1163, páginas: 33-44.
- [3] Bonnet, C., et al. (2013). *BMC research notes*. Volumen: 6, páginas: 1-9.

APROVECHAMIENTO DE LOS RESIDUOS SÓLIDOS OBTENIDOS DE LA PRODUCCIÓN DE CERVEZA: BAGAZO DE MALTA

Sebastian camilo Marulanda lopez, Omaira Vera Lizcano

Grupo de Investigación Química y Biotecnología (QUIBIO). Facultad de Ciencias Básicas. Programa de Microbiología. Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: sebasprizco@gmail.com

Resumen

La industria cervecera genera gran cantidad de residuos contaminantes, junto con el alto gasto energético, de agua y emisiones atmosféricas generan un gran impacto ambiental. Con la utilización del residuo de bagazo de la cebada se buscará disminuir este impacto generando productos para aprovechamiento en el sector alimentario e industrial.

Palabras Clave: Bagazo de cebada, impacto ambiental, tabla nutricional.

Abstract

The brewing industry generates a large amount of polluting waste, high energy, water consumption and atmospheric emissions generate a large environmental impact. With the use of the bagasse waste from the barley, we will seek to reduce this impact by generating products for use in the food and industrial sectors.

Keywords: Barley bagasse, environmental impact, nutritional table.

Introducción

En el presente, el uso más común dado por la industria para el bagazo de cebada, es su disposición para alimentación animal, a pesar que representa una buena fuente de fibra, especialmente la insoluble. El bagazo de cervecería es un material de alto valor, que contiene hemicelulosa, lignina y alto contenido de proteína. Esta estrategia se encuentra alineada con los nuevos conceptos que han surgido en los últimos años de economía circular, que tiene como una de sus premisas la recuperación de materiales para que puedan ingresar en nuevos procesos de producción y llegar nuevamente a consumo.

Materiales y Métodos

- Horno/ Proceso de deshidratación y adecuación de los residuos
- Molino industrial/ tratamiento de corte y molido
- Tamizador/ Tamizado
- Panificadora-método artesanal/ Elaboración de productos panificados
- Humificador/ Incubación
- Luces led/ Fructificación
- Cuchilla estéril/ Recolección.

Resultados y Discusión

Con el análisis de tabla nutricional se espera que el bagazo cumpla con los requerimientos para el consumo humano especificados en la norma técnica dictada para productos panificados.

Si los resultados reportados por análisis de tabla nutricional no cumplen con la norma, se espera elaborar alimentos peletizados para consumo animal.

Según la eficiencia del sustrato elaborado para el cultivo de hongos comestibles, si este es apto, se espera que los hongos crezcan con una buena calidad y un contenido nutricional recomendable.



Figura 1.

Conclusión

Con el uso del bagazo de malta en la producción de alimentos y cultivo de hongos pleurotus ostreatus se espera, no solo evitar pérdidas económicas para las industrias, si no también reducir el impacto ambiental que causa el desecho de este residuo orgánico.

Financiación y Agradecimientos

Agradecimientos a la Universidad Santiago de Cali por brindarnos el residuo de cerveza y por la financiación.

Referencias

[1] Buffington, J. (2014). The Economic Potential of Brewer's Spent Grain (BSG) as a Biomass Feedstock. *Advances in Chemical Engineering and Science*.

[2] FERNÁNDEZ, F. Guía práctica de producción de Setas (Pleurotus spp.). *Fungitec Asesorías*. Guadalajara, Jalisco. México. Marzo. 2004, 54

[3] Brasil, Ministério da Saúde. (2003, 23 Dez). Resolução RDC n. 360, de 23 de diciembre de 2003. Regulamento Técnico sobre Rotulagem Nutricional de Alimentos Embalados, tornando obrigatória a rotulagem nutricional. *Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil*, Brasília, DF.

IRRADIACIÓN LÁSER PARA LA FOTOBIMODULACIÓN DE *Escherichia coli*

Andrés Felipe Cruz Angulo, Nicolás Gutiérrez Franco, Mariluz Gómez Rodríguez, Óscar de Jesús Ramírez Góngora

Departamento de ciencias naturales y matemáticas, Facultad de ingeniería y ciencias, Pontificia Universidad Javeriana Cali; Carrera de Biología, Facultad de ingeniería y ciencias, Pontificia Universidad Javeriana Cali; Semillero Biophotonics, Pontificia Universidad Javeriana Cali; Semillero de Epigenética, Pontificia Universidad Javeriana Cali. Correo electrónico: afca923@gmail.com

Resumen

La luz es uno de los factores ambientales más importantes, y la célula reacciona ante este estímulo dependiendo de su longitud de onda, dosis, organismo y reacción química involucrada. Nuestro objetivo es evaluar la respuesta de *Escherichia coli* ante la fotobimodulación por luz láser a distintas longitudes de onda.

Palabras Clave: Fotobimodulación, *Escherichia coli*, crecimiento bacteriano.

Abstract

Light is one of the most important environmental factors, and cells react to this stimulus in different ways, depending on the wavelength, dosis, organism and chemical reaction involved. Our objective here is to evaluate the response of *Escherichia coli* to photobimodulation by laser light of different wavelengths.

Keywords: Photobimodulation, *Escherichia coli*, bacterial growth.

Introducción

La respuesta microbiana a la irradiación por luz láser es un fenómeno conocido desde la misma invención del láser. En *Escherichia coli* y gracias al trabajo seminal de Karu & Tiphlova, en la U.R.S.S., durante la década de los 80 [3], lograron proponer 4 mecanismos responsables de la fotobioestimulación a nivel fisiológico. El objetivo del presente trabajo es mostrar evidencia reciente, que hemos observado, del efecto fotobioestimulante planteado por Karu & Tiphlova [1], sobre cultivos de *E. coli*. La fotoestimulación se realizó a una dosis constante de luz láser supercontinua pulsada, a 4 longitudes de onda distintas.

Materiales y Métodos

Se inocularon 3.000 mL de *Escherichia coli* K12 en 27.00 mL, 1:10, de caldo LB durante 24 horas, a 37 ~ 2^o C para reactivar las células. Posteriormente se tomaron 20.00 mL del inóculo y se llevaron a una solución de 40.00 mL, 1:2, de la cual, se tomaron 38 alícuotas de 1.000 mL y se depositaron en cubetas de vidrio estándar, de 1.00 cm para espectrofotometría. De las 38 muestras, se seleccionaron 32 para la irradiación (8 por color) y 6 como control positivo. Como control negativo, se utilizó 1.000 mL de caldo sin inocula. Se irradió con láser FYLA SCT1000, @(733, 633, 622 y 570) nm, con un

ancho de banda 20 nm FWHM, impartiendo una dosis de 50 J/m². Para la curva de crecimiento, se monitoreó la absorbancia @600 nm, cada hora durante un periodo de 5 horas, con un espectrofotómetro Genesys 20, Thermoscientific.

Resultados y Discusión

Los resultados obtenidos evidencian el efecto de la fotoestimulación sobre E. coli, los cuales concuerdan con lo reportado anteriormente por Karu & Tiphlova, en donde las muestras irradiadas presentan una tasa de crecimiento mayor en comparación con el control positivo durante las primeras horas del crecimiento bacteriano.

Adicionalmente, se observa que el efecto de la fotobioestimulación es mayor @ 633 nm y 570 nm, disminuyendo levemente @ 622 nm, de igual manera el menor efecto observado fue @ 733 nm, ver figura. Via modelación y tratamiento numérico de los datos de absorbancia de las curvas de crecimiento, se logró estimar el tiempo en el que el cultivo alcanza su tasa de crecimiento máxima, los valores aproximados para estos tiempos fueron: 96 min @733 nm, 91 min @633 nm, 87 min @633 nm, 63 min @570 nm y 80 min para el control positivo. Nuestro estudio, nos permite confirmar que hemos observado el efecto fotobioestimulador con luz láser. En consecuencia, a futuro, nuestro ámbito de investigación se amplía hacia:

- Otros microorganismos de interés biotecnológico.
- Protocolos más eficientes en tiempo y recursos.
- Exploración del fenómeno a nivel molecular.

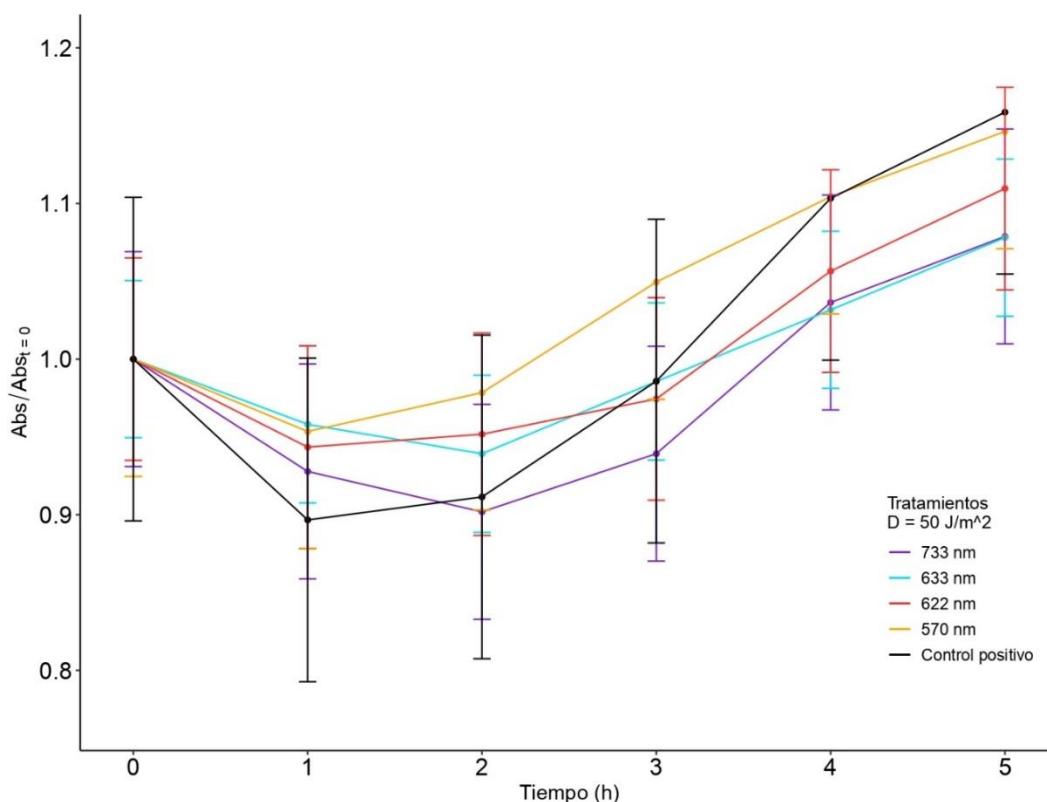


Figura 1.

Conclusión

De acuerdo a los resultados obtenidos, nos proponemos ampliar la confirmación observada, expandiendo la finura del barrido espectral, buscando suavizar el espectro de acción reportado por Karu & Tiphlova [2], en el rango comprendido entre 470 y 800 nm, con la fuente láser supercontinua que disponemos.

Financiación y Agradecimientos

Agradecemos a la Oficina de Investigación y Desarrollo de la Pontificia Universidad Javeriana Cali por mantener el apoyo a los semilleros de investigación Biophotonics y Epigenética, también a la Dirección del Programa de Biología. Éste trabajo es financiado por la Pontificia Universidad Javeriana – Cali, Investigar-PUJ código: 1588.

Referencias

[1] Tiphlova, O. and Karu, T., 1988. STIMULATION OF Escherichia coli DIVISION BY LOW-INTENSITY MONOCHROMATIC VISIBLE LIGHT. Photochemistry and Photobiology, 48(4), pp.467-471.

[2] Karu, T., Tiphlova, O., Esenaliev, R. and Letokhov, V., 1994. Two different mechanisms of low-intensity laser photobiological effects on Escherichia coli. Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology, 24(3), pp.155-161.

[3] Karu, T., 2007. Ten Lectures On Basic Science Of Laser Phototherapy. Grängesberg: Prima Books.

CRITERIOS UTILIZADOS PARA DETERMINAR LA CALIDAD ORGANOLÉPTICA DEL CACAO DERIVADA DEL USO DE INÓCULOS MICROBIANOS

Suanny Gordillo, Daison Daza, Vanessa Pazmiño

Estudiantes Universidad de Nariño. Correo electrónico: suanny1502@gmail.com

Resumen

Esta revisión sistemática proporciona criterios que determinan la calidad organoléptica del cacao derivada de inóculos microbianos, resultado del análisis de 70 documentos, los géneros de microorganismos más reportados fueron *Saccharomyces* 95%, *Gluconobacter* 85% y *Lactobacillus* 85%; los metabolitos secundarios fueron los ácidos (26 %) y alcoholes (24 %).

Palabras Clave: *Theobroma cacao* L, fermentación, metabolitos secundarios.

Abstract

This systematic review provides the criteria that determine the organoleptic quality of cocoa derived from microbial inoculums, result of analysis of 70 papers the genera of microorganisms most reported were *Saccharomyces* 95%, *Gluconobacter* 85% and *Lactobacillus* 85% and the most reported secondary metabolites were acids (26%) and alcohols (24%).

Keywords: *Theobroma cacao* L, fermentation, secondary metabolites.

Introducción

Theobroma cacao es un árbol nativo frutal de suramérica y es la única en su género en ser explotada comercialmente, el sabor y la calidad del cacao se definen durante la fermentación, el cual se caracteriza por tener una ecología microbiana bien definida en la cual el crecimiento sucesivo de varias especies de levaduras, bacterias ácido lácticas, bacterias ácido acéticas y, posiblemente, especies de *Bacillus*, otras bacterias y hongos filamentosos, resultado de las interacciones de estos microorganismos se obtienen componentes como los ésteres, alcoholes, aldehídos, entre otros que son los precursores de estos sabores y aromas en el cacao.

Materiales y Métodos

Se Realizó una búsqueda sistemática por fases, para la pregunta: ¿Qué criterios se utilizan para determinar la calidad organoléptica del cacao derivada de inóculos microbianos? Primera fase, selección de artículos de investigación y reviews, provenientes de revistas indexadas Q1 y Q2 de plataformas Science Direct, EBSCO HOST y Scielo, enfatizando en las palabras clave en el título como en abstract en inglés y español, limitando entre los años 2015 hasta el 2020. En la segunda etapa se seleccionó documentos teniendo en cuenta los antecedentes de países como principales productores y comercializadores de cacao. Se realizó una estadística no paramétrica descriptiva, en comparaciones uno a uno del total de los documentos revisados para las

premisas: “Mejores condiciones para un inóculo fermentativo”, “Microorganismos más utilizados para formación de inóculos que mejoran la calidad organoléptica del cacao” respectivamente, los cálculos y gráficos se realizó en el programa Excel 2010.

Resultados y Discusión

Se Realizó una búsqueda sistemática por fases, para la pregunta: ¿Qué criterios se utilizan para determinar la calidad organoléptica del cacao derivada de inóculos microbianos? Primera fase, selección de artículos de investigación y reviews, provenientes de revistas indexadas Q1 y Q2 de plataformas Science Direct, EBSCO HOST y Scielo, enfatizando en las palabras clave en el título como en abstract en inglés y español, limitando entre los años 2015 hasta el 2020. En la segunda etapa se seleccionó documentos teniendo en cuenta los antecedentes de países como principales productores y comercializadores de cacao. Se realizó una estadística no paramétrica descriptiva, en comparaciones uno a uno del total de los documentos revisados para las premisas: “Mejores condiciones para un inóculo fermentativo”, “Microorganismos más utilizados para formación de inóculos que mejoran la calidad organoléptica del cacao” respectivamente, los gráficos se realizaron en el programa Excel 2010.

Conclusión

El mejoramiento de la calidad organoléptica del cacao por medio de inóculos microbianos permite la producción de cacao de alta calidad y la selección de cepas específicas de microorganismos para la modulación del sabor en una fermentación controlada; hace posible que el producto sea más competitivo en el mercado.

Financiación y Agradecimientos

En primer lugar, a la universidad de Nariño por darnos las herramientas de búsqueda y a nuestro asesor el profesor Pablo Fernandez Izquierdo Phd, de igual manera a la profesora Fedra Lorena Benavides por su asesoría en la elaboración de revisión sistemática en su materia taller de investigación VI.

Referencias

1. Aprotosoiaie AC, Luca SV, Miron A. Flavor Chemistry of Cocoa and Cocoa Products—An Overview. *Comprehensive Reviews in food science and food safety* [Internet]. 2015 [citado 7 mayo 2020];(1):73–91. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/toc/15414337/2016/15/1>
2. Castro- Alayo EM, Vásquez GI, Siche R, Cardenas-Toro FP. Flavor Chemistry of Cocoa and Cocoa Products—An Overview. Formation of aromatic compounds precursors during fermentation of Criollo and Forastero cocoa, [Internet]. 2019 [citado 12 mayo 2020];(1): e01157. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2405844018341422>
3. De Vuyst L, Weckx S. The cocoa bean fermentation process: from ecosystem analysis to starter culture development. *Journal of Applied Microbiology* [Internet]. 2016 [citado 4 mayo 2020];(1):5–17. Disponible en: <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jam.13045>

EVALUACIÓN ANTI-FÚNGICA DE EXTRACTOS ETANÓLICOS DE TRES VARIEDADES DE *Amaranthus hypochondriacus*

Manuel Alejandro Herrera Lopez¹, Fabiana María Lora Suarez², Raúl Jacobo Delgado Macuil¹, Flor De Fátima Rosas Cardenas¹, Nelsy Loango Chamorro²

¹Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada, Instituto Politécnico Nacional, Tlaxcala-México. Correo electrónico: maherreral_1@uqvirtual.edu.co

²Grupo de Estudio en Ciencias Básicas y Educación (GICBE), Programa de Biología, Universidad del Quindío Armenia-Colombia.

Resumen

La candidiasis es un tipo de infección muy frecuente y de gran importancia en salud pública. Diferentes extractos vegetales han demostrado tener efectos inhibitorios en levaduras. Se ha logrado la obtención de extractos de variedades y líneas transgénicas de *Amaranthus hypochondriacus* con resultados interesantes en la inhibición entre dichas plantas.

Palabras Clave: Amaranto, Extracto etanólico, anti-fúngico.

Abstract

Candidiasis is a type of infection very prevalent and important on public health. Different plant's extracts have inhibitory effects on yeast as *Candida albicans*. We obtain extracts of varieties and transgenic plants of *Amaranthus hypochondriacus* with interesting results in the assay of inhibition in different extracts of these plants.

Keywords: amaranth, ethanolic extract, antifungal.

Introducción

La candidiasis afecta principalmente mujeres e individuos inmunocomprometidos, siendo importante para la salud pública [1]. El uso de antimicóticos puede ocasionar efectos secundarios por la toxicidad, lo que motiva la búsqueda de compuestos naturales con menores efectos adversos. El amaranto es una planta medicinal que en diferentes ensayos como antibiofilm son positivos [2]. También se ha establecido que los miRNAs son reguladores post transcripcionales del metabolismo de las plantas, considerando el análisis entre variedades y líneas sobreexpresoras para determinar diferencias en el efecto de la inhibición de candidas y permitiendo tener alternativos tratamientos con diferentes variedades y plantas transgénicas.

Materiales y Métodos

Plantas de amaranto de tres variedades y líneas sobreexpresoras del miR319 fueron cultivadas en condiciones de invernadero y procesadas en laboratorio para la obtención de extractos vegetales. Los extractos etanólicos fueron obtenidos de la planta completa con maceración en etanol al 96% y se concentraron por destilación rotativa. Fue evaluada una concentración de 500 µg/mL para la inhibición de *Candida albicans*,

Candida tropicalis y *Candida parapsilosis*. Las levaduras se inocularon en medio de cultivo BHI y se determinó la densidad óptica (DO) a 600 nm, la DO inicial del estudio fue de $\pm 0,1$. El efecto inhibitorio se evaluó cada 30 min. se determinó la DO con un espectrofotómetro de placa de 96 pozos. Como control de inhibición se usó Ketoconazol a 500 $\mu\text{g}/\text{mL}$ y, como control negativo de inhibición el crecimiento normal de las levaduras.

Resultados y Discusión

Se demuestra que la variedad conocida como Laura de amaranto tiene mayor efecto antimicótico en *C. albicans* (Fig. 1) y *C. parapsilosis*. En *C. tropicalis* fue CIBA 2 quien presento mayor inhibición. A diferencia de las variedades, las líneas sobre expresoras de miRNAs han demostrado tener mayor actividad de la planta silvestre para *C. parapsilosis*. Mientras que las líneas transgénicas inhibieron mejor a *C. tropicalis* y *C. albicans*. Entre variedades se puede establecer que hay una diferencia química dada por diferentes cuestiones, posiblemente por procesos genéticos/epigenéticos que modulan cascadas de expresión para la biosíntesis de metabolitos secundarios inhibitorios en las levaduras [3]. En las líneas transgénicas, la sobre expresión de miRNAs han establecido un cambio, posiblemente asociado a las proteínas silenciadas que desencadenan un amplio espectro de regulación y, por lo tanto, concentración de metabolitos secundarios en plantas medicinales. Los resultados sugieren que los extractos vegetales de las variedades y las líneas transgénicas de Amaranto, son potenciales productos para la inhibición de cándidas de diferentes especies, lo que considera tener un posible antimicótico de mayor espectro. Las inhibiciones evaluadas con el ketoconazol no tuvieron un efecto favorable.

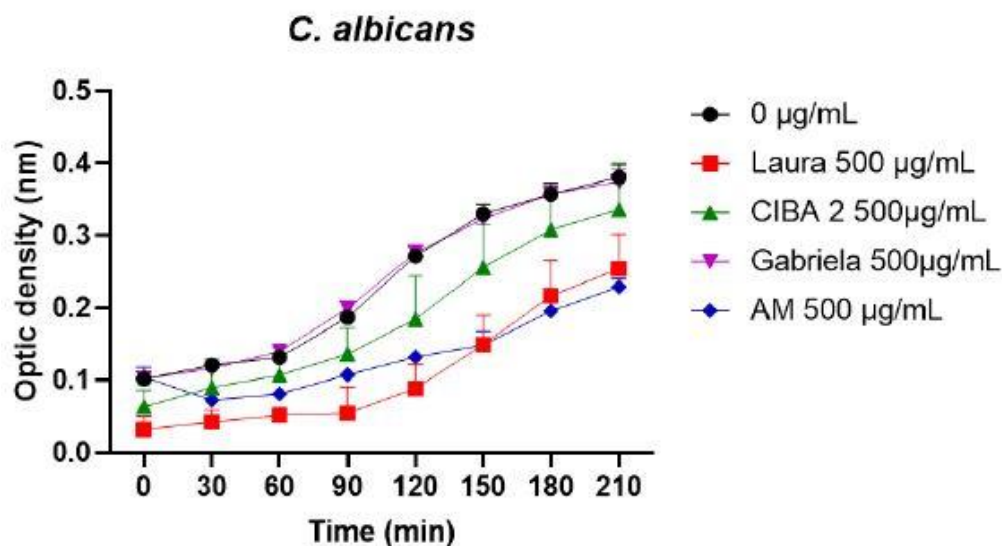


Figura 1. Inhibición de los extractos etanólicos de las variedades en *C. albicans* bajo las mismas concentraciones (500 $\mu\text{g}/\text{mL}$).

Conclusión

Las variedades de una misma especie de amaranto demuestran diferencias inhibitorias en el crecimiento de las levaduras (Laura y CIBA 2), sin embargo, las líneas transgénicas demuestran tener mayor inhibición en *C. albicans* y *C. tropicalis*, demostrando efectos positivos en usos de transgénicos para obtener productos naturales con actividad biológica.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen a la universidad del Quindío, al CIBA – IPN y al CONACyT.

Referencias

[1] Torres-Chatí, Jane, León-Quipe, Jorge, & Tomas-Chota, Gloria. (2017). Actividad antibacteriana y antifúngica de extractos de hojas de *Luma chequen* (Molina) A. Gray “arrayán” frente a patógenos de origen clínico. *Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología*, 37(1), 10-16.

[2] Beema Shafreen, R., Seema, S., Martínez-Ayala, A. L., Lozano-Grande, M. A., Robles-Sánchez, M., Szterk, A., ... Gorinstein, S. (2019). Binding and potential antibiofilm activities of *Amaranthus* proteins against *Candida albicans*. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces*, 110479.

[3] Sabzehzari, M., & Naghavi, M. R. (2018). Phyto-miRNAs-based regulation of metabolites biosynthesis in medicinal plants. *Gene*. doi: 10.1016/j.gene.2018.09.049.

¿QUÉ TANTO CONOCEMOS DE NUESTRA DIVERSIDAD MICROBIANA? EL CASO DE LAS LEVADURAS EN COLOMBIA

Mauricio Ramirez Castrillon, Maria Camila Bados Lopez

Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: mauricio.ramirez00@usc.edu.co

Resumen

Colombia es reconocido por su gran biodiversidad. Sin embargo, la diversidad microbiana ha sido poco explorada y se conoce poco sobre el esfuerzo de muestreo. Este trabajo reportó 112 especies de levaduras en 11 departamentos. Se evidencia falta de esfuerzo de muestreo y potencial para encontrar especies nuevas.

Palabras Clave: levaduras, identificación, diversidad, Colombia.

Abstract

Colombia is recognized for its great biodiversity. However, microbial diversity has been little explored and little is known about the sampling effort. This work reported 112 yeast species in 11 departments. There is evidence of a lack of sampling effort and the potential to find new species.

Keywords: yeasts, identification, diversity, Colombia.

Introducción

Colombia es reconocido por su gran biodiversidad en diferentes grupos biológicos, que incluyen el primer lugar en aves y orquideas, segundo lugar en anfibios, mariposas y peces dulceacuícolas, tercer lugar en palmas y reptiles, y cuarto lugar en mamíferos (Andrade-C 2011). Además, convergen 91 ecosistemas, por lo que se considera uno de los países con mayor índice de riqueza de especies. Sin embargo, la diversidad microbiana ha sido poco explorada, y a pesar de que diferentes grupos de investigación realizan aislamiento de diferentes ambientes, se conoce poco sobre el esfuerzo de muestreo realizado en el país (Avellaneda-Torres y Torres-Rojas 2015).

Materiales y Métodos

Se buscaron palabras asociadas a la diversidad de levaduras a través de diferentes conectores booleanos. La búsqueda incluyó título, abstract y palabras claves entre enero de 2000 y agosto de 2020. Algunas de las palabras fueron: "yeast AND Colombia", "yeasts AND diversity AND Colombia OR yeasts AND species AND Colombia", "levaduras AND Colombia", "identificación AND levaduras AND Colombia". Las bases de datos exploradas fueron: Web of Science, Science direct, Scielo, Springer, Pubmed, Google Scholar. También se realizaron búsquedas en repositorios de trabajos de grado, editoriales de libros y material de divulgación. Los criterios de inclusión fueron trabajos de investigación que incluye el aislamiento e identificación de levaduras. Se excluyeron trabajos relacionados exclusivamente con microbiología

clínica, trabajos que no incluyen aislamiento de levaduras, revisiones, trabajos de grado ya publicados en artículos científicos.

Resultados y Discusión

Se han reportado 112 especies de levaduras diferentes, siendo 75% pertenecientes al phylum Ascomycota (1405 cepas) y 25% Basidiomycota (250 cepas). Muchos trabajos de investigación reportaron morfotipos o géneros sin identificación a nivel de especie, llegando a un total de 21 morfotipos diferentes. 31 reportes no mostraron identificación en ningún nivel taxonómico. Los trabajos encontrados han sido reportados a partir de muestras ambientales, tales como estructuras vegetales, aires, suelos, entre otros. Muchos trabajos se encuentran asociados a ambientes secundarios, tales como fermentación de frutas, suelos asociados a caña u otras bebidas fermentadas, y suelos contaminados con hidrocarburos. En total se encontraron reportes de 11 departamentos.

Conclusión

Estos resultados sugieren la falta de esfuerzo de muestreo en diferentes regiones y el gran potencial para encontrar especies nuevas de levaduras en Colombia.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado por la Universidad Santiago de Cali (934-621119-561).

Referencias

Andrade-C., M. Gonzalo. (2011). ESTADO DEL CONOCIMIENTO DE LA BIODIVERSIDAD EN COLOMBIA Y SUS AMENAZAS. CONSIDERACIONES PARA FORTALECER LA INTERACCIÓN CIENCIA-POLÍTICA. Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, 35(137), 491-507.

Avellaneda-Torres, L. M. y E. Torres-Rojas. 2015. Biodiversidad de grupos funcionales de microorganismos asociados a suelos bajo cultivo de papa, ganadería y páramo en el Parque Nacional Natural de Los Nevados, Colombia. Biota Colombiana 16 (1): 78-87.

VALORACIÓN DE UN MEDIO DE CULTIVO UTILIZANDO AGUAS RESIDUALES DOMÉSTICAS Y PORCINAS PARA EL CRECIMIENTO DE *Haematococcus pluvialis* Y PRODUCCIÓN DE ASTAXANTINA

Ana Graciela Lancheros Díaz, Erica Johana Quintero Gómez

Universidad Colegio mayor de Cundinamarca. Correo electrónico: aglancheros@unicolmayor.edu.co

Resumen

Descargas de aguas residuales a otras fuentes de agua afectan la fauna acuática y la salud humana. Esta investigación evaluó un medio de cultivo utilizando aguas residuales domésticas y aguas residuales porcinas para el crecimiento de la microalga *Haematococcus pluvialis* y la síntesis de astaxantina, demostrando su crecimiento y producción.

Palabras clave: microalgas, aguas residuales, cultivo, pigmento.

Abstract

Discharges of wastewater to other water sources affect aquatic fauna and human health. This research evaluated a culture medium using domestic wastewater and porcine wastewater for the growth of the microalgae *Haematococcus pluvialis* and the synthesis of astaxanthin, demonstrating its growth and production.

Keywords: microalgae, wastewater, culture, pigment.

Introducción

El cultivo de la microalga *Haematococcus pluvialis* y la producción de astaxantina a escala industrial en medios convencionales no es suficiente, se plantea la evaluación del cultivo en un medio a partir de aguas residuales, recurso que incluye líquidos y sólidos acuáticos de uso doméstico o comercial, así como otras aguas que se han utilizado en actividades del hombre y cuya calidad ha sido degradada, pero que alberga un amplio valor nutricional necesario para el crecimiento y la producción de biomasa de *H. pluvialis*, caracterizándose por ser una alternativa eco- amigable. Se determina también la obtención del pigmento la astaxantina.

Materiales y métodos

Se manejaron las cepas UTEX 2505 y UA, las muestras fueron tomadas de la Planta de Tratamiento de Aguas Residuales Domésticas de Bojacá y de un criadero de porcinos en Facatativá. Los cultivos se inocularon en concentración de 1×10^4 células/ml de *H. pluvialis*, la fase de crecimiento: fotoperiodo luz/oscuridad, 18:6 h, luz blanca 689 luxes, temperatura ambiente 29 días, agitación manual diaria. Para la producción de astaxantina se determinó fotoperiodo luz/oscuridad 20:4 h, luz blanca 22512 luxes, temperatura ambiente 20 días con agitación manual diaria.

La cuantificación de clorofila y astaxantina se hizo por espectrofotometría y las

muestras del último día bajo estrés fueron evaluadas mediante HPLC. Se realizó análisis de varianza ANOVA de dos factores (medios y cepas) para los dos tratamientos por triplicado y análisis de varianza ANOVA de dos factores para astaxantina y clorofila con un nivel de confianza del 95%, empleando para el análisis Excel 2010.

Resultados y discusión

Se determinó que el medio de cultivo con aguas residuales domésticas (12,5%) presentó mayor tasa de crecimiento celular 3409×10^4 células/mL con la cepa UTEX 2505, día 22. El medio con agua residual porcina, cepa UTEX 2505 alcanzó una concentración celular máxima de $620,66 \times 10^4$ células/mL día 29.

El medio de cultivo con aguas residuales porcinas no generó crecimiento significativo con la cepa UA, se evidenció una concentración celular máxima de $32,08 \times 10^4$ células/mL con agua residual doméstica en el día 22.

El medio de cultivo con agua residual porcina cepa UTEX 2505 obtuvo la mayor velocidad de crecimiento: 0,030 células/ día.

El análisis de varianza (ANOVA) de dos factores demostró que para una confianza del 95% existen diferencias estadísticamente significativas ($P= 0,05$) entre las medias de crecimiento de las cepas, pero no hay diferencias estadísticamente significativas entre los medios de cultivo evaluados.

A partir de los datos se evidencia producción de astaxantina en los medios de cultivo con aguas residuales y las dos cepas valoradas. De la tabla 1, se infiere que los medios de cultivo con aguas residuales y la cepa UA presentaron mayor concentración de astaxantina con la técnica HPLC, gracias a que esta es más precisa (Córdoba, et al., 2015, Sosa & Sánchez, et al., 2004, Universidad Nacional Autónoma de México, s.f.).

Tabla 1. Resultados de la cuantificación final de Astaxantina por HPLC

Medio de cultivo y cepa	Concentración ($\mu\text{g/mL}$)
Agua residual doméstica - UTEX 2505	5,401
Agua residual doméstica - UA	27,091
Agua residual porcina - UTEX 2505	5,386
Agua residual porcina - UA	17,056

Fuente: construcción propia, Quintero E 2020.

Conclusión

Se determinó que para una confianza del 95% existen diferencias estadísticamente significativas ($P= 0,05$) entre el crecimiento de las cepas de *H. pluvialis*. Las concentraciones de astaxantina obtenidas por espectrofotometría 4,9 $\mu\text{g/ml}$ y HPLC 27,091 $\mu\text{g/ml}$, cepa UA con aguas residuales domésticas demuestran la producción de astaxantina utilizando aguas residuales.

Referencias

Córdoba N, Acero N, Duque L, Jiménez L, Serna J. 2015. Obtención y caracterización de astaxantina de la microalga *Haematococcus pluvialis*. [Internet]. UGCiencia 21, 73-82. [Citado 11 de Agosto 2020]. Disponible en:

https://www.researchgate.net/publication/303953105_Obtencion_y_caracterizacion_de_astaxantina_de_la_microalga_Haematococcus_pluvialis

Sosa I, Sánchez J. 2004. Espectrofotometría de absorción. [Internet]. Universidad Nacional Autónoma de México. [Citado 11 de Agosto 2020]. Disponible en: http://www.ibt.unam.mx/computo/pdfs/met/espectrometria_de_absorcion.pdf

Universidad Nacional Autónoma de México. [Internet]. México: Facultad de química [actualizado diciembre de 2007; citado 11 agosto 2020]. Disponible en: http://depa.fquim.unam.mx/amyd/archivero/M.Cromatograficos_6700.pdf

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIMICOBACTERIANA DE ALGUNAS PLANTAS DEL GÉNERO PIPER

Carlos Aranaga, Madai Guerrero, Aura Falco

Universidad Santiago de Cali. Correo electrónico: carlos.aranaga00@usc.edu.co

Resumen

The antimycobacterial activity of extracts of three species of the genus Piper was determined on the growth of non-tuberculous mycobacteria. The results show that some extracts were able to inhibit the growth of all study strains at a concentration of 1 mg/ml.

Palabras Clave: Piper aduncum, Piper peltatum, Piper auritum, actividad antimicobacteriana.

Abstract

Se determinó de la actividad antimicobacteriana de extractos de tres especies del género Piper, sobre el crecimiento de micobacterias no tuberculosas. Los resultados muestran que algunos extractos fueron capaces de inhibir el crecimiento de todas las cepas de estudios a una concentración de 1 mg/ml.

Keywords: Piper aduncum, Piper peltatum, Piper auritum, antimycobacterial activity.

Introducción

Las micobacterias no tuberculosas son consideradas patógenos emergentes, debido al aumento de infecciones causadas por estos microorganismos. La resistencia intrínseca, así como la selección de cepas resistentes a los antibióticos de uso actual, hace necesaria la búsqueda de nuevas alternativas terapéuticas. Las plantas del género Piper, presentan una amplia variedad de metabolitos secundarios, muchos de los cuales han mostrado actividad antibacteriana, por lo cual, en este trabajo determinó la actividad antimicobacteriana de extractos hexánicos, diclorometánicos y metanólicos de P. aduncum, P. auritum y P. peltatum sobre el crecimiento de Mycobacterium abscessus, M. fortuitum, M. chelonae y M. smegmatis.

Materiales y Métodos

Obtención de extractos. Se obtuvieron extractos de hoja e inflorescencia de las distintas especies mediante la técnica de percolación utilizando como solventes hexano, diclorometano y metanol. Los solventes fueron eliminados mediante evaporación rotativa a baja presión y el extracto final fue diluido en dimetilsulfóxido a una concentración de 100 mg/ml. Determinación de la actividad antimicobacteriana. La actividad de los extractos fue determinada mediante la técnica de dilución en agar. Para ello, se prepararon placas de Petri las cuales contenían de medio tripticasa de soya agar suplementado con cada uno de los extractos a concentraciones de 50, 100, 200, 500 y 1000 µg/ml o DMSO al 1%. En cada placa se adicionaron 10 µl de cultivo bacteriano que

contenían 1,5–3,0 x 10⁴ UFC. Las placas fueron incubadas a 37°C durante 72 horas o hasta observar crecimiento en la placa que contenía DMSO.

Resultados y Discusión

Los extractos de hoja e inflorescencia de *P. peltatum* lograron inhibir el crecimiento *M. abscessus*, *M. chelonae*, *M. fortuitum* y *M. smegmatis* a una concentración de 1 mg/ml, mientras que sólo el extracto metanólico de hoja de *P. auritum* logro inhibir el crecimiento de estas cepas a la misma concentración. El extracto metanólico de inflorescencia de *P. aduncum* inhibió el crecimiento de *M. smegmatis* a 1mg/ml, observándose una limitada actividad contra las demás especies en estudio. Se ha reportado que algunos compuestos terpenoides aislados de plantas presentan gran actividad antimicobacteriana (Mgbeahuruike y col, 2017). En una revisión realizada por Selehi y col (2019), se estableció que extractos y aceites esenciales de algunas plantas del género *Piper* son ricos en compuestos terpenoides, llegándose a encontrar hasta un 75% de compuestos sesquiterpenos. Esto podría indicar que la inhibición observada en plantas como *P. peltatum* podría deberse a la presencia de este tipo de compuestos. Sin embargo, se debe realizar un estudio fitoquímico para determinar qué tipo compuestos están jugando un papel importante en la inhibición bacteriana, para que sirvan como base en la búsqueda de nuevos fármacos contra el crecimiento micobacteriano.

Conclusión

Los extractos hexánicos, diclorometánicos y metanólicos de hoja e inflorescencia de *P. peltatum*, presentan compuestos con actividad inhibitoria contra el crecimiento de *M. abscessus*, *M. chelonae*, *M. fortuitum* y *M. smegmatis*, lo cual pone de manifiesto es potencial antimicobacteriano que presenta esta planta.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por la Dirección General de Investigaciones de la Universidad Santiago de Cali, mediante proyecto de investigación No. 934-621118-49.

Referencias

Mgbeahuruike E., Yrjönen, Y., Vuorela H., Holm Y. 2017. Bioactive compounds from medicinal plants: Focus on *Piper* species. *South African Journal of Botany* 112:54-69.

Selehi B., Zakaria., Gyawali R., Ibrahim S., Rajkovic J., Shinwari Z., Khan T., Ozleyen A., Turkdonmez E., Valussi M., Tumer T., Fidelgo L., Martorell M., Setzer W. 2019. *Piper* Species: A Comprehensive Review on Their Phytochemistry, Biological Activities and Applications. *Molecules* 24 (7):1364

EVALUACIÓN DE LA SOBREVIVENCIA DE *Cryptosporidium parvum* EN EL PROCESO DE FERMENTACIÓN DEL TÉ KOMBUCHA

Benyi Juliana Marin Gallego¹, Courtney Lowe², Ynes Ortega², Fabiana Maria Lora Suarez¹, Jorge Enrique Gomez Marin¹

¹Universidad del Quindío, Grupo de estudio en Parasitología Molecular (GEPAMOL), COL. Correo electrónico: bjmaring@uqvirtual.edu.co

²University of Georgia, Center for Food Safety. 1109 Experiment St. Griffin, GA 30223, USA.

Resumen

La kombucha es consumida por los beneficios que aporta a la salud. Se evaluó la efectividad del pH de esta bebida para inhibir la sobrevivencia de *C. parvum*, evidenciando un porcentaje de sobrevivencia de 22%, concluyendo que el pH no inactiva *Cryptosporidium* después de 15 días de exposición.

Palabras Clave: *C. parvum*, pH, sobrevivencia.

Abstract

Kombucha is a popular fermented tea because of the benefits it brings to health. The effect of the pH of this tea was evaluated to inhibit the survival of *C. parvum*, showing 22% percentage of survival, concluding that the low pH does not kill *Cryptosporidium* after 15 day exposure.

Keywords: *C. parvum*, pH, sobrevivencia.

Introducción

El té fermentado kombucha es consumido por los efectos beneficiosos para la salud y su facilidad de preparación de manera casera. Su preparación debe de cumplir ciertos requerimientos de sanidad debido a que él te puede contaminarse con microorganismos patógenos para humanos. En el presente trabajo se planteó como objetivo evaluar la efectividad del pH en este tipo de té empleando ooquistes de *Cryptosporidium parvum*, los cuales pueden soportar pH inferiores a 4 y es muy resistente a las condiciones ambientales y a los tratamientos convencionales de desinfección del agua [2].

Materiales y Métodos

Para evaluar la sobrevivencia de *C. parvum* en el té kombucha se inocularon 10^8 ooquistes de este parásito en 10 mL de té kombucha de 4 variedades (té negro (A), té verde(B), té negro y verde (C), y té orgánico (D). El fermentado fue monitoreado durante 15 días, evaluando los días 0, 7 y 15 con sus respectivos controles tomando valores de pH durante el proceso de fermentación. Se determinó la presencia de este parásito por medio de extracción de ADN, nPCR y electroforesis, de igual manera se

realizó cultivo celular con la línea celular HCT-8, para evaluar la viabilidad del parásito en los diferentes tiempos. Con los datos obtenidos se realizó un análisis de varianza (ANOVA) de un factor para correlacionar los valores de pH con el porcentaje de sobrevivencia mediante el software Origin 8 pro.

Resultados y Discusión

Se observó que el porcentaje de sobrevivencia de *C. parvum* disminuye a medida del tiempo en los cuatro tipos de té, el tipo D presentó menor porcentaje de sobrevivencia (22%), con pH de 2.8 y el tipo A el mayor porcentaje de sobrevivencia (55.5%) con un pH de 3 con relación al porcentaje de sobrevivencia evidenciado en los controles siendo el 66% el menor con pH de 5.3. Con respecto al análisis de varianza se obtuvo un valor de significancia de 1 en la correlación del pH y el porcentaje de sobrevivencia, lo que indica que esta variable afecta el crecimiento del *C. parvum*. De igual manera se logró visualizar algunas infecciones ocasionadas por el parásito en las células HCT-8, en los días evaluados, lo que indica que los ooquistes se mantuvieron viables durante el experimento. El té kombucha ha sido empleado en la industria alimentaria debido a que su acidez inhibe el crecimiento de bacterias patógenas, se ha reportado que se emplea para preservar frutas después de la cosecha [3], sin embargo, el pH no es suficiente para inhibir microorganismos patógenos que pueden estar presentes en la kombucha y convertirse en una crisis en salud pública [1].

Conclusión

El té kombucha puede contener ooquistes viables o infecciosos durante el periodo de fermentación del mismo, lo que evidencia la importancia de las buenas prácticas higiénicas durante la preparación del té, así como la adecuada calidad de agua durante la preparación del mismo.

Financiación y Agradecimientos

Este proyecto fue financiado por el departamento de Food Safety de la Universidad de Georgia. Agradecemos a la Universidad del Quindío y a la Universidad de Georgia por hacer posible el desarrollo de este proyecto en común, a los auxiliares de laboratorio Courtney y Alex por su asistencia y ayuda.

Referencias

[1] Frenzen, P. (2004). Deaths due to Unknown Foodborne Agents. *Emerging Infectious Diseases* • www.cdc.gov/eid • Vol. 10, No. 9.

[2] Rennecker, J., Hong, J., Corona-Vasquez, B., and Mariñas, B. (2001). Role of Disinfectant Concentration and pH in the Inactivation Kinetics of *Cryptosporidium parvum* Oocysts with Ozone and Monochloramine. *Environ. Sci. Technol.* 2001, 35, 13, 2752-2757

[3] Tan, J., Zhou, X., Cheng, S., Chen, Z., Gou, Y., Ye, J., and Xu, F. (2019). Biocontrol of Pear Postharvest Decay by Kombucha. Available online: www.notulaeobotanicae.ro. Print ISSN 0255-965X; Electronic 1842-4309.

ESTUDIO PRELIMINAR DE LA BIOTRANSFORMACIÓN DE β -SITOSTEROL MEDIADA POR *Escherichia coli*

Alexandra Velasques Bravo, Luz Stella Ramírez Aristizabal, Francisco Javier Jiménez-González

Grupo Polifenoles-Universidad Tecnológica de Pereira. Correo electrónico: jjimenez@utp.edu.co

Resumen

La biotransformación de fitosteroles ha incrementado su interés por la obtención de metabolitos con potencial farmacológico. β -sitosterol es considerada una molécula target que puede ser usada como sustrato para la síntesis de moléculas de mayor diversidad funcional. En este trabajo se realizó la biosíntesis de β -sitosterol mediada por *E. coli*.

Palabras Clave: Biocatálisis, Fitosteroles, Triterpenos.

Abstract

The biotransformation of phytosterols has increased their interest in obtaining metabolites with pharmacological potential. β -sitosterol is considered a target molecule that can be used as a substrate for the synthesis of molecules of greater functional diversity. In this work, the biosynthesis of β -sitosterol mediated by *E. coli* was carried out.

Keywords: Biocatalysis, Phytosterols, Triterpenes.

Introducción

En la actualidad, las transformaciones mediadas por microorganismos (biotransformación) son una herramienta útil para la obtención de una gran variedad de componentes químicos, con aplicación en farmacéutica [1]. La biotransformación, se define como “el uso de sistemas biológicos para provocar cambios estructurales en los compuestos químicos” [2]. El interés en la biotransformación de fitosteroles, ha incrementado dada su capacidad para la regulación de diversas funciones a nivel biológico. Por tal motivo, en este estudio preliminar se plantea la biotransformación de β -sitosterol mediada por *Escherichia coli*, para la obtención de metabolitos de origen natural con posibles propiedades de interés farmacológico [3].

Materiales y Métodos

La biotransformación de β -sitosterol ($\geq 70\%$) se llevó a cabo con una cepa de *E. coli* (ATCC 25922). *E. coli* se sembró en agar Mueller-Hinton, y se determinó la cinética de crecimiento en medio BHI. Para el desarrollo de la biotransformación, se mantuvo el microorganismo en medio BHI y se añadió β -sitosterol a 0,5 mg/mL (BS-M); igualmente, se prepararon muestras para cinética de crecimiento (CC), control de medio (CM) y β -sitosterol en metanol (BS, 1 mg/mL). Las muestras se mantuvieron en

un incubador con agitación a 130 rpm y 30 °C. El seguimiento de la biotransformación se realizó por cromatografía en capa delgada (CCD), utilizando Óleum como agente revelador. A las 30 h de iniciado el procedimiento, se evidenciaron cambios en las placas cromatográficas, lo cual conllevó a realizar extracción con acetato de etilo a cada muestra, para su posterior análisis por cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (CG-EM).

Resultados y Discusión

Como resultado de este estudio preliminar, se encontró que la especie *E. coli* promueve la biotransformación de β -sitosterol luego de 30 h de iniciado el ensayo. El seguimiento por CCD mostró nuevos productos que no corresponden con metabolitos del microorganismo. Del mismo modo, se recuperaron los extractos de BS-M y CC para ser analizados por CG-EM y comparados con el cromatograma de BS. El análisis cromatográfico y de masas de la muestra BS-M, mostró la presencia de los metabolitos 16-pregnen-3,20-diona (1), estigmastano-3,5-dieno (2) y testosterona (3) con tiempos de retención 24.261, 24.912 y 25.238 min, respectivamente. Los porcentajes de similaridad del 92% (1), 70% (2) y 60% (3), fueron determinados mediante comparación con la biblioteca espectral del equipo. En el presente trabajo se han identificado tres productos de la biotransformación, los cuales corresponden a moléculas con núcleo de triterpeno tetacíclico. Aunque con β -sitosterol se han realizado algunas biotransformaciones, hasta el momento ninguna ha sido reportada con *E. coli*, ni la obtención de los productos 1, 2 y 3. Hasta el momento, no se ha estudiado sobre un posible mecanismo de biosíntesis que pueda dar a conocer la formación de los productos.

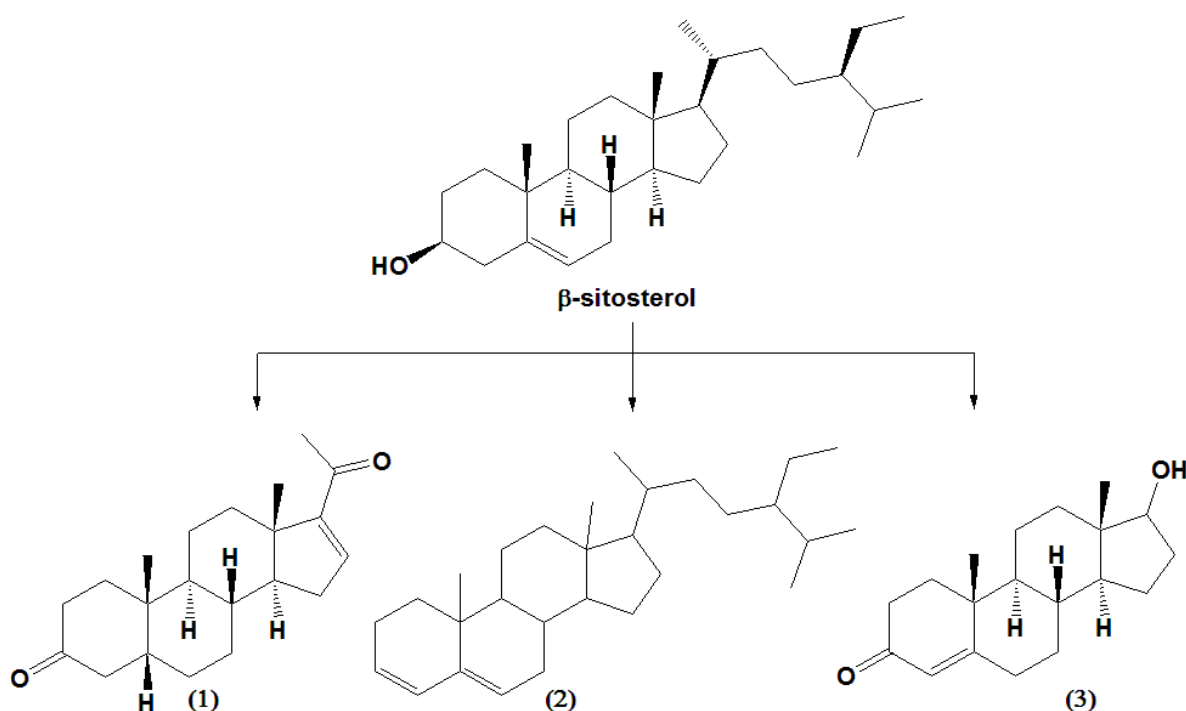


Figura 1.

Conclusión

La biotransformación de esteroides mediante *E. coli* se puede dar bajo condiciones suaves de reacción, a bajo costo y en tiempos relativamente cortos. Así mismo, representan una fuente importante de compuestos derivados con posible uso como hormonas.

Financiación y Agradecimientos

Los autores agradecen al laboratorio de Análisis de aguas y alimentos por la donación de la cepa de *E. coli*, y a los laboratorios de Calidad de Productos Naturales por el análisis cromatográfico y de masas de las muestras. Al grupo Polifenoles por la disposición de espacios de trabajo, reactivos, medios de cultivo y equipos para el desarrollo del proyecto. Los laboratorios anteriormente mencionados pertenecen a la Universidad Tecnológica de Pereira. También agradecemos al programa de Maestría en Ciencias Químicas de la Universidad Tecnológica de Pereira.

Referencias

- [1] Baiping, M., Bing, F., Hongzhi, H., & Yuwen, C. (2010). Biotransformation of Chinese Herbs and Their Ingredients. *World Science and Technology*, 12(2), 150–154. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S18763553\(11\)6001-4](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S18763553(11)6001-4).
- [2] Muffler, K., Leipold, D., Scheller, M-C., Haas, C., Steingroewer, J., Bley, T., Neuhaus, H.E., Mirata, M.A., Schrader, J., Ulber, R. (2011). Biotransformation of triterpenes. *Process Biochemistry*, 46(1),1–15. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.procbio.2010.07.015>
- [3] Sultana, N. (2018). Microbial biotransformation of bioactive and clinically useful steroids and some salient features of steroids and biotransformation. *Steroids*, 136, 76–92. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.steroids.2018.01.007>

PRESENCIA DE PROTEÍNAS RICAS EN CISTEÍNA EN PSEUDOMONAS CEDRINA Y SU POTENCIAL DE DETOXIFICACIÓN DE CADMIO MEDIANTE SU INCORPORACIÓN EN UN NANOCOMPUESTO

Jefferson Beltrán Guzmán^{1,2}, Maryeimy Varón López², Anderson Guarnizo Franco¹, Ximena Pulido Villamil¹

¹Grupo de investigación en Química Aplicada a Procesos Ecológicos, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima.

²Grupo de investigación en Genética y Biotecnología vegetal y Microbiana, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima. Correo electrónico: jjbeltrang14@gmail.com

Resumen

Las metalotioneínas bacterianas podrían ser empleadas para la biorremediación de metales pesados. Para ello, se realizó la extracción, la cuantificación proteica y la evaluación de la capacidad detoxificante de un extracto proteico de *Pseudomonas cedrina* aislada de relave minero, evidenciando la presencia de proteína ricas SH libres.

Palabras clave: metalotioneínas, metales pesados, biorremediación.

Abstract

Bacterial metallothioneins could be used for the bioremediation of heavy metals. According to that, the extraction, protein quantification and evaluation of the detoxifying capacity of a protein extract of *Pseudomonas cedrina* isolated from mining tailings were carried out, showing the presence of free SH-rich proteins.

Keywords: metallothioneins, heavy metals, bioremediation.

Introducción

La contaminación por metales pesados es una problemática que amenaza la salud humana y ecosistémica. Particularmente, los microorganismos han sido altamente eficientes en biorremediación pues su gran diversidad metabólica les confiere múltiples mecanismos de tolerancia frente a iones metálicos. Se ha reportado que las metalotioneínas, proteínas (0,5-14kDa) ricas en cisteína, pueden emplearse para la biorremediación de estos contaminantes, ya que, intracelularmente actúan como agentes quelantes de estos mismos [1]. Por tal razón, este trabajo tiene como finalidad, evaluar la capacidad de remoción de iones metálicos por un extracto proteico ricos en cisteína de *Pseudomonas cedrina* incorporado a nanopartículas de magnetita.

Materiales y métodos

Se aisló *Pseudomonas cedrina* tolerante a Cd(II) y Pb(II) de suelos de relave minero, a la cual se le realizó la extracción de proteína con y sin sales metálicas, que fueron sometidas a centrifugación, lisis química, física y almacenamiento a -20°C. Los extractos se cuantificaron por el método de Bradford para proteínas y Ellman para proteínas con

tioles libres mediante espectrofotometría ultravioleta y visible (UV/Vis) y se analizaron a su vez por el sistema Tris-tricina SDS-PAGE modificado de Schagger. Posteriormente, se concentró el extracto mediante ultrafiltración en una centrífuga (30 min, 14.000xg, 4°C) con un dispositivo de filtro de membrana (Amicon Ultra-0.5mL, 3K) y el retenido fue mezclado con nanopartículas de magnetita previamente sintetizadas y mantenido en baño ultrasónico por 2h. La capacidad de detoxificación del nanocompuesto frente a Cd(II) se evaluó mediante el método de difusión en disco de Kirby-Bauer, utilizando *Bacillus subtilis* como cepa sensible a cadmio [2].

Resultados y discusión

Los resultados obtenidos mostraron que *Pseudomonas cedrina* presenta proteínas ricas en cisteína con una mayor abundancia cuando esta fue inoculada en medio con sales metálicas, tal como lo reportado por otros autores quienes indican que la exposición a iones metálicos produce una sobreexpresión de proteínas bacterianas ricas en cisteína para superar el estrés generados por estos compuestos. Así mismo se ha identificado que las metalotioneínas son proteínas de bajo peso molecular entre 3,5-14 kDa, lo cual concuerda con el perfil electroforético obtenido del gel Tris-Tricina SDS-PAGE, donde se observa bandas de peso molecular de 14,2 kDa, que posiblemente corresponden a estas proteínas. De igual manera, los ensayos de detoxificación en disco de Kirby-Bauer mostraron un efecto detoxificante frente al cadmio por parte del nanobiocompuesto, el cual se evidenció en la disminución del halo de inhibición cuando hay presencia de estos. Esto concuerda con la naturaleza de las proteínas, las cuales tienen la capacidad de quelar metales pesados mediante el grupo tiol de sus residuos de cisteína [3].

Conclusión

El uso de extractos proteicos bacterianos ricos en proteínas con cisteína que puede incluir las metalotioneínas es un tópico interesante en biorremediación. Mediante este estudio se logró obtener nanopartículas de magnetita modificadas en un extracto proteico y se evaluó su potencial como agente detoxificante de cadmio.

Financiación y agradecimientos

Proyecto de investigaciones con código 30118 financiado por la Universidad del Tolima.

Agradecimientos al Grupo de Investigación en Inmunología y Patogénesis, y al Grupo de Investigación en Enfermedades Neurodegenerativas de la Universidad del Tolima, por su apoyo en el desarrollo de las actividades del presente trabajo.

Referencias

[1] Das, S., Dash, HR & Chakraborty, J. (2016). Genetic basis and importance of metal resistant genes in bacteria for bioremediation of contaminated environments with toxic metal pollutants. *Appl Microbiol Biotechnol.* 100, 2967-2984.

[2] Murthy, S., Bali, G & Sarangi, S. (2011). Effect of lead on metallothionein concentration in lead-resistant bacteria *Bacillus cereus* isolated from industrial effluents. *African Journal of Biotechnology*. 10 (71), 15966-15972.

[3] Naik, M., & Dubey, S. (2013). Lead resistant bacteria: Lead resistance mechanisms, their applications in lead bioremediation and biomonitoring. *Ecotoxicology and Environmental Safety*. 98, 1-7.

PRODUCCIÓN Y ACTIVIDAD BIOLÓGICA DE EXOPOLISACÁRIDOS DE *Amauroderma omphalodes*

Jacobo Gallo-Machado¹, Luz Deisy Marín-Palacio^{1(*)}

¹Departamento de Ingeniería de Procesos, Universidad EAFIT, Medellín, Colombia

*Correo electrónico: lmarinpa@eafit.edu.co

Resumen

La producción y actividad antioxidante de exopolisacáridos(EPS) de *Amauroderma omphalodes* fue evaluada a diferentes condiciones de agitación. El mayor poder antioxidante (EC50) fue 170.23 ± 4.10 y 76.27 ± 4.38 mg/l, para DPPH y ABTS, respectivamente. *A. omphalodes* tiene potencial para producir EPS con actividad antioxidante con aplicación en la industria alimenticia o farmacéutica.

Palabras Clave: *Amauroderma omphalodes*, actividad antioxidante, cultivo sumergido, exopolisacáridos, DPPH, ABTS.

Abstract

The production and antioxidant activity of exopolysaccharides(EPS) of *Amauroderma omphalodes* were evaluated at different agitation conditions. The best antioxidant capacity as EC50 for DPPH and ABTS were 170.23 ± 4.10 and 76.27 ± 4.38 mg/l, respectively. *A. omphalodes* could have potential for the production of EPS with application in the food or pharmaceutical industry.

Keywords: *Amauroderma omphalodes*, antioxidant activity, submerged culture, exopolysaccharides, DPPH, ABTS.

Introducción

Los hongos han sido usados por su valor nutricional y medicinal, como fuente para el desarrollo de productos farmacéuticos. Dentro de los cuales, la familia Ganodermataceae ha sido estudiada para la producción de compuestos bioactivos con actividades tales como antimicrobiana, antitumoral y actividad antioxidante [1], [2]. *Amauroderma omphalodes* pertenece a la familia Ganodermataceae y por compartir características taxonómicas propias de esta familia podría ser una fuente de productos naturales con actividad biológica. El objetivo fue evaluar el efecto de la agitación sobre la producción de exopolisacáridos (EPS) de *A. omphalodes* y su actividad antioxidante por las técnicas DPPH y ABTS.

Materiales y Métodos

A. omphalodes se activó en PDA durante 7 días a 30°C. Se preparó un inóculo adicionando tres discos de micelio de 0.5 cm en 50 ml de medio de cultivo (Composición por litro: glucosa 35 g, peptona 5 g, extracto de levadura 2.5 g, KH₂PO₄ 1 g, MgSO₄ 0.5 g y vitamina B1 50 mg, pH inicial de 5.5 [3]) e incubando durante 72 horas a 30°C y 150

rpm. La fermentación en biorreactor de tanque agitado de 2 l se llevó a cabo durante 12 días a condiciones de agitación de 100-300 rpm y aireación 1-2 vvm. Los EPS se cuantificaron por el método de Dubois y su extracción se llevó a cabo por precipitación del sobrenadante con 4 volúmenes de etanol al 96% a 4°C y posterior liofilización. La actividad antioxidante se midió por las técnicas DPPH y ABTS.

Resultados y Discusión

La mayor producción de biomasa fue 9.62 ± 1.14 g/l y de EPS fue 171.96 ± 10.34 mg/l a condiciones de operación de 100 rpm - 1 vvm y 300 rpm - 1 vvm, respectivamente. La actividad antioxidante de los EPS es dependiente de la concentración y el valor de EC50 para los EPS con mayor actividad antioxidante por DPPH y ABTS fueron 170.23 ± 4.10 y 76.27 ± 4.38 mg/l a 100 rpm - 1 vvm (Figura 1). Otros estudios en los que se ha evaluado la actividad antioxidante de EPS producidos por *G. lucidum* obtuvieron valores de EC50 de 210 y 1200 mg/l por DPPH y ABTS, respectivamente. *A. omphalodes* tiene mejor potencial antioxidante y presenta potencial para desarrollar productos con aplicación en la industria de alimentos o farmacéutica [2].

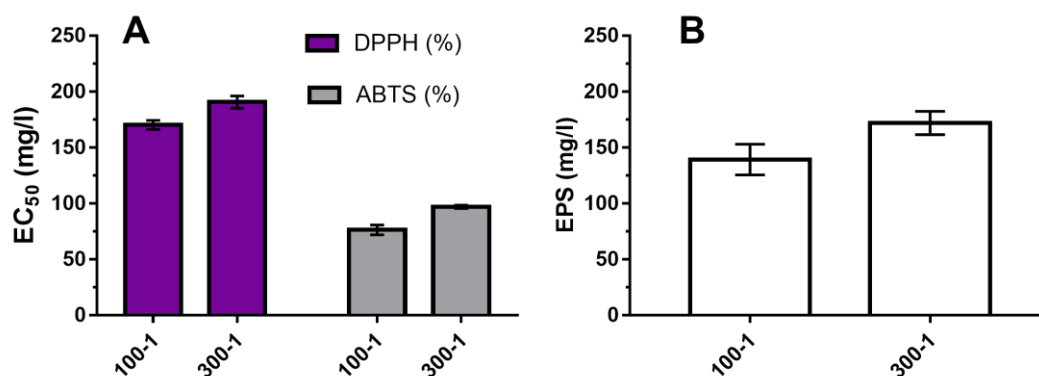


Figura 1. Actividad antioxidante para DPPH y ABTS (A) y producción (B) de EPS de *Amauroderma omphalodes* a condiciones de operación de 100 rpm - 1 vvm y 300 rpm - 1 vvm.

Conclusión

A. omphalodes tiene la capacidad de producir EPS con una buena actividad antioxidante. Este es el primer reporte donde se evalúa la producción de compuestos bioactivos de *A. omphalodes* y que presente a microorganismo como potencial productor de EPS que podrían tener aplicación en la industria alimenticia o farmacéutica.

Financiación y Agradecimientos

Este trabajo es financiado por la Universidad EAFIT a través de las convocatorias de proyectos internos.

Referencias

- [1] D. Cör, Ž. Knez, and M. K. Hrnčič, "Antitumour, antimicrobial, antioxidant and antiacetylcholinesterase effect of *Ganoderma Lucidum* terpenoids and polysaccharides: A review," *Molecules*, vol. 23, no. 3. p. 649, 2018.
- [2] A. Ai-lati, S. Liu, Z. Ji, H. Zhang, and J. Mao, "Structure and bioactivities of a polysaccharide isolated from *Ganoderma lucidum* in submerged fermentation," *Bioengineered*, vol. 8, no. 5, pp. 565–571, Sep. 2017.
- [3] J. J. Zhong and Y. J. Tang, "Submerged cultivation of medicinal mushrooms for production of valuable bioactive metabolites," *Advances in biochemical engineering/biotechnology*, vol. 87. pp. 25–59, 2004.

PRODUCCIÓN DE EXOPOLISACÁRIDOS EN BACTERIAS HALÓFILAS Y CUANTIFICACIÓN DE SU ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE

Rincón-Aceldas. S^{1,2*}, Calderón. D¹, Coy-Barrera. E², Del Portillo. P¹

¹Corporación CorpoGen,

²Grupo de Investigaciones en Química Bioorgánica (InQuiBio) Universidad Militar Nueva Granada. Correo electrónico: u7500114@unimilitar.edu.co

Resumen

Los exopolisacáridos bacterianos (EPSs), poseen interés a nivel biotecnológico gracias a su actividad antioxidante y sus propiedades antimicrobianas. En este trabajo se cuantificó la producción de exopolisacáridos de dos cepas bacterianas usando diferentes fuentes de carbono en el medio de cultivo y se cuantificó la capacidad antioxidante de los exopolisacáridos.

Palabras clave: Exopolímeros, DPPH, Método Fenol-Ácido sulfúrico.

Abstract

The bacterial exopolysaccharides (EPSs), have a special interest in the biotechnological industry due to their antioxidant activity and antimicrobial properties. In this study, the quantification of exopolysaccharide production in two bacterial strains was obtained using different carbon sources in the culture medium. Also, its antioxidant activity was measured.

Keywords: Exopolymers, DPPH, Phenol-Sulfuric acid method.

Introducción

Las bacterias halófilas son conocidas por la producción de exopolisacáridos con interés industrial por su capacidad antioxidante, propiedades anticancerígenas y antimicrobianas. La Corporación CorpoGen ha realizado estudios de bioprospección de aislamientos provenientes de diferentes ambientes. Dentro de sus colecciones se cuenta con microorganismos halófilos provenientes de la mina de sal de Zipaquirá, los cuales producen exopolisacáridos. La producción de EPSs es afectada por cambios en la fuente de carbono. Dado lo anterior, el objetivo de este trabajo fue cuantificar la producción y caracterizar parcialmente los exopolisacáridos producidos a partir de aislados bacterianos de la mina de sal de Zipaquirá [1].

Materiales y métodos

A partir de la colección de aislamientos recuperados de la mina de sal de Zipaquirá de la Corporación CorpoGen, se seleccionaron dos microorganismos halófilos por sus propiedades antioxidantes y producción de exopolisacáridos. Se realizaron análisis filogenéticos mediante secuenciación del gen 16SrRNA. Con el fin de incrementar la producción de EPSs, los aislados bacterianos fueron cultivados en un medio de

fermentación suplementado con diferentes fuentes de carbono (glucosa, sacarosa y maltosa al 4% w/v) Luego de 120h de fermentación, la biomasa de cada muestra se eliminó mediante centrifugación y filtración (0,22µm), los exopolisacáridos fueron precipitados con etanol al 96%, y resuspendidos en agua destilada estéril. Luego de diálisis en agua destilada estéril en membranas de 12-14KD durante 24 horas, los EPSs obtenidos fueron cuantificados mediante el método fenol-ácido sulfuro y la actividad antioxidante se determinó mediante el método DPPH (2,2-difenil-1-picrylhydrazyl). [2].

Resultados y discusión

Los análisis filogenéticos obtenidos a partir de las secuencias del gen 16SrRNA indicaron que las cepas seleccionadas corresponden a los géneros *Idiomarina* y *Halomonas*. La producción de exopolisacáridos de *Idiomarina* sp. Incrementó 17,89 veces, es decir, aumentó de 0,48g/L a 8,56g/L cuando se utilizó sacarosa 4% en el medio de cultivo; no se encontraron diferencias significativas en el crecimiento bacteriano. Para el caso de *Halomonas* sp. ésta presentó mayor producción de exopolisacáridos y mayor crecimiento en el medio de cultivo con maltosa 4%. La capacidad antioxidante de los EPSs obtenidos del aislamiento de *Idiomarina* sp. fue más alta que la obtenida a partir de los exopolisacáridos de *Halomonas* sp. Cabe recalcar que la actividad antioxidante de los exopolisacáridos de *Idiomarina* sp. a una concentración de 10mg/mL fue comparable a la del control positivo, el cual fue el antioxidante sintético butilhidroxitolueno (BHT) a una concentración de 1mg/mL.

Conclusión

Los exopolisacáridos obtenidos a partir de *Idiomarina* sp. presentaron actividad antioxidante. Al usar sacarosa como fuente de carbono en el medio de cultivo se logró aumentar sustancialmente la producción de exopolisacáridos, lo que convierte a este microorganismo en un buen candidato para la producción a mayor escala de exopolisacáridos.

Financiación y agradecimientos

Se agradece al Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación MinCiencias por la financiación del proyecto No.63449 favorecido en la convocatoria 803-2018. También se agradece al personal del laboratorio de Química Bioorgánica de la Universidad Militar Nueva Granada por el préstamo de sus instalaciones para la elaboración de algunos experimentos, también a la Universidad de La Sabana.

Referencias

[1] Liang, T. W., Tseng, S. C., & Wang, S. L. (2016). Production and characterization of antioxidant properties of exopolysaccharide (s) from *Peanibacillus mucilaginosus* TKU032. *Marine drugs*, 14(2), 40

[2]Lo, Y. M., Yang, S. T., & Min, D. B. (1997). Effects of yeast extract and glucose on xanthan production and cell growth in batch culture of *Xanthomonas campestris*. *Applied microbiology and biotechnology*, 47(6), 689-694

INFECCIÓN DE *Caenorhabditis elegans* CON *Pseudomonas aeruginosa* Y *Enterococcus faecalis* COMO MODELO In vivo PARA EL ESTUDIO DE ANTIMICROBIANOS

Dayana Rodriguez Morales¹, Laura Rocio Martinez León², Ruth Melida Sanchez Mora³

¹Estudiante Décimo Semestre Bacteriología, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Semillero Biotecnología y Genética UCMC. Correo electrónico: droduiguez@unicolmayor.edu.co

²Estudiante Octavo Semestre Bacteriología, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Semillero Biotecnología y Genética UCMC.

³Docente, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca Líder grupo y semillero de Biotecnología y Genética UCMC.

Resumen

La cepa silvestre N2 de *Caenorhabditis elegans* se infectó con *Pseudomonas* y *Enterococcus*, los nematodos fueron alimentados con las bacterias marcadas con fluorescencia para demostrar la infección. Luego de establecer el modelo In vivo los nematodos serán tratados post infección con péptidos antimicrobianos para determinar su actividad.

Palabras Clave: *Caenorhabditis elegans*, antimicrobiano, *Pseudomonas*, *Enterococcus*.

Abstract

The wild strain N2 of *Caenorhabditis elegans* was infected with *Pseudomonas* and *Enterococcus*, the nematodes were fed with fluorescently labeled bacteria to demonstrate infection. After establishing the In vivo model, the nematodes will be treated post infection with antimicrobial peptides to determine their activity.

Keywords: *Caenorhabditis elegans*, antimicrobial, *Pseudomonas*, *Enterococcus*.

Introducción

Actualmente los antibióticos en desarrollo han tenido infinitas limitaciones para su validación, pues en su gran mayoría se verifican en modelos In vitro a partir de medios de crecimiento bacteriano o en líneas celulares, puesto que cada vez resulta más difícil usar modelos animales. [3]. Lo anterior es una limitante para comprender todo un ser vivo que es infectado y consecutivamente tratado. En este estudio se optimizó el modelo de infección de *Caenorhabditis elegans* In vivo con el fin poder examinar diferentes sustancias con actividad antimicrobiana, ya que el modelo permite evaluar fácilmente cambios en la fisiología, fenotipo y comportamiento.

Materiales y Métodos

Las cepas de *P. aeruginosa* y *E. faecalis* fueron donadas por el cepario de la UCMC, se cultivaron en medio LB y Nutritivo a 37°C, a las 24 horas fueron recolectadas y marcadas con fluorescencia y se observaron en un microscopio OlympusCX41

Fluorescence. La cepa N2 de *C. elegans* fue mantenida en NGM y alimentada con *E. coli* OP50. Los nematodos fueron sincronizados, para obtener huevos y se analizaron los estadios larvarios en un estereoscopio Leyca. En estadio L4 fueron alimentados con las bacterias marcadas de *P. aeruginosa* y *E. faecalis* por medio de la siembra tipo césped o botón, al observar bacterias fluorescentes dentro del nematodo al pasar 1 día. Se calculó e (TD50), (LD50) según lo establecido por Tan M et al. [1], Finalmente se realizó el ensayo de reproducción movilidad y longitud. El análisis estadístico se realizó en GraphPad Prism Versión8.0. Cada ensayo fue hecho por triplicado.

Resultados y Discusión

P. aeruginosa y *E. faecalis* se marcaron con fluorescencia (Figura 1A), su viabilidad fue comprobada en medio LB y Nutritivo. Tras la diferenciación de los estadios larvarios de la cepa silvestre, después de la sincronización. Se establece que ciclo de vida del nematodo dura aproximadamente 24 días e inició con la postura de huevos diferenciando los hermafroditas. (Figura 1B). Las larvas L4 alimentadas con las bacterias marcadas presentaron fluorescencia en el intestino y la faringe lo que demuestra la infección similar a lo encontrado por Aballay A, et al. [2]. Se determinó que el tiempo requerido para que el 50% de los nematodos hermafroditas adultos mueran (TD50) cuando se alimenta en un césped de *Pseudomonas* y *Enterococcus* es de 5.1 ± 0.7 días, mientras que el tiempo de los nematodos hermafroditas de 1 día no se ve afectado cuando se alimenta con un césped *E. coli* OP50. El ensayo de motilidad se vio afectado con *P. aeruginosa* y no con *E. faecalis*. Se busca prolongar la vida del gusano por medio de antibióticos en estudio, todo esto para validar el efecto del compuesto antimicrobiano en un modelo In vivo.

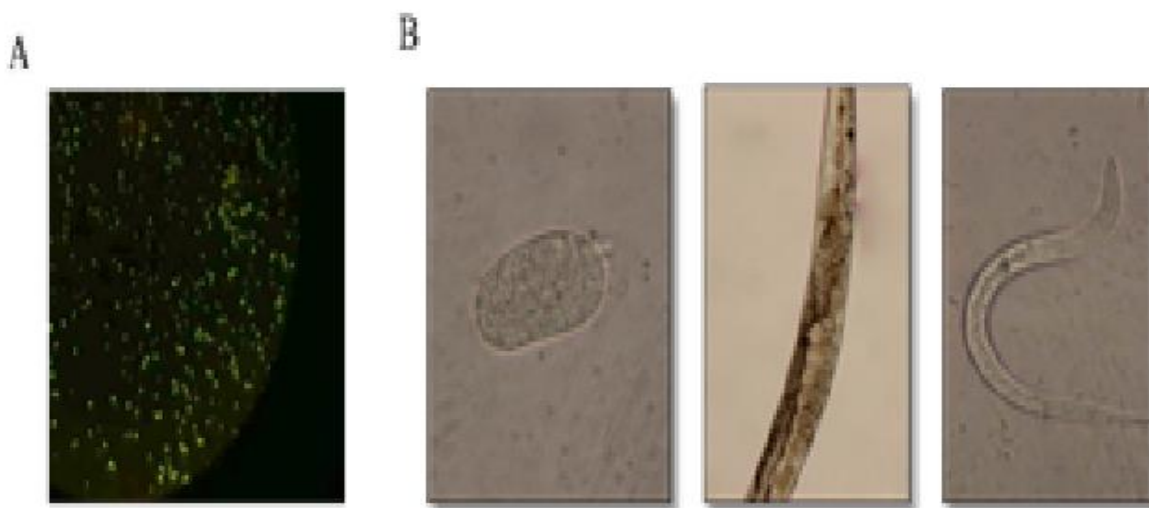


Figura 1.

Conclusión

El nematodo *Caenorhabditis elegans* una vez más es útil como modelo in vivo, en este caso en el ámbito de infecciones microbianas pues es susceptible y se ve afectado por

bacterias patógenas en humanos como *Pseudomonas* y *Enterococcus*; la estandarización de este modelo permite aplicar potencialmente estudios antimicrobianos.

Financiación y Agradecimientos

El proyecto fue financiado por la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca convocatoria interna acuerdo 86 de 2018 y se llevó a cabo gracias a la Fundación Instituto de Inmunología de Colombia – FIDIC por medio de la doctora Gabriela Arévalo, por la Asesora externa Andrea Calixto Universidad Mayor de Chile y la Joven investigadora Andrea Gualteros Colciencias convocatoria 812 de 2018.

Referencias

1] Tan M, Mahajan S, Ausubel, M. (1999). Killing of *Caenorhabditis elegans* by *Pseudomonas aeruginosa* used to model mammalian bacterial pathogenesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 96(2), 715–720. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC15202/>

[2] Aballay A, Yorgey P, Ausubel F (2000). *Salmonella typhimurium* proliferates and establishes a persistent infection in the intestine of *Caenorhabditis elegans*. *Brief communication volume 10, issue 23, p1539-1542*. Disponible en: [https://www.cell.com/current-biology/fulltext/S0960-9822\(00\)00830-7?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0960982200008307%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/current-biology/fulltext/S0960-9822(00)00830-7?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0960982200008307%3Fshowall%3Dtrue)

[3] Corsi A, Wightman B, Chalfie M (2005), *WormBook*, ed. The *C. elegans* Research Community, *WormBook*, Disponible en: http://www.wormbook.org/chapters/www_celegansintro/celegansintro.html

EVALUACIÓN DEL EFECTO DEL EXTRACTO ETANÓLICO DE *Lippia dulcis* SOBRE PARÁSITOS EN ESTADIO DE AMASTIGOTE-LIKE AXÉNICO DE *Leishmania guyanensis*

María Gabriela Torres Ibáñez¹

1. Estudiante de Biología. Universidad de La Salle

Resumen

Se propone evaluar el efecto leishmanicida del extracto etanólico de la hoja de *Lippia dulcis* como un tratamiento alternativo frente a amastigotes-like axénicos de *Leishmania guyanensis* (*L. guyanensis*) y comprender el impacto del mismo sobre macrófagos sanos e infectados.

Palabras clave: actividad leishmanicida, extractos vegetales, *L. guyanensis*, *L. dulcis*.

Introducción

En Colombia, el 98,5% de los casos reportados corresponden a la forma clínica de leishmaniasis cutánea (LC). *L. guyanensis* es el agente causal con mayor incidencia en los reportes de nuevos casos en comparación con las demás especies reportadas. El tratamiento para LC es de carácter quimioterapéutico, que puede causar efectos adversos como toxicidad de tipo renal, hepática y cardíaca; por ello, el extracto de *Lippia dulcis* (*L. dulcis*) puede ser una alternativa ya que se sabe de su actividad antiprotozoaria. A partir de esta información se plantea la pregunta ¿Cuál será el efecto del extracto de *L. dulcis* sobre los amastigotes axénicos de *L. guyanensis* y sobre macrófagos con y sin infección?

Materiales y métodos

Para cumplir con los objetivos planteados de este proyecto. Se inicia con los cultivos celulares, tanto de parásitos como de macrófagos murinos J774 A1, continuando con la determinación de las curvas de crecimiento y ensayos de citotoxicidad. En cuanto al extracto se deberá determinar del índice de selectividad (SI), para conocer su efectividad como posible tratamiento. Finalmente se procede a la extracción y comprobación de la integridad del ADN de *L. guyanensis* para intentar comprender el mecanismo de acción del extracto.

Realización de cultivos

Para el cultivo de *L. guyanensis* se tendrán dos medios de cultivo, uno como fuente celular en estado promastigote y el segundo para la transformación a su forma axénica amastigote. Con este cultivo se pretende realizar la estandarización del método de transformación de estadio, cumpliendo uno de los objetivos específicos de este proyecto. El cultivo de macrófagos murinos de la línea J744 A.1, se realizará según las condiciones estandarizadas en el laboratorio.

Determinación de curva de crecimiento

Estas curvas se llevarán a cabo para todas las células estudiadas, empleando el contador celular Coulter Beckman Z-2, este ensayo se realizará por triplicado.

Ensayos de citotoxicidad

Se evaluará la citotoxicidad del extracto de manera *in vitro*, para macrófagos sanos (CC 50) e infectados (EC 50), y amastigotes like axénicos de *L. guyanensis*. Esto a partir del método de exclusión con azul de tripán y el ensayo MTT.

Determinación del índice de selectividad (SI)

En esta etapa, se determinará la relación entre el valor CC50 informado de la actividad citotóxica y el valor CE50 proveniente de la actividad antileishmanial para calcular el índice de selectividad del extracto (SI).

Extracción y comprobación de la integridad del de ADN de *L.guyanensis*

La extracción se llevará a cabo con el método fenol-cloroformo y posteriormente se realizará electroforesis en gel de agarosa, para observar el patrón de fragmentación del ADN, resultado sugestivo de muerte celular por apoptosis.

Resultados esperados

Se espera que *L. dulcis* tenga un efecto leishmanicida que se pueda evidenciar en el proceso de inhibición del crecimiento de *L. guyanensis*. Su efecto citotóxico se verá a través del menor número de células viables medido con los ensayos MTT y azul de tripán, se pretende que disminuya a partir del aumento en la concentración del extracto.

Sin embargo, dentro de los estudios realizados con anterioridad con *Lippia spp*, se le atribuye su actividad leishmanicida a un compuesto denominado Timol, que no hace parte de los componentes identificados en el extracto de *L. dulcis*, por lo que el nivel de efectividad podría no ser significativo con el extracto puro de la especie de planta seleccionada para este estudio. Sin embargo, puede ser beneficioso sobre los efectos citotóxicos en el macrófago, pues si bien timol es efectivo en diferentes especies de *Leishmania* ha demostrado tener efectos adversos sobre el macrófago.

Se espera que posterior a la exposición del extracto de *L. dulcis* sobre los amastigotes like axénicos sea menor el índice de crecimiento que el reportado en la curva de crecimiento inicial. En cuanto a la línea celular de macrófagos J774 A1 infectados con *L. guyanensis* se espera que el extracto completo de *L. dulcis* los afecte de tal manera que induzca la muerte celular, mientras que para los macrófagos de la misma línea celular libres del parásito se espera que el extracto no lleva a muerte celular, ni reduzca su tasa de replicación.

Conclusión

El extracto etanólico de la hoja de *L. dulcis* se propone como método alternativo de tratamiento a L.C originada por *L. guyanensis*; se espera que su efecto sea citoespecífico; direccionado especialmente a contrarrestar la infección parasitaria.

Financiación y agradecimientos

La investigación se llevará a cabo dentro de las instalaciones de la Universidad de la Salle y el centro internacional de Física de la Universidad Nacional (CIF-UNAL), los cuales proveen los materiales y espacios necesarios para el desarrollo del mismo.

Agradezco profundamente a mi directora de proyecto Diana Carolina Ochoa Cabezas y a mi co-tutora la doctora Yenny Yolanda Lozano Jiménez, quienes han estado en la postulación de este proyecto y me han inculcado su entusiasmo por esta área de estudio.

Referencias

SIVIGILA. (2018) Boletín epidemiológico semana 31.pdf

Salgado J; Hernández, C.& Ovalle, C. (2019) Geographical distribution of leishmania species in Colombia, 1985-2017. *Biomédica* 39,278-290.

Badirzadeh, A et al. (2020) Antileishmanial activity of *Urtica dioica* extract against zoonotic cutanea leishmaniasis. *PLoS Negl. trop. dis* 14. e0007843.

PARES EVALUADORES

NOMBRES Y APELLIDOS	INSTITUCIÓN
Angie Patiño Montoya	Universidad del Valle-Colombia
Alan Giraldo López	Universidad del Valle-Colombia
Alba Corrales	Universidad Santiago de Cali-Colombia
Alcides Casimiro Sampedro Marín	Universidad de Sucre-Colombia
Alejandra Rocio Rodriguez Ortiz	Universidad del Valle-Colombia
Andrea Bedoya	Vedascii.org-Colombia
Aura Dayana Del Carmen Falco Restrepo	Universidad Santiago de Cali-Colombia
Aura Falco	universidad Santiago de Cali-Colombia
Beatriz Helena Mojica	Universidad Industrial de Santander-Colombia
Carlos Andres Aranaga	Universidad Santiago de Cali-Colombia
Carlos Martin Guerra Almonacid	Universidad del Tolima-Colombia
Carolina Alcázar Caicedo	Instituto Alejandro von Humboldt-Colombia
Clara María Mejía Doria	Universidad del Quindío-Colombia
Clara Milena Concha	Corporación Universitaria Autónoma Del Cauca
Claudia Marcela Rivera Hoyos	Pontificia Universidad Javeriana-Colombia
Daniel Luis Mascia Vieira	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria-Brasil
Daniela Arturo Terranova	Universidad del Valle-Colombia
Daniela Johanna Mojica	Universidad Industrial de Santander-Colombia
Diana Lucina Hincapie	Universidad Tecnologica de Pereira-Colombia
Diana Miilagros Miranda	Universidad de Tumbes-Peru
Diana Marcela Beltran	Universidad del Tolima-Colombia
Diego Armando Burgos	Universidad Autonoma de Occidente-Colombia
Doris Amanda Rosero García	Universidad Santiago de Cali-Colombia
Edwin David Morales Álvarez	Universidad de Caldas-Colombia
Elvira Patricia Florez Nisperuza	Universidad de Cordoba-Colombia

NOMBRES Y APELLIDOS	INSTITUCIÓN
Fernando Rondón	Universidad Industrial de Santander-Colombia
Fernando Siller	Universidad Libre de Pereira-Colombia
Gerardo Sanchez Villalta	Costa Rica
Gonzalo Vásquez Palacio	Universidad de Antioquia-Colombia
Hannia Liliana Almonacid	University of Southampton
Ivan Medeiros Lustosa Junior	Instituto Federal de Brasilia
Isabel Cristina Cadavid Sánchez	Universidad Nacional de Colombia
Ivan Yesid Lopez	lpardila010@gmail.com
Jennifer Alexandra Sánchez Chica	Universidad de Antioquia-Colombia
Jersson Plácido Escobar	Vedascii.org-Colombia
Jesús Antonio Cabrera Moncayo	Universidad de Nariño-Colombia
Jose Fernando Gil	Vedascii.org-Colombia
José María Satizábal Soto	Universidad del Valle-Colombia
Juan Francisco Cabello Andrade	Universidad de Chile
Larry Niño Arias	Universidad Nacional-Colombia
Leonardo Buitrago Hernández	Instituto Alejandro von Humboldt-Colombia
Lina Johanna Moreno	Universidad Santiago de Cali-Colombia
Luis Gustavo Celis Regalado	Universidad de la Sabana-Colombia
Luisa Fernanda Posada Uribe	Pontificia Universidad Javeriana-Colombia
Luisa Múnera Porras	Universidad de Antioquia-Colombia
María Magdalena Echeverry de Polanco	Universidad del Tolima-Colombia
Mauricio Ramirez	Universidad Santiago de Cali-Colombia
Nadia Lucía Obando Correal	Universidad del Quindio-Colombia
Nelsy Loango Chamorro	Universidad del Quindio-Colombia
Olga Lucia Sanabria Diago	Universidad del Cauca-Colombia
Paula Andrea Giraldo Hincapie	Vedascii.org-Colombia
Rafael Jose Vivero Gomez	Universidad Nacional de Colombia
Ricardo de Oliveira Gaspar	Universidad de Brasilia-Brasil
Rocío Stella Suarez	Universidad del Quindio-Colombia

NOMBRES Y APELLIDOS		INSTITUCIÓN
Rodrigo Antonio Urrego Alvarez		Universidad CES-Colombia
Santiago Ortiz-Monsalve		santiortizm@gmail.com
Sonia Lagos Witte		Universidad Nacional Autonoma de Honduras-Honduras
Stephany Ramirez		Universidad del Valle-Colombia
Susana Ochoa Agudelo		Colegio Mayor de Cundinamarca-Colombia
Victoria Mesa		Vedascii.org-Colombia
Vladimir Minorta-Cely		Universidad Central -Universidad Nacional-Colombia