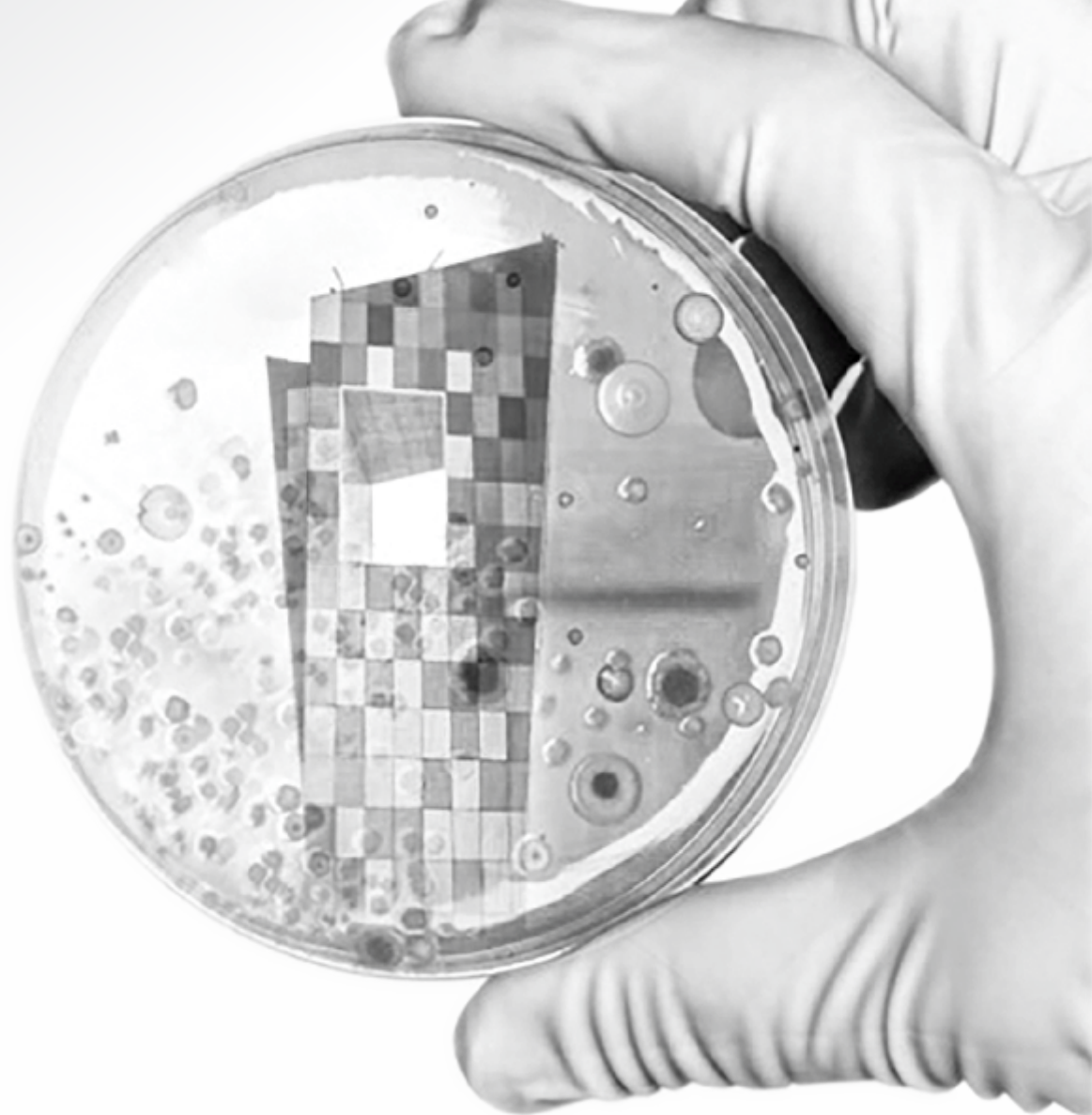




C²⁰¹⁹ Memorias Caribe Microbial Meeting

ISSN: 2711-1016





C²⁰¹⁹ **Memorias** **Caribe Microbial Meeting**

ISSN: 2711-1016



COMITÉ ORGANIZADOR

Carolina Rubiano Labrador – Universidad Tecnológica de Bolívar
Wendy Rosales Rada - Universidad Libre Seccional Barranquilla
Elwi Machado Sierra - Universidad Simón Bolívar
Mirna Campo Urbina - Universidad Metropolitana
Heidi Posso Mendoza - Universidad Metropolitana
Gustavo Echeverri Jaramillo - Universidad San Buenaventura

COMITÉ CIENTÍFICO

Edisson Chavarro Mesa - Universidad Tecnológica de Bolívar
Juan Rebollo Pérez - Universidad Tecnológica de Bolívar
Alfonso Bettin Martínez - Universidad Metropolitana
Lucila Gómez Rodríguez - Universidad Metropolitana
Alveiro Jose Perez Doria - Universidad Metropolitana
Clara Gutiérrez Castañeda - Universidad Libre Seccional Barranquilla
Cristina Cadena - Universidad Libre Seccional Barranquilla
Jimena Bohórquez - Universidad Libre Seccional Barranquilla
Arleth López - Universidad Libre Seccional Barranquilla
Juan David Sánchez - Universidad Libre Seccional Barranquilla
Jairo Ceballos - Universidad Simón Bolívar
Yani Aranguren Díaz - Universidad Simón Bolívar
Roger Consuegra - Universidad Simón Bolívar
Roniel Fernández Rodríguez - Universidad Simón Bolívar
Claudia Macías - Universidad Simón Bolívar
Claudia Consuegra Mayor - Universidad San Buenaventura
Piedad Franco - Universidad San Buenaventura
Marina Morales - Universidad San Buenaventura

RECTOR

Alberto Roa Varelo

VICERRECTOR ACADÉMICO

Daniel Toro Gonzalez

VICERRECTORA ADMINISTRATIVA

María del Rosario Gutiérrez de Piñeres Perdomo

SECRETARIA GENERAL

Irina García Cáliz

DIRECCIÓN DE INVESTIGACIÓN, INNOVACIÓN Y EMPRENDIMIENTO

Jairo Useche Vivero

Diagramación

Ediciones UTB

ISSN: 2711-1016

Campus Casa Lemaitre: Calle del Bouquet
Cra 21 No 25-92 PBX (5) 6606041 -42- 43 Fax: (5) 6604317

Campus Tecnológico:
Parque Industrial y Tecnológico Carlos Vélez Pombo
PBX (5) 6535331 Fax: (5) 6619240

Cartagena de Indias, D. T. y C., - Colombia
www.unitecnologica.edu.co

2019

**EDICIONES
UTB**



Contenido

PONENCIAS	9
Efecto del estrés celular en la producción de pigmentos en levaduras aisladas en el caribe colombiano	11
Detección de infección natural por <i>Trypanosoma cruzi</i> e identificación de fuentes alimenticias en triatominos recolectados en la vereda Jorro del municipio de Colosó, Sucre	12
Detección molecular del agente causal de la enfermedad de Chagas, <i>Trypanosoma cruzi</i> , en perros de zonas urbanas del municipio de Sincelejo, Sucre	13
Aislamiento y caracterización molecular de bacteriófagos de <i>Staphylococcus aureus</i> presentes en aguas residuales	14
Evaluación de la estructura poblacional microbiana del intestino en el contexto de la infección por el VIH	15
Bacterias reductoras de perclorato del caribe colombiano	16
Primer caso autóctono de <i>leishmaniasis</i> canina en el departamento del Atlántico, Colombia	17
Descripción de un caso clínico autóctono de <i>Leishmaniasis canina</i> en área urbana del municipio de Ovejas, Sucre	18
Caracterización microbiológica y molecular las cepas <i>Staphylococcus aureus</i> meticilino resistente en hisopados nasales del personal asistencial de una Unidad de Cuidados Intensivos de una clínica de la ciudad de Cartagena Colombia	19
De las fuentes de ingesta a la identidad de los reservorios: nuevo enfoque para incriminación de potenciales vectores y reservorios de <i>Leishmania</i> spp. en El Carmen de Bolívar	20
POSTERS	21
Enigma científico: "Archaeas patógenas"	23
Identificación de bacterias multirresistentes en aguas para riego	24
Primer hallazgo de <i>Leishmania braziliensis</i> (Trypanosomatida: Trypanosomatidae) en <i>Proechimys spinosus</i> del municipio de Túbara, Atlántico, Colombia	25
Identificación de microorganismos asociados a raíz de yuca (<i>manihot esculenta</i> crantz) bajo condiciones de estrés por déficit hídrico	26
Aislamiento y caracterización de microorganismos Psicófilos lipolíticos, proteolíticos y amilolíticos de las Islas Shetland del Sur, Livingston (Antártica)	27
Evaluación de bacterias solubilizadoras de fosfatos en suelos del bosque seco tropical natural e intervenido del departamento Atlántico	28

Contenido

Hongos aflatoxigénicos aislados a partir de arroz cultivado en las principales zonas arroceras de Colombia	29
Detección de enterotoxinas y perfil de resistencia antimicrobiana de <i>staphylococcus</i> coagulasa positiva aislado en pescados y manipuladores en expendios de Basurto, Cartagena.	30
Serotipos del virus Dengue circulantes en el departamento de Sucre durante el brote de 2019: Resultados preliminares	31
Análisis preliminar para la degradación de suelo contaminado con bifenilos policlorados (PCB's)	32
Evaluación de la actividad antimicrobiana de bacterias aisladas en manglares de Cartagena, Colombia	33
Bacterias halófilas, de la Isla Decepción, Antártica	34
Comportamiento microbiológico de las infecciones en úlceras en pacientes con pie diabético que asistieron a la IPS Universitaria Camino Sur Occidente Durante el 2018, en Barranquilla, Atlántico	35
Efecto antibacteriano de un derivado de n-(2-fenil-1,2,3,4- tetrahidroquinolin-4-il) formamida en cultivo de <i>Pseudomona aeruginosa</i>	36
Códigos de barra genéticos en especies del bosque seco tropical de la costa Caribe colombiana	37
Comparación del desempeño de dos pruebas rápidas por el método de Inmunoanálisis de Flujo Lateral (IFL) para la detección del antígeno capsular de <i>Cryptococcus</i> en sueros de pacientes infectados por el VIH	38
Evidencia molecular de la co-circulación <i>Anaplasma platys</i> y <i>Ehrlichia canis</i> en caninos de Sincelejo, Sucre	39
Vigilancia epidemiológica de parásitos Tripanosomátideos en poblaciones de <i>Didelphis marsupialis</i> (Didelphidae) del corregimiento Brisas del mar, Morroa, Sucre	40
Grado de severidad por escala San Elián en pacientes diabéticos con úlceras en pie, según hemoglobina glicosilada, agentes etiológicos aislados y sus perfiles de resistencia, que consultaron en el 2018 en la IPS Camino suroccidente	41
Búsqueda de microorganismos con potencial capacidad de detoxificación de Ni, Pb y Hg provenientes de manglares de la Ciénaga de la Virgen (Cartagena de Indias)	42
Diversidad genética de <i>Klebsiella pneumoniae</i> resistentes a antibióticos carbapenémicos aisladas de la ciudad de Barranquilla y Valledupar	43
Construcción de un mapa genético de un plásmido de <i>Alicyclobacillus acidocaldarius</i>	44

Contenido

Caracterización de bacterias psicrófilas productoras de enzimas hidrolíticas de La Península Byers (Antártica) para su potencial uso en el tratamiento de aguas residuales	45
Aislamiento de <i>Burkholderia</i> spp. del arroz cultivado en zonas arroceras de Colombia	46
Caracterización de la microbiota en las diferentes etapas de un cultivo de ajo (<i>Allium sativum</i>) en Pamplona- norte de Santander: microorganismos productores de metabolitos secundarios	47
Vigilancia epidemiológica revela la presencia de vectores infectados con parásitos tripanosomátideos en la vereda Pua, Arroyo de Piedra, Cartagena, Bolívar	48
Selección de microorganismos lipolíticos y otras actividades, aislados de aguas residuales de cafeterías USB	49
<i>Bacillus cereus</i> en alimentos elaborados en cafeterías de una universidad de Cartagena	50
Frecuencia de parásitos y factores ambientales relacionados en la arena de playa del corregimiento insular de Caño del Oro Cartagena-Bolívar	51
Inesperado hallazgo de <i>Trypanosoma (Herpetosoma) rangeli</i> (Kinetoplastea, Trypanosomatidae) en <i>Didelphis marsupialis</i> (Didelphimorphia, Didelphidae) de los Montes de María, El Carmen de Bolívar (Bolívar-Colombia)	53
Caracterización cultivo-dependiente de bacterias de sedimentos de manglares de la Ciénaga de la Virgen (Cartagena de Indias) con potencial para biorremediación y tratamiento de aguas residuales	54
Microorganismos presentes en reactores de filtro trifásico (Tri-Fafs)	55
Modelado molecular entre los fitocompuestos de <i>Azadirachta indica</i> y la proteína FtsZ de <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	56
Aislamiento y selección de PGPR en pastos ornamentales de la USB Cartagena, para elaborar un biofertilizante	57
Insectos flebotomíneos como herramienta biológica para el diagnóstico de Leishmaniasis canina	58
Frecuencia de <i>Cryptosporidium</i> spp. y su relación con el estado nutricional según medidas antropométricas en niños de 5-14 años de una Institución Educativa del Dificil - Magdalena	59
Diversidad de bacterias rizosféricas asociadas a la raíz de la Yuca (<i>M. esculenta</i> Crantz) bajo estrés por déficit hídrico	60
Estudio de microorganismos marinos de la bahía de Cartagena con capacidad de biorreducir cromo hexavalente para tratamiento de aguas residuales	61

Ponencias

Efecto del estrés celular en la producción de pigmentos en levaduras aisladas en el caribe colombiano

Autores: Julián Andrés García Vasquez¹, Alejandra García Cortes^{1*}, Mauricio Ramírez Castrillon¹, Yani Cristina Aranguren Díaz²

¹Programa de Microbiología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali, Santiago de Cali, Valle del Cauca.

²Programa de Microbiología, Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: aleejandra111795@gmail.com

Gran parte de los colorantes o pigmentos utilizados en la industria son tóxicos y potencialmente carcinogénicos, con algunos efectos mutagénicos, por lo que su reemplazo y/o eliminación de los efluentes industriales es una tarea prioritaria. Por ello, la obtención de biopigmentos ha generado un gran interés en la industria. Por ser de origen biológico, estos tipos de pigmentos son de fácil acceso, permite alcanzar altos rendimientos, y presenta ventajas respecto a pigmentos que son obtenidos por vía síntesis química. El objetivo de este trabajo fue obtener la sobreproducción de pigmentos carotenoides en una levadura naturalmente pigmentada por medio de la aplicación de diferentes fuentes de estrés celular. La cepa AJG01 fue aislada a partir de una muestra de alimento obtenida en Barranquilla, Colombia y su principal pigmento es el Beta-Caroteno. Esta cepa fue sometida a diferentes condiciones a través de un diseño experimental Placket-Burmann, tales como estrés osmótico con diferentes sales, estrés físico por exposición a luz UV, estrés químico con H₂O₂ y estrés lumínico por exposición a fotoperiodos. El estrés inducido por luz ultravioleta (UV) y fotoperiodos diferentes fueron significativos para la sobreproducción de pigmentos en la cepa AJG01 ($p < 0,05$). Además, la regresión lineal realizada con estos factores de estrés celular aportó una correlación de $R^2 = 0,97$, la cual hace que no se presente una desviación significativa de los valores obtenidos a los valores predichos. Las mejores condiciones de cultivo para obtención de biomasa y carotenoides fueron evaluados usando un diseño experimental Box-Behnken 2³ con 3 niveles, siendo las variables independientes el tiempo de exposición a luz UV, el fotoperiodo y concentración de Sulfato de Magnesio. De acuerdo al modelo estimado ($R^2 = 0,97$), las variables significativas fueron la luz UV y fotoperiodo, siendo las condiciones óptimas, un minuto de luz ultravioleta, 0,5 mg/L de sulfato de Magnesio (MgSO₄) y 18 horas de exposición a fotoperiodos respectivamente.

Palabras clave: carotenoides, estrés celular, diseño experimental, biopigmentos, levaduras.

Detección de infección natural por *Trypanosoma cruzi* e identificación de fuentes alimenticias en triatominos recolectados en la vereda Jorro del municipio de Colosó, Sucre

Autores: Carolina Ayala Hoyos^{1*}, Carlos Mario Hernández¹, Melisa Eyes Escalante², Luis Roberto Romero Ricardo¹, Pedro Blanco Tuirán¹

¹Universidad de Sucre. Grupo Investigaciones Biomédicas.

²Universidad del Atlántico. Grupo Biodiversidad del Caribe Colombiano.

Correo de contacto: carolina-1893@hotmail.com

Introducción

La presencia de triatominos infectados con *Trypanosoma cruzi* cerca a la vereda Jorro del municipio de Colosó, hizo necesario determinar las especies de vectores, así como detectar la infección natural por el parásito en los insectos y sus fuentes alimenticias.

Materiales y métodos

Se realizaron capturas de los triatominos en 13 viviendas por búsqueda activa, vigilancia comunitaria y trampas de luz. Los ejemplares fueron identificados mediante claves de referencia y a partir del ADN extraído del contenido intestinal de cada insecto, se detectó el ADN de *T. cruzi* y un segmento del gen citocromo b de vertebrado por amplificación con cebadores específicos.

Resultados

En total se recolectaron 40 individuos, correspondientes a las especies *Pastrongylus geniculatus* (n=23, 57.5%), *Rhodnius pallescens* (n=8, 20%), *Eratyrus cuspidatus* (n=5, 12.5%) y *Triatoma dimidiata* (n=4, 10%). La mayoría de los triatominos fueron recolectados en el extradomicilio, con un menor porcentaje de insectos adultos encontrados en ambientes domésticos. La tasa de infección natural fue del 85% y en dos triatominos se logró determinar el vertebrado que sirvió como fuente de ingesta sanguínea: *P. geniculatus* se encontró alimentado de *Homo sapiens* y *R. pallescens* de un ave *Geranospiza caerulescens*.

Conclusión

Se informa por primera vez para el municipio la presencia de especies de triatominos de importancia epidemiológica en cercanía al domicilio con un alto porcentaje de infección por el parásito, lo que se hace necesario la implementación de medidas de vigilancia entomológica en la zona.

Palabras clave: triatominos, *T. cruzi*, colosó, vectores, infección.

Detección molecular del agente causal de la enfermedad de Chagas, *Trypanosoma cruzi*, en perros de zonas urbanas del municipio de Sincelejo, Sucre

Autores: Jesús Guerra^{1*}, Karol Rueda¹, Yasmir Arroyo², Luís E. Paternina¹

¹Universidad de Sucre. Grupo Investigaciones Biomédicas. Sincelejo, Sucre.

²Clínica Veterinaria Mascotas. Sincelejo, Sucre.

Correo de contacto: jedagueca@hotmail.com

La enfermedad de Chagas, es una grave enfermedad parasitaria causada por el flagelado *Trypanosoma cruzi* (*T.cruzi*) perteneciente a la familia Trypanosomatidae, afección de gran importancia tanto en salud pública humana así como en salud veterinaria. Los procesos recientes de urbanización y expansión del área urbana en la región Caribe han favorecido la intrusión de sus insectos vectores hacia las zonas urbanas, donde el perro puede desempeñar papeles de reservorio y/o centinela de la misma. Por esta razón el objetivo de esta investigación fue explorar la circulación y potencial urbanización de *T. cruzi* en perros de Sincelejo mediante pruebas moleculares.

1mL de sangre periférica de animales residentes de la ciudad fue obtenida y además se obtuvieron datos básicos de los mismos, posteriormente se realizó extracción de ADN mediante método de sales acoplado a Cloroformo-Isoamil Alcohol. La amplificación de ADN de *T. cruzi* se realizó utilizando los iniciadores Cruzi1/Cruzi2 que amplifican un fragmento de 166pb del ADN satelital (ADNsat) del parásito y se confirmaron los hallazgos con los iniciadores 121/122 que amplifican un fragmento de 330pb de la región variable de los minicírculos del kinetoplasto (kADN). Los productos de PCR fueron analizados en electroforesis en gel de agarosa 1.5% utilizando un marcador de peso molecular de 100pb.

50 machos y 50 hembras) fueron analizados en total, de los cuales 7 machos y 5 hembras fueron positivos a ADNsat de *T. cruzi*, con edades entre 7-144 meses y procedentes de 12 de 64 barrios de la ciudad, los animales positivos pertenecían a 8 de 22 razas caninas analizadas. Estos resultados constituyen la primera evidencia de circulación silenciosa y urbanización de *Trypanosoma cruzi* en perros del municipio de Sincelejo, pese que a la fecha no se consideraba una zona de bajo riesgo para su transmisión.

Palabras clave: PCR, enfermedad de Chagas, Caribe Colombiano, centinela.

Aislamiento y caracterización molecular de bacteriófagos de *Staphylococcus aureus* presentes en aguas residuales

Isolation and molecular characterization of *Staphylococcus aureus* bacteriophages present in wastewater

Autores: María Vélez Brochero¹, Dayan Lozano Solano², Antonio Acosta Hoyos³

¹Universidad Simón Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas. Barranquilla, Atlántico.

²Universidad Simón Bolívar. Unidad de Investigación en Genética y Biología Molecular. Barranquilla, Atlántico.

³Universidad Simón Bolívar. Unidad de Investigación en Genética y Biología Molecular. Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: mvelez6@unisimon.edu.co

Resumen

Staphylococcus aureus es uno de los principales patógenos asociados a infección tanto en humanos como en animales, y un importante causante de Enfermedades de Transmisión Alimentaria (ETA). Los bacteriófagos son virus que infectan bacterias, por tanto, el estudio de estos y proteínas derivadas con alto potencial biotecnológico como las lisinas son una alternativa viable para ser usadas como biocontrol en la industria alimentaria. El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar molecularmente bacteriófagos de *Staphylococcus aureus* a partir de aguas residuales.

Materiales y métodos

Se tomaron 3 muestras de agua de diferentes puntos en la ciudad de Barranquilla, Atlántico, Colombia. Para el aislamiento del fago se utilizó la cepa de referencia *S. aureus* RN4220. Los fagos fueron aislados y se purificó su DNA para pruebas moleculares. Se realizó un análisis de restricción usando las enzimas RsaII y HpaII. Con base en el genoma de referencia del bacteriófago VB_SauS_sau_1 aislado previamente, se realizó PCR para la identificación del dominio catalítico CHAP de las endolisinas.

Resultados

Como resultados parciales de la investigación, se aislaron dos bacteriófagos de acuerdo con las características macroscópicas de las unidades formadoras de placa (UFP) mediante la técnica de doble capa, y se determinó a partir del perfil de restricción que son genéticamente distintos. Sin embargo, no se logró identificar el dominio CHAP.

Conclusión

Aunque no se logró identificar CHAP, no se descarta la presencia del mismo, teniendo en cuenta que, las lisinas son proteínas estructurales de estos virus, y los primers usados en la PCR para la detección de este dominio catalítico, fueron diseñados con base en el genoma de referencia, lo que confirma la alta tasa de variabilidad genómica entre los bacteriófagos.

Palabras clave: PCR, endolisina, virus. (Fuentes: MeSH)

Evaluación de la estructura poblacional microbiana del intestino en el contexto de la infección por el VIH

Autores: Mario Alberto Peña Freile^{1*}, Msc, Autor principal, Dr. Homero Sanjuan Vergara², MD, PhD., Coautor, Eduardo E. Zurek Varela³, PhD, Coautor

¹Universidad Simón Bolívar. Barranquilla, Atlántico.

²Fundación Universidad del Norte, División Ciencias de la Salud, Barranquilla, Atlántico.

³Fundación Universidad del Norte, División de Ingenierías, Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: malpefre@gmail.com

La infección por el VIH afecta la integridad del funcionamiento del sistema inmune con repercusiones en la arquitectura composicional de la microbiota intestinal. Estas perturbaciones producen translocación microbiana que tienen desagradables consecuencias en los pacientes. En el presente trabajo se realizó un estudio observacional y transversal para evaluar los cambios en la microbiota intestinal de individuos infectados con VIH de la ciudad de Barranquilla, Colombia. Se analizaron 60 individuos por medio de secuenciación de la porción v3-v4 del gen rRNA 16S, y se cuantificó el número de copias de los genes bacterianos Butiril- CoA acetato-CoA-transferasa (but) y butirato kinasa (buk), relacionados con la producción de butirato, por PCR en tiempo real (q-PCR); 30 controles y 30 pacientes infectados; se tuvo en cuenta que los sujetos compartieran los mismos rangos de edad, estatus socioeconómico e índice de masa corporal.

Dada su naturaleza composicional, los datos provenientes de la secuenciación fueron normalizados usando Aitchison's Centered Log-Ratio. De forma general, se lograron identificar cambios en la estructura de redes de correlación en los pacientes infectados con VIH con respecto a los controles sanos, proporcionada por la herramienta SPIECEASI MB. Géneros tales como *Prevotella*, *Ruminococcaceae*, *Bacteroides*, fueron relevantes en el grupo de individuos infectados con VIH. Al realizar un análisis discriminario de mínimos cuadrados parciales encontramos marcadores diferenciales representados por los integrantes de las familias *Erysipelotrichaceae* y *Lachnospiraceae* y los géneros *Catenibacterium*, *Roseburia*, *Dorea*. Todos ellos producen ácidos grasos de cadena corta (AGC). Dentro del grupo de controles se logró observar un género bacteriano diferenciador, *Succinivibrio* que, de acuerdo a las recomendaciones realizadas por la FAO y el WHO puede tener propiedades probióticas, lo que lo convierte en un buen candidato para futuras investigaciones.

Palabras clave: 16S rARN, bioinformática, microbiota, VIH.

Bacterias reductoras de perclorato del caribe colombiano

Autor: Acevedo-Barrios Rosa^{1*}

¹Universidad Tecnológica de Bolívar, Grupo de Estudios Químicos y Biológicos, Cartagena, Bolívar

Correo de contacto: racevedo@utb.edu.co

El perclorato se emplea ampliamente en varias aplicaciones industriales y se detecta con frecuencia en matrices ambientales a concentraciones relevantes para la salud humana, en particular es un disruptor endocrino que inhibe la síntesis de la hormona tiroidea. La descontaminación del perclorato del medio ambiente utilizando bacterias halófilas es una estrategia prometedora de biorremediación. El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar bacterias halófilas con potenciales aplicaciones en la biorremediación de perclorato y la hipótesis fue: “Los ambientes hipersalinos del Caribe colombiano poseen bacterias nativas con capacidad para reducir el perclorato”. Materiales y métodos: se colectaron muestras de sedimentos marinos de Galerazamba-Bolívar, Manaure-Guajira y Salamanca-Magdalena, Colombia. Las cepas bacterianas se aislaron e inocularon en medio LB modificado con agua de mar. La identificación microscópica se realizó mediante tinción de Gram y microscopía electrónica (SEM). Las cepas se genotiparon mediante secuenciación del gen RNA 16S. Se emplearon diferentes concentraciones de NaCl y $KClO_4$ para los ensayos de susceptibilidad (todos los ensayos se realizaron por triplicado y al menos tres veces). Entre los resultados se aislaron 10 cepas que toleraron variaciones de pH entre 6.5 a 12.0 y concentraciones de perclorato de hasta 10000 mg / kg. El porcentaje degradado de perclorato por estas bacterias estuvo entre el 25 y 10. El análisis de la secuencia del gen RNA 16S indicó que las cepas estaban filogenéticamente relacionadas con los géneros *Vibrio*, *Bacillus*, *Salinivibrio*, *Staphylococcus* y *Nesiotobacter*. Se concluye que las bacterias aisladas son halófilas y tolerantes al $KClO_4$, lo que las convierte en herramientas prometedoras para la biorremediación de perclorato.

Palabras clave: bacterias halófilas, sedimentos marinos, reducción de perclorato, toxicidad.

Primer caso autóctono de leishmaniasis canina en el departamento del Atlántico, Colombia

Autores: Wendy Zabala-Monterroza^{1*}, Alexander Bedoya-Polo¹, Oswaldo Pérez-Doria¹, Eduar Bejarano Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria¹.

¹Universidad de Sucre. Grupo Investigaciones Biomédicas. Sincelejo, Sucre.

Correo de contacto: wendyzabalam@gmail.com

Introducción

La leishmaniasis era considerada como una enfermedad endémica en todo el territorio nacional, excepto San Andrés Islas, Bogotá D.C y el departamento del Atlántico, en este último, la situación cambió en 2009 cuando se describió el primer caso humano autóctono de la enfermedad en el municipio de Luruaco. Teniendo en cuenta que en el país los caninos son los principales reservorios domésticos de los parásitos causantes de esta zoonosis, en el presente trabajo se documenta el primer hallazgo de un caso autóctono de leishmaniasis canina en área rural del municipio de Tubará, Atlántico.

Materiales y métodos

En un trabajo de vigilancia epidemiológica realizado en el corregimiento El Morro, se identificó un canino con signos clínicos de leishmaniasis. Se obtuvo el consentimiento informado del propietario para hacer la valoración clínica del animal y tomar una muestra del ganglio poplíteo por Biopsia aspirativa con Aguja Fina. La muestra fue depositada en medio bifásico RPMI 1640/Novy-mcNeal-Nicolle. La cepa aislada fue genotipificada con base en la secuencia de la región V7V8 del gen ribosomal de 18S y la secuencia del gen Glicosomal gliceraldehido-3-fosfato deshidrogenasa.

Resultados

El canino bajo estudio presentó hepatoesplenomegalia, caquexia, onicogriposis, lesiones cutáneas y linfoadenopatía. Se aisló una cepa de parásitos tripanosomatídeos. Con base en el análisis filogenético se determinó que la cepa infectante corresponde a *Leishmania braziliensis*. El canino falleció dos meses después de la toma de muestra, los responsables del canino reconocen la presencia de los insectos vectores del género *Lutzomyia* y se refieren a ellos con el término de “Alua o Lua”.

Conclusión

El aislamiento de *Leishmania braziliensis* a partir de un canino del municipio de Tubará, corresponde al primer caso autóctono de leishmaniasis canina en el departamento del Atlántico. La presencia de animales infectados parasitológicamente y de potenciales vectores representa un riesgo epidemiológico para la población humana.

Descripción de un caso clínico autóctono de Leishmaniasis canina en área urbana del municipio de Ovejas, Sucre

Autores: Wilmer Mejía Chimá^{1*}, Oscar Pérez Vargas¹, Matilde Rivero Rodríguez¹, Eduar Elías Bejarano Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria¹.

¹Universidad de Sucre. Grupo Investigaciones Biomédicas. Sincelejo, Sucre.

Correo de contacto: wilmer97mejia@gmail.com

Introducción

En el municipio de Ovejas, se registran casos humanos autóctonos de *Leishmaniasis* cutánea y visceral. Se ha descrito que en la transmisión que ocurre en el ambiente doméstico, *Canis familiaris* actúa como reservorio de *Leishmania infantum*, y por ello su presencia constituye un riesgo potencial. Por lo tanto, la vigilancia epidemiológica realizada en este trabajo es esencial para la prevención de la enfermedad.

Materiales y Métodos

Mediante búsqueda activa de casos de *Leishmaniasis canina* (LCan) se identificó un canino con signos de la enfermedad en el barrio La Ciudadela de Ovejas, en julio del 2018. Se tomó una muestra sanguínea y una biopsia de ganglio poplíteo, la última fue inoculada en medio bifásico NNN/RPMI. Se realizó diagnóstico serológico de LCan mediante prueba rápida e IFI, y se confirmó infección natural por *Leishmania* mediante PCR-ITS-1. La cepa aislada fue caracterizada con base en la secuencia de la región V7/V8 de ARN ribosomal de 18S del parásito. Tres meses después, se tomaron nuevas muestras al canino y se realizó un ensayo de infectividad con *Lutzomyia evansi*.

Resultados

El canino presentó fiebre, lesión cutánea, alopecia y onicogriposis; fue positivo para LCan por ambas pruebas serológicas (hasta la dilución 1/256 en la primera muestra y hasta 1/512 en la segunda). A partir de la biopsia se aisló una cepa del parásito que fue tipificado como *Le. infantum*. En la prueba de infectividad se encontró que el 6,66% (n:1/15) de las hembras de *Lu. evansi* alimentadas desarrollaron la infección.

Conclusiones

Se comprueba la infección activa por *Le. infantum* en un canino urbano de Ovejas y su capacidad infectiva para *Lu. evansi*, componentes esenciales en el establecimiento del ciclo doméstico de transmisión, que explicarían los recientes y frecuentes casos humanos de *Leishmaniasis* autóctonos en el municipio.

Palabras clave: *Leishmania infantum*, *leishmaniasis canina*, NNN/RPMI, *lutzomyia evansi*.

Caracterización microbiológica y molecular las cepas *Staphylococcus aureus* meticilino resistente en hisopados nasales del personal asistencial de una Unidad de Cuidados Intensivos de una clínica de la ciudad de Cartagena Colombia

Autores: Buelvas-Montes Yaleyvis^{1*}; Carrillo Padilla Laura²

¹Docente Universidad del Sinú Cartagena. Grupo de investigación Genoma. Cartagena, Bolívar.

²Estudiante de escuela de medicina. Universidad del Sinú Cartagena. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: ybuelvas@unisinucartagena.edu.co

El *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) es uno de los microorganismos considerados patógenos por excelencia, por ende, de gran importancia médica debido a sus múltiples factores de virulencia y a la aparición de cepas resistentes a la metilcilina. La cavidad nasal es el principal reservorio de *S. aureus*, que coloniza asintómicamente las narinas anteriores del 20% de la población humana normal de forma persistente, la colonización nasal de SARM es considerado un riesgo tanto para infecciones adquiridas en la comunidad, como las infecciones asociadas a la atención en salud en personas con pocos o ningún factor de riesgo. Las altas tasas de morbimortalidad, el aumento de la estancia hospitalaria y sus costos asociados, convierten a las infecciones por *S. aureus* en un problema de salud pública. Por lo cual es conveniente monitorear la presencia de SARM en la mucosa nasal del personal asociado al cuidado de la salud, principalmente aquellos que laboran en unidades de cuidados intensivos (UCI), para así orientar las medidas preventivas y evitar la transmisión por contacto a los pacientes. Se realizó un estudio descriptivo, la población de estudio estuvo conformada por todas las personas de atención de la UCI, se realizó caracterización microbiológica convencional y caracterización molecular por PCR múltiple de los genes *Nuc*, *MecA* y *Luk-PV-1*, los cuales permiten la identificación específica de *S. aureus*, SARM y presencia de la leucocidina de Panton-Valentine (PVL). Fueron incluidas 22 personas de la UCI adultos y se demostró que 100% del personal estaban colonizados con *Staphylococcus spp*, de las cuales el 77,2% son portadores nasales de *S. aureus*. La caracterización molecular, amplificando el gen *Nuc*, permitió confirmar la colonización con *Staphylococcus spp* en el 92, 80% de las muestras, de las cuales el 36,3% expresaron el Gen *mecA* como cepas SARM y 13,6 demostraron la presencia de PVL, como cepas potencialmente virulentas, estos hallazgos ponen en evidencia la necesidad de crear una estrategia de intervención para evitar la transmisión al paciente hospitalizado.

Palabras clave: samr, UCI, portador.

De las fuentes de ingesta a la identidad de los reservorios: nuevo enfoque para incriminación de potenciales vectores y reservorios de *Leishmania spp.* en El Carmen de Bolívar

Autores: Yeisson Cera Vallejo^{1*}, Marlon Mauricio Ardila^{1,2,3}, Roberto García-Alzate^{1,3}, Alveiro Pérez-Doria⁴

¹Universidad del Atlántico. Ciencia, Educación y Tecnología, CETIC. Puerto Colombia, Atlántico.

²Universidad del Atlántico. Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales, GICMARA. Puerto Colombia, Atlántico.

³Fundación Universitaria San Martín, Facultad de Ciencias de la Salud. Puerto Colombia, Atlántico

⁴Universidad de Sucre. Grupo Investigaciones Biomédicas. Sincelejo, Sucre.

Correo de contacto: eissoncera14@gmail.com

Introducción

La leishmaniasis es una zoonosis que involucra parásitos del género *Leishmania*, vertebrados hospedadores y vectores del género *Lutzomyia*. En Colombia estos componentes son casi totalmente desconocidos, al igual que los vínculos epidemiológicos entre ellos. La identificación de la sangre del reservorio contenida en el intestino del vector demuestra el contacto parásito-vector-vertebrado y permite optimizar los recursos destinados al control de la enfermedad. Lo anterior motivó el interés por conocer la identidad de los animales que sirven como fuentes de ingesta sanguínea a las especies del género *Lutzomyia* asociadas a un foco de leishmaniasis en zona rural del municipio de El Carmen de Bolívar.

Materiales y Métodos

Los insectos fueron recolectados con trampas de luz tipo CDC instaladas en ecótopos domésticos, peridomésticos y silvestres de la vereda El Alférez, municipio de El Carmen de Bolívar (Bolívar), entre 2017 y 2018. Los flebotomíneos recolectados fueron identificados con claves taxonómicas. A partir de un grupo de hembras ingurgitadas se aplicó una PCR múltiple del gen mitocondrial Citocromo B, en la que se emplearon cebadores específicos para *Canis familiaris*, *Bos taurus*, *Ovis aries*, *Sus scrofa* y *Homo sapiens*.

Resultados

100 hembras del género *Lutzomyia* presentaron restos de ingesta sanguínea, en *L. evansi*, los amplicones obtenidos correspondieron a *C. familiaris* (3/100), *H. sapiens* (1/100), *B. taurus* (2/100) y *O. aries* (5/100), y se identificaron ingestas mixtas para *O. aries/S. scrofa*, y *C. familiaris/Bos taurus* (3/100); mientras que, en *L. panamensis* se identificó *H. sapiens* y *S. scrofa* (1/100).

Conclusiones

Las fuentes de alimentación de *L. evansi* y *L. panamensis* indican contacto entre el vector, el humano y potenciales reservorios de los parásitos causantes de la enfermedad, por lo tanto, teniendo en cuenta los antecedentes epidemiológicos de los caninos serán necesarios futuros estudios que permitan esclarecer el papel de estos vertebrados en el ciclo epidemiológico de la enfermedad.

Palabras clave: *Lutzomyia*, fuentes de ingestas, leishmaniasis, El Carmen de Bolívar, Colombia.

Posters

Enigma científico: "Archaeas patógenas"

Autores: Abraham David Guerra Ospino^{1*}

¹Universidad Simón Bolívar. Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: abrahamguerra20@hotmail.com

Introducción

Anteriormente se pensaba que las arqueas eran microorganismos meramente extremófilos y por ende inhabitables en humanos. Sin embargo, estudios recientes demuestran todo lo contrario, ya que estos plantean que existen archaeas pertenecientes de la microbiota de los humanos y de otros seres vivos; Esto se lleva a cabo, mediante asociaciones biológicas o "invasiones". El presente trabajo tiene como objetivo llevar a cabo una revisión bibliográfica de la información existente hasta este momento sobre las archaeas y su influencia en la salud humana; De tal forma, poder así, determinar si estos pueden ser considerados como patógenos del ser humano y desde que mecanismos y perspectivas biológicas lo efectúan.

Materiales y Métodos

Para la realización de este trabajo se hizo una revisión bibliográfica de 50 artículos científicos pertenecientes a distintas fuentes primarias de información y artículos con desarrollo de experimentos a partir de bases de datos científicas y revistas indexadas como Frotiers, Plos, FEMS, ELSEVIER, entre otras.

Resultados

Nuestra revisión sugiere que las archaeas pueden contribuir mediante sintrofia con en el crecimiento de otros microorganismos con potencial patogénico definido; y si bien es cierto que este tipo de microorganismos puede habitar la cavidad bucal, cavidades nasales, vagina y piel, su papel en el ser humano es incierto debido a la metodología inexacta y carente llevada a cabo. Adicionalmente la estructuración conceptual actual sobre la patogenicidad y virulencia, no encaja con la biología de las archaeas.

Conclusión

En definitiva podemos decir, que las archaeas pueden cumplir papeles secundarios en la generación de enfermedades en el ser humano, teniendo en cuenta el actual concepto sobre patogenicidad y virulencia, por lo que es necesario hacer una reestructuración de dicho concepto, o en su defecto postular nuevas ideas para definir cuando un organismo es patógeno-virulento o no, ya que el problema radica en que hasta el momento nos hemos basado en la patogenicidad propia de otros microorganismos, cuya variación a generalizada puede ser tan amplia, que las archaeas pueden suponer una representación innovadora de este tipo de mecanismo biológico.

Identificación de bacterias multirresistentes en aguas para riego

Autores: Oviedo, A^{1*}. Bustos, M¹. Reguero, MT². Leal AL³

¹Universidad Nacional de Colombia. Laboratorio de Ingeniería Ambiental, Bogotá, Cundinamarca.

²Universidad Nacional de Colombia. Instituto de Biotecnología, Bogotá, Cundinamarca.

³Universidad Nacional de Colombia. Laboratorio de Microbiología, Facultad de Medicina. Bogotá, Cundinamarca.

Correo de contacto: aoviedo@unal.edu.co

La Sabana Occidental de Cundinamarca es una de las principales zonas productoras de hortalizas cerca de la capital de Colombia. En los municipios de Funza y Mosquera hay cultivos de hortalizas, los cuales utilizan aguas de canales de un distrito de riego, el cual se abastece del río Bogotá, y adicionalmente recibe descargas de vertimientos domésticos e industriales. En estas aguas se ha identificado la presencia de altos contenidos de bacterias patógenas (CUBIDES, 2018), y de residuos de medicamentos (HERNANDEZ, et al., 2015), lo que generó la pregunta: ¿Hay bacterias resistentes antibióticos en las aguas utilizadas para riego agrícola? Para resolverla, se planteó un estudio, cuyo objetivo fue identificar la presencia de microorganismos multirresistentes en aguas superficiales, de uso agrícola.

Para ello se realizaron dos campañas de muestreo durante 4 meses, una temporada seca y una temporada lluvia, en 6 sitios seleccionados. Cada muestra fue analizada mediante la técnica de filtración por membrana (Standard Methods 9222H, 2017) y para el aislamiento de las colonias se empleó el medio Chromocult. Por otro lado, para la selección de los microorganismos con posible resistencia a betalactámicos y carbapenémicos, se utilizó Chromagar CHROMID® ESBP y CHROMID® CARBA SMART de Biomérieux. Los conteos de Coliformes totales y *E. Coli* obtenidos están entre $1,0 \times 10^3$ y $1,0 \times 10^7$ UFC / 100 ml. De 40 muestras que se han analizado, se han obtenido resultados positivos para los dos agares en 27 muestras, indicando esto que si hay presencia de bacterias resistentes a antibióticos betalactámicos y carbapenémicos. Se espera continuar el estudio, haciendo una identificación de estas cepas por técnicas automatizadas.

Palabras clave: resistencia a antibióticos, aguas para riego, coliformes, reúso.

Primer hallazgo de *Leishmania braziliensis* (Trypanosomatida: Trypanosomatidae) en *Proechimys espinosus* del municipio de Túbara, Atlántico, Colombia

Autores: Alexander Bedoya-Polo^{1*}, Wendy Zabala-Monterroza¹, Oswaldo Pérez-Doria¹, Eduar Bejarano Martínez¹, Alveiro Pérez-Doria^{1,2}.

¹Universidad de Sucre. Investigaciones Biomédicas. Sincelejo, Sucre.

²Universidad Metropolitana. Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades de tipo infeccioso y Resistencia Microbiana. Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: lexbedoya@gmail.com

Introducción

En Colombia, los roedores espinosos del género *Proechimys* son reservorios primarios de especies del género *Leishmania* y se consideran pieza clave en el mantenimiento de los ciclos de transmisión, en las zonas donde la leishmaniasis es endémica. Por lo tanto, pueden ser usados como centinelas. En este trabajo, se realizó vigilancia epidemiológica de leishmaniasis en el municipio de Tubará, Atlántico, donde no se han descrito casos humanos de la enfermedad.

Materiales y Métodos

El estudio se desarrolló en el corregimiento El Morro, municipio de Tubará, Atlántico. Los roedores fueron capturados con trampas tipo Tomahawk. Los especímenes fueron identificados usando código de barras del ADN. A los animales anestesiados se les tomó una muestra de sangre por punción cardíaca y se inoculó en medio bifásico (NNN/RPMI) para el aislamiento de los parásitos. Los animales fueron liberados y se les implantó un chip de marcación (RFID). Los parásitos fueron tipificados con base en la secuencia nucleotídica del gen de la subunidad pequeña del ARN ribosomal 18S (SSU rRNA) y el gen Glicosomal gliceraldehído - 3 - fosfato deshidrogenasa (gGAPDH).

Resultados

Dos roedores fueron identificados como *Proechimys espinosus*, y se aisló una cepa de parásitos tripanosomátidos, que fueron identificados como *Leishmania braziliensis*, una de las especies causantes de leishmaniasis cutánea en la costa Caribe colombiana.

Conclusiones

Se registra por primera vez la presencia de *Leishmania braziliensis* en *Proechimyis espinosus* en el departamento del Atlántico, hallazgo que sumado a la presencia de vectores, evidencia un riesgo potencial de infección para los habitantes de la región. Por tal motivo se recomienda reforzar la vigilancia epidemiológica en la zona por la posibilidad de aparición de nuevos ciclos de transmisión del parásito en la que el humano sea el principal involucrado.

Palabras clave: infección natural, *leishmania braziliensis*, *proechimys espinosus*.

Identificación de microorganismos asociados a raíz de yuca (*manihot esculenta crantz*) bajo condiciones de estrés por déficit hídrico

Autores: Alexandra Fernández Gaviria^{1*}, Valentina Herrera Arbeláez¹, Diana Carolina López Álvarez², Alba Rocío Corrales Ducara¹

¹ Universidad Santiago de Cali. Grupo de Investigación en Microbiología Industria y Ambiente (GIMIA). Facultad de Ciencias Básicas. Cali, Valle del Cauca.

² Universidad Nacional de Colombia - Sede Palmira, Valle del Cauca.

Correo de contacto: alexandra.fernandez01@usc.edu.co

La yuca (*Manihot esculenta* Crantz) es considerado un alimento básico en la dieta de millones de personas en áreas tropicales y subtropicales del mundo. Sin embargo, su productividad se ha visto afectada a causa de condiciones ambientales adversas como; las altas y bajas temperaturas, salinidad y déficit hídrico. Durante los últimos años se han estudiado las interacciones planta-microorganismo, para comprender los mecanismos fisiológicos en plantas en respuesta a estrés abiótico. El presente estudio busca identificar comunidades bacterianas endófitas y rizosféricas asociadas a la raíz de yuca (*M. esculenta*), bajo condiciones de estrés por déficit hídrico, como un primer abordaje. Diez plantas de yuca de cuatro semanas de la variedad MCOL1734 (CIAT), crecidas en condiciones de invernadero a 28°C 12h luz/oscuridad, fueron deprivadas de agua por un periodo de 20 días y diez plantas con riego continuo fueron empleadas como control. Muestras de raíz principal, raíces adventicias y suelo rizosférico fueron colectadas al inicio y final del tratamiento. Posteriormente, se realizó extracción de ADN con el kit de extracción QIAmp DNA (QIAGEN) y fue enviado para un análisis metagenómico de las regiones hipervariables V3/V4 del gen ribosomal 16S, illumina NovaSP PE250 (Novogene). El presente estudio se espera identificar bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPR) con el fin de poder implementar estrategias de mejora para la respuesta a estrés abiótico.

Aislamiento y caracterización de microorganismos Psicrófilos lipolíticos, proteolíticos y amilolíticos de las Islas Shetland del Sur, Livingston (Antártica)

Autores: Ana Karina Támara Acosta¹, Blanca Rosa Mercado Molina¹, Rosa Acevedo Barrios¹, Carolina Rubiano-Labrador^{1*}

¹Universidad Tecnológica de Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación de Estudios Químicos y Biológicos. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: drubino@utb.edu.co

Aproximadamente el 98% de la superficie de la Antártida está cubierta de hielo constantemente, convirtiéndose así en un ambiente extremo con condiciones particulares de temperatura, pH, radiación y salinidad, que albergan microorganismos conocidos como extremófilos. Dentro de este grupo encontramos los Psicrófilos, que son organismos capaces de vivir óptimamente a temperaturas <15°C y no logran desarrollarse después de 20°C, característica que les permite adaptarse fácilmente a diversas condiciones ambientales, y ser consideradas con potencial biotecnológico. En la actualidad existen escasas investigaciones acerca de la diversidad microbiana de los microorganismos Psicrófilos, por consiguiente, el objetivo de este estudio fue identificar bacterias psicrófilas provenientes de (Antártica) con potencial capacidad de producción de enzimas hidrolíticas para su potencial uso en el tratamiento de aguas residuales. La realización de este trabajo se dividió en cuatro fases: (i) toma de muestras de sedimentos marinos provenientes de la Isla Livingston, (ii) aislamiento de bacterias psicrófilas empleando medio básico de sales suplementado con diferentes fuentes de carbono (tween 80, aceite de oliva, almidón, gelatina, caseína y skim milk), (iii) caracterización fenotípica y genotípica de las bacterias aisladas, y (iv) evaluación de la actividad enzimática hidrolítica de las cepas aisladas. Este estudio permitió el aislamiento de 10 cepas bacterianas psicrófilas aerobias heterótrofas, de las cuales se ha logrado hasta el momento la identificación de dos cepas relacionadas con la especie *Pseudomonas frederiksbergensis* (99% similitud) y una cepa relacionada con la especie *Pseudomonas thivervalensis* (99% similitud), las cuales son comúnmente encontradas en ambientes fríos. En cuanto a la actividad enzimática hidrolítica se determinó que 2 cepas presentan actividad amilolítica, 5 cepas presentan actividad proteolítica y 3 cepas presentan actividad lipolítica. Los resultados obtenidos en este estudio demuestran que la Antártica es un reservorio de bacterias psicrófilas con potencial biotecnológico.

Palabras clave: amilasas, antártida, lipasas, potencial biotecnológico, proteasas, psicrófilas, tratamiento de agua residual.

Evaluación de bacterias solubilizadoras de fosfatos en suelos del bosque seco tropical natural e intervenido del departamento Atlántico

Autores: Andrea Romero C; Leidy Coronado L; Elwi Machado S; Yani Aranguren D

Correo de contacto: andrearomero26@gmail.com

Introducción

El Bosque Seco Tropical (BST) en Colombia es uno de los ecosistemas más amenazados de extinción. Las actividades antrópicas han causado alteraciones físicas y químicas sobre el suelo, contribuyendo a la disminución de la diversidad microbiana y el desarrollo vegetal. Ahora, se están buscando alternativas amigables con el planeta, y el uso de inoculantes biológicos que empleen bacterias solubilizadoras de nutrientes, es una de las herramientas que pueden ser usadas. Visto así, se realizó un estudio en suelos naturales e intervenidos del BST en el departamento Atlántico, para determinar la diversidad y la capacidad solubilizadora de fosfatos de los microorganismos presentes, y de este modo generar una alternativa para mitigar los efectos antrópicos sobre este ecosistema y permitir su conservación y subsistencia.

Materiales y Métodos

Para determinar la actividad microbiana del suelo se evaluó la respiración basal por medio del CO₂ producido, y se realizó un análisis físicoquímico de estos. La diversidad microbiana se determinó con el número de colonias diferentes y la abundancia con el número total de colonias aisladas en Agar Nutritivo y medio NBRIP. Posteriormente fueron seleccionadas y caracterizadas 5 colonias solubilizadoras de fosfato, se realizaron pruebas de hemólisis en Agar Sangre e índice de solubilización en NBRIP con la técnica de cultivo en gota. Además, se secuenció el gen 16S para su identificación.

Resultados

La respiración basal mostró pocas diferencias, el suelo intervenido fue ligeramente alcalino y el del bosque natural ligeramente ácido. Además, la diversidad total y de solubilizadores cultivables fue mayor en los suelos naturales.

Conclusiones

Los microorganismos solubilizadores de fosfato son fundamentales para los ecosistemas. Los aislados son potenciales promotores de crecimiento vegetal que podrán ser usados en la recuperación y restauración del BST.

Palabras clave: bacterias promotoras de crecimiento, ecosistema, diversidad microbiana, respiración basal.

Hongos aflatoxigénicos aislados a partir de arroz cultivado en las principales zonas arroceras de Colombia

Autores: Rojas C. Liliana^{1*}, cajiiao P. Angela^{1*}, De La Cruz A. Boris A.²

¹Universidad de Pamplona. Docente, Facultad de Ciencias Básicas, Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología –GIMBIO-. Pamplona, Norte de Santander.

²Universidad de Pamplona. Estudiante, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Básicas, Semillero de Investigación en Microbiología y Biotecnología –SIMBIO-. Pamplona, Norte de Santander.

Correo de contacto: olrojas@unipamplona.edu.co, angelacajiiao@unipamplona.edu.co

El arroz (*Oryza sativa*) es uno de los cereales de mayor consumo en el mundo, siendo el alimento básico de más de la mitad de la población. Entre los contaminantes más usuales encontrados en este grano predominan los hongos, algunos géneros llegan a producir micotoxinas. Las aflatoxinas son una familia de micotoxinas con una alta toxicidad. Químicamente, derivan de difuranocumarinas, producidas principalmente por hongos del género *Aspergillus*. Las aflatoxinas B1 son compuestos estables, por ello no son destruidas por la mayoría de procesos a los que se someten los alimentos. El presente estudio se desarrolló con el objetivo de aislar hongos aflatoxigénicos a partir de arroz cultivado en las principales zonas arroceras de Colombia. Se recolectaron muestras de las zonas (Norte, Centro, Oriental y Llanos Orientales), estas fueron procesadas con el fin de cuantificar la concentración de aflatoxinas por cromatografía líquida de alta eficiencia (HPLC), obteniéndose como resultado una incidencia del 16,67% de las 95 muestras analizadas, encontrándose que el 10,64% de las mismas superan el nivel máximo (10 µg/Kg) de la suma de aflatoxinas en arroz, establecido por la Resolución No. 2671 de 2014 del MSPS de Colombia. De las muestras positivas para aflatoxinas, se aislaron hongos mediante el protocolo de aislamiento tradicional. Alcanzando como resultado el aislamiento de especies fúngicas pertenecientes al género *Aspergillus spp.*, señalado como el principal productor de aflatoxinas. Se cuantificó la concentración de aflatoxinas producida por los hongos aislados por (HPLC), determinándose cepas con un gran potencial toxigénico como el aislamiento A052D que produjo 22888,9 µg/Kg de AFB1 y 272,4 µg/Kg de AFB2 y 23161,3 µg/Kg de AFLAS Totales.

Palabras clave: aflatoxinas, arroz, hongos, micotoxinas.

DetECCIÓN DE ENTEROTOXINAS Y PERFIL DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *Staphylococcus* COAGULASA POSITIVA AISLADO EN PESCADOS Y MANIPULADORES EN EXPENDIOS DE BASURTO, CARTAGENA

Autores: Ospino-Lanzziano¹, Maria C, Morales-Castro¹, Ricardo J, Vega-Ipuchima¹, Jhovinson, Franco-Anaya, Piedad¹.

¹Universidad de San Buenaventura-Cartagena, Facultad de Ciencias de la Salud, Grupo de investigación GIMA, Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: mlanzziano@outlook.com

Las intoxicaciones alimentarias son de impacto social por tener consecuencias en la salud de las poblaciones o en el sistema de salud e incluso el sector económico. El objetivo de esta investigación fue detectar enterotoxinas de *Staphylococcus* coagulasa positivo y perfil de resistencia antimicrobiano aislados de pescados y manipuladores en expendios de Bazurto, Cartagena; para lo cual se tomaron 90 muestras de pescados frescos y 6 de manipuladores de 6 establecimientos en el mercado de Bazurto, Cartagena. Para la identificación microbiológica, se realizó recuento en placa en agar Baird Parker selectivo para colonias presuntivas de *Staphylococcus* coagulasa positiva, y las colonias sospechosas se confirmaron con prueba de coagulasa, mientras que para la detección de enterotoxinas se utilizó la técnica de inmunoensayo enzimático de tipo sándwich RIDASCREEN SET A, B, C, D, E que codifican para las enterotoxinas estafilocócicas clásicas. Se obtuvo un total de 24 cepas coagulasa positiva, de las cuales se evidenció que la enterotoxina estafilocócica que más se detectó fue la *SEC* y, en menor medida, se detectó la *SED*. Asimismo, se determinó que 3 cepas produjeron 4 de las 5 enterotoxinas clásicas en simultáneo. Con relación a la *SEA*, no se detectó en ninguna de las cepas testeadas. También se aplicó un perfil de resistencia encontrando 4 cepas meticilino-resistentes. Una de estas cepas SAMR, fue resistente a Synercid. Esta investigación evidenció que más del 80% del personal manipulador presentó recuentos elevados de *Staphylococcus* coagulasa positiva, mientras que en las muestras de pescados analizados en todos los expendios cumplieron con este requisito microbiológico, lo que nos permite deducir que el género *Staphylococcus* coagulasa positiva y sus semejantes, no hacen parte del microbiota de este tipo de alimentos; sin embargo el manipulador se convierte en una fuente de transmisión importante hacia otros alimentos proteicos.

Palabras clave: inmunoensayo, enterotoxinas, *staphylococcus*, peces, enfermedades transmitidas por alimentos, ensayo de inmunoadsorción enzimática. DeCS.

Serotipos del virus Dengue circulantes en el departamento de Sucre durante el brote de 2019: Resultados preliminares

Autores: Sermeño-Correa, Carlos^{1*}; Paternina-Gómez, Margaret¹; Blanco Tuirán, Pedro¹; Camacho, Erwin.¹

¹Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre. Sincelejo, Sucre.

Correo de contacto: sermenoca@gmail.com

Introducción

El número total de casos reportados en 2019 para el brote de dengue en las Américas, ha superado lo notificado en los últimos tres años. Debido a que el conocimiento del serotipo circulante en los brotes es fundamental para entender la epidemiología de la enfermedad, el objetivo de este trabajo es caracterizar molecularmente los serotipos del virus Dengue (DENV) circulantes en el departamento de Sucre, durante el brote de 2019.

Materiales y métodos

Se recolectaron muestras de suero de participantes con síndrome febril y sintomatología compatible con DENV, en tres instituciones de salud del departamento. Las muestras colectadas fueron sometidas a extracción de ARN y posterior detección y tipificación del DENV por Real Time-RT-PCR.

Resultados

Se reclutaron un total de 83 participantes provenientes de los municipios de Sincelejo, Sampués y Corozal, de las cuales hasta el presente reporte se han procesado 41 para la detección de DENV. En 9 de las muestras analizadas se detectó material genético de DENV: 6 para serotipo 2 y 3 para serotipo 1. En los municipios de Sincelejo y Sampués se detectó la circulación simultánea de DENV-1 y DENV-2, mientras que, en Corozal, DENV-2.

Conclusión

Estos resultados ponen en manifiesto la hiperendemicidad del dengue en Sucre; a diferencia de años anteriores, se detectó con mayor frecuencia DENV-2, lo que potencialmente podría aumentar la probabilidad de aparición de casos graves de la enfermedad, dependiendo de aspectos ambientales y poblacionales propios de la región, así como de características genómicas de este virus en particular que deben ser estudiadas.

Palabras claves: arbovirus, epidemiología, salud pública.

Análisis preliminar para la degradación de suelo contaminado con bifenilos policlorados (PCB's)

Autores: Cajiao Angela¹, Pabón Miguel¹, Argüello Daniel^{1*}

¹Universidad de Pamplona. Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología (GIMBIO). Pamplona, Norte de Santander.

Correo de contacto: danielh260994@gmail.com

Los bifenilos policlorados (BCP'S) son un grupo de contaminantes orgánicos altamente recalcitrantes y tóxicos para el medio ambiente. Si bien su producción fue prohibida ya hace años, estos continúan presentes en aceites dieléctricos, usado generalmente como aislantes térmicos en transformadores de subestaciones eléctricas; cuando se desgasta estos aceites, se generan derrames que contamina el suelo, formando residuos con efecto adverso sobre la salud humana. En el presente estudio se realizó la biorremediación de suelos contaminados con aceites dieléctricos evaluando por duplicado, tecnologías de bioestimulación y abono suplementado con *Trichoderma spp*, utilizando sustratos estándar como base de nutrientes necesarios para los microorganismos. Durante 45 días se analizaron los principales cambios en las propiedades fisicoquímicas del suelo entre ellas el pH, porosidad, nitratos, fosforo, potasio y concentración de BCP's totales. Además, se realizó la caracterización microbiológica empleando medios modificados de suelos, con el fin de obtener microorganismos autóctonos y apreciar la diversidad de microorganismos del suelo. Evidenciándose una eficiencia de remoción de BCP's, al utilizar abono suplementado con *Trichoderma spp* debido a que este hongo genera enzimas que favorece el tratamiento biológico. Mediante análisis microbiológicos y enzimáticos se identificaron 3 géneros de bacterias de 8 aislamientos de las cuales fueron *Pseudomonas spp*, *Bacillus spp*, *Micrococcus spp*, y 4 generos de mohos de 6 aislamientos como fueron *Mucor spp*, *Cunninghamella spp*, *Talaromyces spp* y *Penicillium spp*, los cuales presentan actividades enzimáticas relacionadas a la degradación de PBC's, teniendo como característica común que al emplear medio tributirina estos degradaron enlaces lipídicos dando indicios de la actividad enzimática para la degradación de aceites dieléctricos. Finalmente se evidencia y se recomienda utilizar la técnica de abono suplementado ya que actúa con doble función al bioaumentar y bioestimular los microorganismos presentes en el suelo, lo que permite una mayor degradación del contaminante.

Evaluación de la actividad antimicrobiana de bacterias aisladas en manglares de Cartagena, Colombia

Autores: María José Gómez Paternina¹, Daniela Pérez Canchila¹, Carolina Rubiano-Labrador^{1*}

¹Universidad Tecnológica de Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación de Estudios Químicos y Biológicos. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: drubiano@utb.edu.co

Los plaguicidas son sustancias destinadas a prevenir, destruir o controlar plaga; sin embargo, se ha determinado que estos pueden tener efectos perjudiciales para el ambiente y salud humana, por ende, en los últimos años se comenzó a adoptar el uso de bioplagicidas, que son sustancias elaboradas a base de bacterias, hongos, virus o nematodos, que permiten la eliminación de plagas mediante control biológico y son amigables con el medioambiente. Por lo tanto, la búsqueda de compuestos con actividad biológica se ha enfocado en la identificación de microorganismos terrestres y la evaluación de su potencial bioactivo. Sin embargo, estos esfuerzos han resultado en el redescubrimiento de compuestos bioactivos, y sumado a esto, el imprudente uso de antibióticos y su amplio uso en agricultura y en la industria de fabricación de alimentos ha causado un incremento en la resistencia de patógenos a antibióticos. Frente a esta problemática, la exploración de ambientes extremos, como los manglares, se han convertido en una alternativa para el descubrimiento de nuevos compuestos bioactivos, ya que estos albergan una riqueza de diversidad microbiana adaptada a condiciones extremas y que produce un amplio rango de biomoléculas activas. Teniendo en cuenta la importancia de obtener nuevos compuestos naturales de interés farmacéutico y agrícola, este estudio busca evaluar el potencial antimicrobiano de bacterias provenientes de los manglares de Cartagena. La realización de este proyecto se dividió en tres fases: (i) extracción de metabolitos secundarios de bacterias provenientes de manglares de Cartagena, (ii) evaluación de su actividad antimicrobiana frente a bacterias patógenas, y (iii) evaluación de su capacidad antagónica frente al hongo fitopatógeno *Rhizoctonia solani*. Hasta la fecha se ha evaluado la actividad biológica de 46 cepas aisladas de sedimentos, hojas, tallos y raíces de los manglares *Avicennia germinans* y *Conocarpus erectus* de la Ciénaga Virgen (Cartagena), de las cuales 10 cepas presentaron actividad antimicrobiana frente a las bacterias patógenas evaluadas y una cepa (UTB-GBX - 7) presentó actividad antagónica frente a *Rhizoctonia solani*. Estos resultados permiten demostrar que las bacterias aisladas de los manglares de Cartagena son candidatas potenciales para la búsqueda de compuestos bioactivos.

Palabras clave: compuestos bioactivos, control biológico, manglares.

Bacterias halófilas, de la Isla Decepción, Antártica

Autores: Dhanía Navarro Narvaez¹, Johana Escobar Galarza¹, Rosa Acevedo-Barrios¹, Carolina Rubiano Labrador¹

¹Universidad Tecnológica de Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación de Estudios Químicos y Biológicos. Cartagena, Bolívar

Correo de contacto: racevedo@utb.edu.co

Las condiciones extremas y únicas de la Antártica, representan alto interés científico a la hora de investigar sobre mecanismos de adaptación de bacterias autóctonas aisladas de estos ambientes extremos, debido a las potencialidades biotecnológicas que ofrecen para ser empleadas en procesos de biorremediación de contaminantes emergentes como el Perclorato; que se produce naturalmente en el continente blanco y que se encuentra presente en todo el mundo por su amplio origen antropogénico. El objetivo de este trabajo fue caracterizar bacterias halófilas reductoras de perclorato provenientes de sedimentos marinos de la isla Decepción, Antártica y la hipótesis fue ¿“La Antártica posee bacterias halófilas con capacidad para reducir el perclorato”? Materiales y métodos: se colectaron muestras de sedimentos marinos de diferentes puntos de la isla Decepción, Antártica. Las cepas bacterianas se aislaron e inocularon en los medios LB NaCl, M63, AAD12 y R2A. La identificación microscópica y bioquímica se realizó mediante tinción de gram y BBL Crystal. Las cepas se genotiparon mediante secuenciación del gen RNA 16S. Se emplearon diferentes concentraciones de NaCl y KClO₄ para los ensayos de susceptibilidad (todos los ensayos se realizaron por triplicado y al menos 3 veces). Entre los resultados se aislaron 2 cepas que presentaron resistencia a concentraciones de hasta 30% de NaCl y de 10000 mg/kg de Perclorato y presentaron porcentajes de reducción de este contaminante hasta del 25%. Los resultados preliminares de la caracterización molecular del gen RNA 16S determinaron que las cepas corresponden al género *Psychrobacter*, un grupo cosmopolita y diverso de bacterias aerobias, adaptadas al frío que exhiben potencial para la biorremediación. En conclusión, las bacterias de la Antártica son una estrategia apropiada para la remediación de perclorato.

Palabras clave: bacterias halófilas, biorremediación, halotolerantes, sedimentos marinos, perclorato.

Comportamiento microbiológico de las infecciones en úlceras en pacientes con pie diabético que asistieron a la IPS Universitaria Camino Sur Occidente Durante el 2018, en Barranquilla, Atlántico

Autores: Elber Osorio Rodríguez², Eddie Alexander Sajona Nieves², Jhonny Jesús Patiño Patiño^{2*}, Jorge Vega Romero², Javier Meza², Martín Rosado², Carlos Beltrán Sánchez¹, Lucila Gómez Rodríguez¹, Carlos Tejeda Pérez³, Alberto Henríquez⁴

¹Investigadores Grupo Caribe en Enfermedades Infecciosas y Resistencia Microbiana.

²Semillero de Investigación SIBMEI.

³Investigador grupo Medicina Traslacional Universidad Metropolitana.

⁴Md. Internista Mi Red Camino de suroccidente

Correo de contacto: osorioelver@gmail.com

Introducción

Considerando, que el 15% de pacientes diabéticos presentan úlceras en pie y las complicaciones que se derivan por estas; es fundamental caracterizar los microorganismos responsables y sus perfiles de susceptibilidad y resistencia, para la instauración de una terapéutica eficaz que prevenga, complicaciones en pacientes con estas infecciones (1).

Materiales y métodos

Estudio descriptivo de corte transversal, realizado en 2018 en la IPS Mi Red Camino Sur occidente. Se recolectaron en una primera fase 38 muestras en pacientes con úlceras en pie diabético. Siguiendo los protocolos definidos por el equipo de investigadores, una vez clasificados los pacientes según Escala San Elián se tomaron las muestras, según tipo de lesión. Para la identificación de agentes bacterianos y su respectiva prueba de susceptibilidad se utilizó el equipo BD Phoenix™ con un software experto que considera los puntos de corte del CLSI 2018.

Resultados

De las 38 muestras el 71,1 %, fueron obtenidas de secreciones y el 23,7% de biopsia y un 5,2 % de los pacientes les tomaron los dos tipos de muestras, secreción+biopsia. El 94,7% fueron positivas para una o más bacterias y el 5,3% fueron negativas. De acuerdo al número de especies bacterianas aisladas, se demostró n: 24 (66,7%) correspondían a infecciones monomicrobianas y el n: 12 (33,33%) a infecciones polimicrobianas. El 78,9% de los microorganismos aislados correspondían a bacterias Gram negativos, siendo la *E. coli* 20%(6) y *Proteus mirabilis* 20%(6) las más frecuentes, seguidas por la *K. pneumoniae* 13,3% (4). Las gram positivas, representaron el 21,1% de los aislamientos, siendo el *Staphylococcus aureus* el más prevalente (50%). De las gram positivas, el 62,5%(5) fue resistente a Oxacilina y el 25%(2) resistencia a clidamicina/eritromicina. En las gram negativas 26,7% expresaron el fenotipo Productor Potencial de Carbapenemasas(PPC), 13,3% (4) ampC y 6,7% (2) ESBL.

Conclusiones

La alta resistencia observada en los gérmenes aislados, reflejan la necesidad de hacer la determinación de los perfiles de susceptibilidad y resistencia e instaurar una terapia guiada.

Palabras clave: compost, fijación de nitrógeno, promotores de crecimiento.

Efecto antibacteriano de un derivado de n-(2-fenil-1,2,3,4-tetrahydroquinolin-4-il) formamida en cultivo de *Pseudomona aeruginosa*

Autores: Fernel Sampayo Castro¹, Wendy Rosales Rada², Evelyn Mendoza Torres^{2*}, Carlos Mario Meléndez Gómez.^{1*}

¹Universidad del Atlántico. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación en Química Orgánica y Biomédica. Barranquilla, Atlántico.

² Universidad Libre Seccional Barranquilla. Grupo de Investigación Avanzada en Biomedicina. Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: evelyn.mendozat@unilibre.edu.co; carlosmelendez@mail.uniatlantico.edu.co

Introducción

La *Pseudomona aeruginosa* es un patógeno bacteriano humano que causa una variedad de infecciones nosocomiales. Por lo cual, se ha desarrollado un amplio número de antibióticos como estrategias terapéuticas, entre los que se destacan las quinolonas, las cuales inhiben la acción de la topoisomerasa IV, evitan la división celular y expresión génica. Sin embargo, debido al amplio uso de este tipo de antibióticos, las bacterias han desarrollado mecanismos de resistencia generando una gran problemática de salud pública a nivel mundial. Por lo anterior, se evaluó la capacidad inhibitoria de un derivado de N-(2-fenil-1,2,3,4-tetrahydroquinolin-4-il) formamida sobre el crecimiento de una cepa bacteriana de *Pseudomona aeruginosa* con el objetivo de estudiar las propiedades de este tipo de compuestos.

Materiales y métodos

Se evaluó la actividad antibacteriana del compuesto con variación de concentraciones de 10, 20, 35, 50 y 75 µg/mL en cultivos de *Pseudomona aeruginosa* en caldo nutritivo durante 6 horas a 37°C, con registro de la absorbancia, como indicador de crecimiento bacteriano, cada dos horas a una longitud de onda de 635 nm. La densidad de cada inóculo se estandarizó con un patrón McFarland 0.5, comparable a una suspensión bacteriana que contiene 1.5 x 10⁸ UFC/m (absorbancia=0.813). Se utilizó gentamicina a 20 µg/mL como control positivo de inhibición.

Resultados

Se observó inhibición del crecimiento bacteriano al cabo de 2 horas de incubación dependiente de la concentración. Posterior a las 6 horas se presentaron absorbancias promedio de 0.306, 0.276, 0.223, 0.152, 0.089 a las concentraciones de 10, 20, 35, 50 y 75 µg/mL de N-(2-fenil-1,2,3,4-tetrahydroquinolin-4-il) formamida, respectivamente, en comparación con 0.321 correspondiente al control de crecimiento (n=3, p<0.05). Se obtuvo un porcentaje de inhibición de 52.65% y 72.27% para las concentraciones 50 y 75 µg/mL, respectivamente.

Conclusión

Derivado de N-(2-fenil-1,2,3,4-tetrahydroquinolin-4-il) formamida se establece como un agente promisorio antibacteriano contra *Pseudomona aeruginosa*.

Palabras clave: tetrahydroquinolinas, resistencia, actividad antibacteriana, inhibición de crecimiento.

Códigos de barra genéticos en especies del bosque seco tropical de la costa Caribe colombiana

Autores: Katherine Escorcía Lindo¹, Giovanna Rodríguez Cuesta^{1*}, Yani Aranguren Díaz.¹

¹Programa de Microbiología – Universidad Simón Bolívar; Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: grodriguez39@gmail.com

Introducción

Los bosques secos tropicales (BST) cubren grandes áreas en Centro y Suramérica. Este ecosistema se caracteriza por presentar estaciones prolongadas de sequía, con bajas precipitaciones, dando como resultado una biodiversidad característica de plantas, animales y microorganismos adaptados a condiciones de estrés hídrico. Inicialmente en Colombia los BST ocupaban unos 9 millones de hectáreas; sin embargo, solo se conserva el 8%, ya que estos se han explotado para uso urbano, agropecuario y minero. Existen herramientas, como los códigos de barras genéticos que son secuencias específicas característica de una especie que permite su identificación rápida para facilitar la conservación y uso sostenible de la biodiversidad. El objetivo de este trabajo es determinar el código de barras genéticos de dos especies arbóreas del BST del Caribe colombiano.

Materiales y Métodos

Se realizó una revisión bibliográfica para determinar cuáles son las especies prioritarias para la conservación en la región. Luego, se realizaron colectas de *Ceiba pentandra* y *Aspidosperma polyneuron*. A partir del material vegetal se estandarizaron los protocolos de extracción de DNA y amplificación de marcadores genéticos. Luego se seleccionaron los marcadores con mejor rendimiento y calidad, y se secuenciaron por método Sanger. Finalmente, se realizarán los análisis bioinformáticos para analizar las similitudes entre individuos, validar filogenéticamente y determinar los códigos de barras.

Resultados

Se logró estandarizar el protocolo de extracción, verificando por espectrofotometría y electroforesis. También se evaluaron y ajustaron las condiciones de reacción de PCR para amplificar los marcadores moleculares, donde las mejores regiones obtenidas fueron *psbB-psbF* y *rpl20r-rp12f*.

Conclusión

El BST está ampliamente distribuido en el departamento del Atlántico, pero ha sido notablemente destruido. Los códigos de barra de especies nativas, permiten identificar y monitorear las poblaciones con fines de conservación, y facilitan el estudio de las relaciones ecológicas y el desarrollo de productos y servicios.

Palabras clave: biodiversidad, marcadores moleculares, PCR.

Comparación del desempeño de dos pruebas rápidas por el método de Inmunoanálisis de Flujo Lateral (IFL) para la detección del antígeno capsular de *Cryptococcus* en sueros de pacientes infectados por el VIH

Autores: Javier Rodríguez^{1*}, Patricia Escandón², Leidy Camargo³, Merle Arévalo³, María Clara Noguera³.

¹Universidad Metropolitana. Semillero SIPBAC Programa de Bacteriología. Barranquilla, Atlántico.

²Instituto Nacional de Salud. Grupo de Microbiología. Bogotá, Atlántico.

³Universidad Metropolitana. Grupo Caribe de Enfermedades Infecciosas y Resistencia Microbiana. Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: javiermelendrez1@hotmail.com

Introducción

La criptococosis es una micosis sistémica que afecta principalmente pacientes VIH/sida. El diagnóstico oportuno de la enfermedad aumenta las expectativas de vida de quien la padece y reduce las posibles secuelas. El inmunoensayo de flujo lateral (IFL) es una prueba de antigenemia recomendada por la OMS que presenta una sensibilidad (100%) y especificidad (98.6%) y puede detectar el antígeno circulante hasta 22 días antes de los síntomas. El objetivo fue comparar el desempeño de dos pruebas rápidas por el método de Inmunoanálisis de Flujo Lateral para detectar el antígeno capsular de *Cryptococcus* en sueros de pacientes VIH+.

Materiales y Métodos

Se emplearon dos estuches comerciales con similar fundamento- Immy Cryptococcal Antigen LFA (Immuno-Mycologics, Inc., EE. UU.) y Dynamiker Cryptococcus LFA (Tianjin) Co., Ltd., China- procesando 162 muestras de suero de pacientes VIH positivos conservadas a -80 °C con cada prueba, según recomendaciones del fabricante. Immy establece una concentración mínima de antígeno de 1,0 ng/ml para que la prueba sea positiva en tanto que Dynamiker establece 0,5 ng/ml.

Resultados

Un total de 14 (8,6%) muestras dieron Immy (+) mientras que 148 (91,4%) dieron Immy (-); mediante Dynamiker, 29 (18%) muestras resultaron positivas mientras que 133 (82,0%) dieron negativas. Para determinar asociación se consideró a Immy como prueba de referencia y a Dynamiker como prueba diagnóstica; 14 muestras resultaron positivas por ambas técnicas; 133 muestras resultaron negativas por ambas pruebas; 15 muestras resultaron negativas (IMMY) y positivas (Dynamiker). El índice Kappa dió 0.61 (buena concordancia); la sensibilidad, especificidad y exactitud dieron 100%, 89,9% y 90,7%, respectivamente.

Conclusión

La prueba Dynamiker se comportó satisfactoriamente pudiendo emplearse para el diagnóstico temprano en la detección del antígeno capsular del complejo de especies patógenas del género *Cryptococcus*.

Palabras clave: criptococosis, *Cryptococcus*, inmunoensayo de flujo lateral, LFA, tamizaje.

Evidencia molecular de la co-circulación *Anaplasma platys* y *Ehrlichia canis* en caninos de Sincelejo, Sucre

Autores: Jesús D. Melendrez^{1*}, Ana C. Payares¹, Yasmir Arroyo², Karol L. Rueda¹, Luís E. Paternina¹.

¹Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre. Sincelejo, Sucre.

²Clínica Veterinaria Mascotas. Sincelejo, Sucre

Correo de contacto: jedamevi1997@gmail.com

Introducción

En Colombia estudios realizados en varias ciudades nos muestran la amplia presencia de los agentes rickettsiales *Anaplasma platys* y *Ehrlichia canis* en perros de nuestro país, sin embargo, para el departamento de Sucre no existe registros de la circulación de estos patógenos. Por tal motivo nuestro objetivo fue explorar molecularmente la prevalencia de *A. platys* y *E. canis* en perros de Sincelejo.

Métodos

Entre mayo-junio del presente año se recolectaron 100 muestras de sangre periférica de caninos de 58 barrios de la ciudad, se realizó extracción de ADN y posteriormente se detectó *Anaplasma platys* y *Ehrlichia canis* mediante PCR utilizando los cebadores Apla-HS475F/Apla-HS1198R y Ecaj0423-F/Ecaj0423-R (diseño propio). Los productos de PCR fueron separados en gel de agarosa al 1.5% y visualizados en un transiluminador. La positividad a *A. platys* y *E. canis* fue contrastada con las variables edad, sexo, zona de procedencia (comuna) y raza.

Resultados

Un ejemplar canino (Hembra) de 96 meses de edad y raza Pug resultó positivo para *A. platys* (1%). Mientras 18 ejemplares resultaron positivos para *Ehrlichia canis*, 4 machos y 14 hembras (media edad animales positivos=62meses, mínimo=12meses y máximo= 108 meses), 4 perros pertenecían a las raza Pinscher, 12 de los perros provenían de 3 de las 9 comunas de Sincelejo y 13 animales en total presentaban signos clínicos, algunos compatibles con Trombocitopenia Cíclica Infecciosa Canina y Ehrlichiosis monocítica canina. Un animal presentó co-infección con *A.platys* /*E.canis*.

Conclusión

Se logró detectar molecularmente el agente rickettsial *Anaplasma platys* convirtiéndose así en la primera evidencia de su circulación para el departamento de Sucre. Además se detectó una co-infección rickettsial, considerándose estas co-infecciones importantes desde el punto de vista salud pública veterinaria y por su potencial zoonótico dadas las evidencias recientes sobre estos dos patógenos.

Palabras clave: anaplasmosis, ehrlichiosis, PCR, caninos, zoonosis.

Vigilancia epidemiológica de parásitos Tripanosomátideos en poblaciones de *Didelphis marsupialis* (Didelphidae) del corregimiento Brisas del mar, Morroa, Sucre

Autores: Katherine Ayala-Manjarrez^{1*}, Jesús Romero-Martínez¹, Alexander Bedoya-Polo¹, Wendy Zabala-Moterroza¹, Eduar Elías Bejarano¹, Alveiro Pérez-Doria¹

¹Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre. Sincelejo, Sucre

Correo de contacto: kathe-ayala16@hotmail.com

Introducción

Didelphis marsupialis es una especie silvestre con hábitos sinantrópicos, es endémica de Suramérica y el estado de conservación la cataloga en preocupación menor. En los montes de María esta especie presen antecedentes como reservorio de parásitos tripanosomátideos de la familia Trypanosomatidae que incluye los agentes etiológicos de la enfermedad de Chagas y de las leishmaniasis; en municipio de Morroa, se han documentado casos humanos de esta última, pero se desconoce por completo el papel de los vertebrados en ciclo epidemiológico de la enfermedad, lo que motivo el interés por conocer las especies de parásitos que infectan estas poblaciones en el corregimiento Brisas del mar del municipio de Morroa, Sucre.

Metodología

Para la captura de estos didelfidos se implementaron trampas tipo Tomahawk® ubicadas en el área peri y extra domiciliar del corregimiento Brisas de mar. Los animales capturados fueron sedados utilizando ketamina/xilacina (0.06 ml/kg / 0.05ml/kg), se extrajo una muestra sanguínea por punción cardiaca, se realizaron extendidos de sangre periférica; 200 ul de sangre de cada animal fueron inoculados medio bifásico NNN/RPMI, se guardó una muestra de suero sanguíneo y sangre completa para análisis serológicos y moleculares. se tomaron medidas morfométricas y se les realizo marcaje.

Resultados

A la fecha se han capturado 13 individuos (siete hembras y seis machos), dos fueron recapturados, a partir de uno se de estos se logró aislar una cepa de parásitos tripanosomátideos 1,3% (1/13). Los parásitos aislados serán tipificados con base en la secuencia del gen SSU rARN.

Conclusión

Se logró comprobar la presencia de parásitos del género *Trypanosoma* en *D. marsupialis*, siendo este el primer registro de tripanosomátidos circulando en el área rural de corregimiento Brisas del mar.

Grado de severidad por escala San Elián en pacientes diabéticos con úlceras en pie, según hemoglobina glicosilada, agentes etiológicos aislados y sus perfiles de resistencia, que consultaron en el 2018 en la IPS Camino suroccidente

Autores: Jhonny Jesús Patiño Patiño^{2*}, Elber Osorio Rodríguez², Eddie Alexander Sajona Nieves², Isaac Mendoza Morales², Javier Meza Rosado², Martin Rosado Cabrera², Carlos Beltrán Sánchez¹, Lucila Gómez Rodríguez¹, Alberto Henríquez Fuentes³, Carlos Tejeda Pérez³, Edwin Guevara Romero⁴

¹Investigadores Grupo Caribe en Enfermedades Infecciosas y Resistencia Microbiana.

¹Semillero de Investigación SIBMEI. ³Investigador grupo Medicina Traslacional Universidad metropolitana.

⁴Docente del programa de bacteriología y epidemiólogo.

Correo de contacto: jjpp0097@gmail.com

Introducción

Las úlceras de pie diabético son la causa más frecuente de morbilidad, hospitalización y amputaciones en pacientes con DM tipo 2. La clasificación San Elián permite identificar: compromiso tisular, extensión y grado de infección; de allí la importancia de establecer por esta escala en pacientes diabéticos con úlceras en pie, el grado de severidad, la hemoglobina glicosilada (HbA1C) y el agente etiológico aislado y su perfil de resistencia.

Materiales y métodos

Estudio descriptivo de corte transversal, realizado en 2018 en la IPS Mi Red Camino Sur occidente. Siguiendo los protocolos definidos por el equipo de investigadores, en una primera fase del estudio se clasificaron 38 pacientes según Escala San Elián en los grados de severidad I, II y III, a todos se le realizó la prueba de HbA1C y según tipo de lesión, se tomaron las muestras para análisis microbiológico. Para la identificación de agentes bacterianos y su respectiva prueba de susceptibilidad se utilizó el equipo BD Phoenix™ con un software experto que considera los puntos de corte del CLSI 2018.

Resultados

De los 38 pacientes estudiados, según, escala San Elián el 73,7% (26) fueron clasificados en un grado de severidad II y el 26,3%(10) en grado III. Todos tuvieron valores de HbA1C > de 7,5% y los agentes etiológicos más frecuentemente aislados fueron Gram (-) en un 75% de los cuales la *E. coli*, *Proteus mirabilis* y *K. pneumoniae* fueron los de mayor frecuencia y los Gram (+) un 25%, siendo el *Staphylococcus aureus* el más prevalente. De las gram positivas, el 62,5% fue resistente a Oxacilina y el 25% resistencia a clidamicina/eritromicina. En las gram negativas 26,7% expresaron el fenotipo Productor Potencial de Carbapenemasas(PPC), 13,3% ampC y 6,7% ESBL.

Conclusiones

El hallazgo de pacientes con grado de severidad II y III denotan que acuden a la consulta tardíamente. Los datos de HbA1C evidencian un inadecuado control metabólico. La alta resistencia expresada por los agentes etiológicos aislados sugiere la necesidad del cultivo microbiológico.

Búsqueda de microorganismos con potencial capacidad de detoxificación de Ni, Pb y Hg provenientes de manglares de la Ciénaga de la Virgen (Cartagena de Indias)

Autores: Juan Camilo Correa Moreno¹, Carolina Rubiano Labrador^{1*}

¹Universidad Tecnológica de Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación de Estudios Químicos y Biológicos. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: drubiano@utb.edu.co

Introducción

Cartagena de Indias cuenta con la Ciénaga de la Virgen, conocido por ser uno de los humedales costeros más importantes de Colombia, conformado principalmente por ecosistemas de manglar con alto contenido de nutrientes y materia orgánica, capaces de estabilizar las costas y brindar diversos servicios ecosistémicos. Sin embargo, en la actualidad la Ciénaga se encuentra contaminada por la presencia de metales pesados como consecuencia de las diversas actividades humanas que se desarrollan en su periferia. Es por esto que el objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar bacterias resistentes a metales presentes en los manglares de la Ciénaga de la Virgen y determina su capacidad de tolerar diversas concentraciones de estos metales para su implementación en aplicaciones biotecnológicas.

Materiales y Métodos

Inicialmente se realizó el aislamiento de los microorganismos provenientes de los sedimentos, hojas y raíces de los manglares *Avicennia germinans* y *Conocarpus erecta* en medio agar LB suplementado con Ni (1M), Hg (3 g/mL) y Pb (100 mg/L). Posteriormente se realizó la caracterización fenotípica de las cepas aisladas para finalmente evaluar la máxima concentración tolerable por los microorganismos de manglar a estos contaminantes ambientales.

Resultados

Hasta la fecha han sido aisladas, y caracterizadas 11 cepas provenientes de los manglares *Avicennia germinans* (4) y *Conocarpus erecta* (7), de las cuales 10 cepas han presentado resistencia a Pb y una presento resistencia a Ni.

Conclusión

A partir de los datos obtenidos hasta el momento se determinó la presencia de bacterias tolerantes a metales pesados en los manglares ubicados en la Ciénaga de la Virgen las cuales puede tener potencial biotecnológico para su aplicación en procesos de biorremediación.

Palabras clave: bacterias, biorremediación, biotecnología, contaminación de cuerpos de agua, metales pesados.

Diversidad genética de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a antibióticos carbapenémicos aisladas de la ciudad de Barranquilla y Valledupar

Autores: Karla Oñate^{1*}, Mario Salazar¹, Yina García², Mirna Campo², Alveiro Pérez², Javier Escobar³, Alfonso Bettin².

¹Universidad Metropolitana. Candidato a Magister en microbiología, Barranquilla, Atlántico

²Universidad Metropolitana. Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades de Tipo Infeccioso y Resistencia Microbiana, Barranquilla, Atlántico.

³Universidad El Bosque. Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Bogotá, Cundinamarca.

Correo de contacto: carlainesonate@gmail.com

Introducción

Klebsiella pneumoniae es la primera causa de infecciones asociadas al cuidado de la salud (IAAS). Puede portar plásmidos que les confiere la capacidad de producir carbapenemasas, confiriendo resistencia a múltiples antibióticos y a su vez facilita su diseminación a otras enterobacterias y a otros bacilos no fermentadores. Actualmente en nuestra región, se desconoce si las cepas circulantes son clones únicos o por el contrario no poseen relación genética entre ellas. El objetivo del estudio fue determinar la diversidad genética de cepas de *K. pneumoniae* resistentes a antibióticos Carbapenémicos aislados en Barranquilla y Valledupar.

Metodología

Entre el año 2016 y 2018 se recolectaron 30 cepas de *K. pneumoniae* procedentes de diferentes IPS. A todas se les confirmó su resistencia a carbapenémicos mediante pruebas de Concentración Inhibitoria Mínima (CIM) y secuenciación de genes de carbapenemasas. La diversidad genética y relaciones clonales se realizó mediante Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE). Mediante el software GelJ v20.

Resultados

El 76,6% (n=23) de las cepas de *K. pneumoniae* fueron de Barranquilla y 23,3% (n=7) de Valledupar. Se obtuvieron 24 pulsotipos, lo que indicó una diversidad alta (80,0%). 19 cepas fueron pulsotipos únicos, con porcentajes de similitud entre ellos inferiores a 80,0%. Cinco pulsotipos agruparon 9 cepas con similitud del 100%: uno de Barranquilla (dos cepas), dos de Valledupar (dos cepas) y dos de ambas ciudades (un pulsotipo de dos y otro de tres cepas).

Conclusiones

Se observó un alto grado de diversidad de clones en *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos, lo que indica que en Barranquilla y Valledupar probablemente están circulando cepas tanto hospitalarias como comunitarias relacionadas con brotes asociados a IAAS. Solo un 20,8% de las cepas se agruparon en pulsotipos.

Palabras clave: *klebsiella pneumoniae*, electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE), resistencia, carbapenémicos, carbapenemasas.

Construcción de un mapa genético de un plásmido de *Alicyclobacillus acidocaldarius*

Autores: Laura Carrillo¹, Katherine Escorcía¹, Elwi Machado¹

¹Universidad Simón Bolívar. Grupo Bio-organizaciones. Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: laumarce081307@gmail.com

Para el desarrollo de investigaciones con alto potencial biotecnológicos, actualmente se encuentran disponibles un sin número de herramientas bioinformáticas que permiten disminuir los tiempos de investigación e inversión, estas herramientas literalmente han revolucionado la microbiología, permitiendo modelar y/o construir el mapa genético de un microorganismo, con la finalidad de entender y dimensionar su potencial biotecnológico.

Alicyclobacillus acidocaldarius, es una bacteria gran positivas, extremófila con la capacidad de soportar altas temperaturas y presiones, bacterias con estas características son interesante desde el punto de vista industrial, ya que poseen múltiples enzimas termófilas codificadas en su genoma.

Es por tanto que para la realización de este estudio, se obtuvo la secuencia de 285.695pb del plásmido de *Alicyclobacillus acidocaldarius* la cual fue obtenido de la base de datos del Centro Nacional para la Información Biotecnológica, el formato fasta en inicio fue analizado con el servidor MSN DNA y el programa ORFfinders para buscar los marcos de lectura abierta codificadores de proteínas presentes, teniendo en cuenta parámetros de corte como longitudes superiores 900 pb y porcentaje de identidad y cobertura superior a 80%, de los cuales se encontraron 115, también se tuvieron en cuenta las características fisicoquímicas de la proteínas con potencial uso en la industria (pH y temperatura optima), lo anterior con la finalidad de sugerir optimizaciones en procesos productivos, para la caracterización se usó las bases de datos como BRENDA y Kegg, por último se usó el programa CG View para generar el mapa del plásmido.

Caracterización de bacterias psicrófilas productoras de enzimas hidrolíticas de La Península Byers (Antártica) para su potencial uso en el tratamiento de aguas residuales

Autores: Alba María García Lazaro¹, Lilia Maria Ward Bowie¹, Rosa Acevedo Barrios¹, Carolina Rubiano-Labrador^{1*}

¹Universidad Tecnológica de Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación de Estudios Químicos y Biológicos. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: drubiano@utb.edu.co

La Antártica es un continente particular ya que tiene una amplia gama de variables climáticas, siendo uno de los ambientes más extremos en la Tierra, presenta características ambientales y fisicoquímicas que permiten el desarrollo de una biodiversidad única adaptada para vivir en esas condiciones. Entre esta diversidad se encuentra una gama de microorganismos que crecen a bajas temperaturas, denominados microorganismos psicrófilos. Estos microorganismos han superado barreras claves inherentes a ambientes permanentemente fríos, y las estrategias que utilizan para superar dichas barreras pueden ser potenciales para ser explotados en el campo de la biotecnología. En el caso particular de la península Byers, al ser la mayor región de la Antártica marítima sin estaciones de hielo, posee una gran cantidad de lagos, lagunas y arroyos con una significativa diversidad bacteriana, además esta península ha sido establecida como un área especialmente protegida de la Antártica debido a sus valores geológicos, arqueológicos, naturales y biológicos, siendo este un lugar estratégico para el estudio de las bacterias psicrófilas. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar bacterias psicrófilas de la península Byers (Antártica) con actividad enzimática hidrolítica para su uso potencial en el tratamiento biológico de aguas residuales. El desarrollo de este estudio se realizó en tres fases: (i) aislamiento de bacterias psicrófilas empleados diferentes fuentes de carbono, (ii) caracterización fenotípica, bioquímica y molecular de las cepas aisladas, y (iii) evaluación de la actividad enzimática hidrolítica (amilolítica, lipolítica, celulolítica y proteolítica) de las cepas aisladas. A partir de este estudio se logró el aislamiento de 10 cepas bacterianas psicrófilas, aerobias, quimioorganotroóficas provenientes de la península de Byers, de las cuales, por medio de secuenciación de DNA, se han identificado dos cepas que están relacionadas con las especies *Janthinobacterium svalbarden* y *Pseudomonas fluorescens*. En cuanto a su capacidad de producción de enzimas hidrolíticas se determinó que 5 cepas poseen actividad amilolítica, 3 cepas poseen actividad celulolítica y una posee actividad proteolítica. Los resultados obtenidos en este estudio evidencian el potencial biotecnológico de las bacterias psicrófilas aisladas de los sedimentos marinos de la península de Byers (Antártica) para ser utilizadas en el tratamiento biológico de aguas residuales.

Palabras clave: antártica, actividad enzimática, celulasas, ecosistemas fríos, lipasas, proteasas, psicrófilos.

Aislamiento de *Burkholderia* spp. del arroz cultivado en zonas arroceras de Colombia

Autores: Liliana, Rojas C.^{1*}, Ángela, Cajiao P.^{1*} Liliana, Vega T.²

¹Universidad de Pamplona. Docente, Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología -GIMBIO. Pamplona, Norte de Santander.

²Universidad de Pamplona. Estudiante, Facultad de Ciencias Básicas, Semillero de Investigación en Microbiología y Biotecnología -SIMBIO. Pamplona, Norte de Santander.

Correo de contacto: angelacajiao@unipamplona.edu.co, olrojas@unipamplona.edu.co

El arroz es una planta monocotiledónea perteneciente a la familia de las gramíneas. Su cultivo proviene de las regiones húmedas de Asia tropical y subtropical. *Oryza sativa* es la especie de mayor consumo. Su grano corresponde al segundo cereal más producido del mundo. El presente estudio se realizó con el objetivo de aislar *Burkholderia* spp. del arroz cultivado en algunas zonas arroceras de Colombia (departamentos del Meta, Casanare y Norte de Santander). Se analizaron 19 muestras de arroz mediante el protocolo de aislamiento tradicional, estableciendo características bioquímicas de las bacterias aisladas. Se logró identificar tres tipos de microorganismos pertenecientes a las familias *Pseudomonadaceae*, *Sphingomonadaceae* y *Burkholderiaceae*, se obtuvo un aislamiento del 78,73% de microorganismos del total de muestras analizadas, en el cual 7,69% correspondió a *P. fluorescens/putida*, 49,26% a *Sphingomonas paucimobilis* inicialmente clasificada como *Pseudomonas paucimobilis* y 8,28% se identificó como *Burkholderia cepacia*. La relevancia de este tipo de estudio radica en que *Burkholderia* spp. ha evolucionado adquiriendo resistencia a los plaguicidas, debido a la impermeabilidad de la membrana externa y a la presencia de enzimas modificantes, que están relacionados con el catabolismo de degradación microbiana de los plaguicidas, compuestos aromáticos, hasta captura de metales pesados.

Palabras clave: *burkholderiaceae*, *oryza sativa*, *pseudomonadaceae* y *sphingomonadaceae*.

Caracterización de la microbiota en las diferentes etapas de un cultivo de ajo (*Allium sativum*) en pamplona- norte de Santander: microorganismos productores de metabolitos secundarios

Autores: Rojas L¹, Vega L², Márquez A², Sánchez E²

¹Universidad de Pamplona. Docente, Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación en Microbiología y Biotecnología –GIMBIO. Bucaramanga, Pamplona, Norte de Santander.

²Universidad de Pamplona. Estudiantes, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Pamplona. Semillero de Investigación en Microbiología y Biotecnología -SIMBIO-. Bucaramanga, Pamplona, Norte de Santander.

Correo de contacto: olrojas@unipamplona.edu.co, liliana.vega@unipamplona.edu.co

La fertilización biológica de las plantas es realizada en condiciones naturales, el suelo le suministra normalmente todos los nutrientes que requieren. El suelo, algo que parece muy inerte, se puede considerar en su conjunto como un ser vivo. Gracias a la vida que encierra se pueden llevar a cabo los procesos necesarios para poner a disposición de las plantas sus nutrientes a partir de la base mineral que lo constituye y la materia orgánica que llega a él en forma de residuos vegetales o animales. Unos diez mil millones de bacterias por gramo de suelo se encargan, junto con hongos y protozoos, de, además de transformar dichos residuos, poner a la mejor disposición de las plantas el nitrógeno, fósforo, azufre y microelementos que contienen y que sin su concurso no serían asimilables. Mejorando la producción y rendimiento de la cosecha. El presente estudio se realizó con el objetivo de caracterizar la rizosfera de muestras de cultivo de ajo (*Allium sativum*) obtenidas durante las diferentes etapas de desarrollo, provenientes del vivero de la Universidad de Pamplona, Norte de Santander – Colombia, y el aislamiento de microorganismos productores de metabolitos secundarios. Se realizaron 3 muestreos correspondientes a las distintas fases de desarrollo (Fase vegetativa, bulbificación, y maduración) en donde se analizó la población de microorganismos (bacterias, mohos y levaduras) presentes en cada muestreo, la concentración de microorganismos funcionales (Amilolíticos, celulolíticos, nitrificantes y desnitrificantes) en UFC/g y se evaluó la actividad antibacteriana y antifúngica de hongos aislados. Se estableció la concentración de microorganismos en cada etapa de desarrollo obteniéndose mayor población de bacterias que de hongos. Se determinó la relación existente entre los microorganismos funcionales y la etapa de desarrollo de la planta y la captación de nutrientes. Se pudo determinar la producción de metabolitos secundarios por parte de *Penicillium* spp., y *Aspergillus* spp., frente a microorganismos Gram positivos.

Palabras clave: ajo, antibacteriana, antifúngica, microorganismos funcionales.

Vigilancia epidemiológica revela la presencia de vectores infectados con parásitos tripanosomátideos en la vereda Pua, Arroyo de Piedra, Cartagena, Bolívar

Autores: Maira Alemán-Santos^{1*}, Luis Cortés-Alemán², Eduar Elías Bejarano¹, Alveiro Pérez-Doria¹

¹Universidad de Sucre. Investigaciones Biomédicas. Sincelejo. Colombia. ²Unidad de Entomología. Laboratorio de Salud Pública Departamental, Secretaría de Salud de Bolívar. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: mairaaleman44@gmail.com

Introducción

En Colombia, la leishmaniasis constituye un importante problema de salud pública en gran parte del territorio. En la región Caribe la mayor incidencia de casos se registra en el departamento de Bolívar, donde se han detectado nuevos microfocos de la enfermedad, incluida la ciudad de Cartagena de Indias, capital del departamento. La descripción de estos nuevos brotes motivó el interés por hacer una caracterización entomológica de los flebotomíneos presentes en la vereda Pua, zona rural del corregimiento Arroyo de Piedra.

Materiales y métodos

Para la captura de insectos flebotomíneos asociados a la transmisión se utilizaron trampas de luz emitidas por diodos tipo CDC. Los flebotomíneos capturados fueron identificados con claves taxonómicas, el resto de las estructuras fue empleado para detectar el ADN de parásitos tripanosomátideos, taxón que agrupa al género *Leishmania*. Para esto se realizó PCR de la región conservada del minicírculo y de la región ribosomal V7V8. Adicionalmente se tomó muestra de sangre a diez caninos para el diagnóstico de leishmaniasis canina mediante pruebas rápidas.

Resultados

Lutzomyia evansi fue la especie más abundante con el 76% de los ejemplares colectados (N: 19/25), además se encontró a *Lu. gomezi* 4% (N= 1/25) y *Lu. trinidadensis* 4% (N= 1/25). La frecuencia mínima de infección de *Lu. evansi* con parásitos tripanosomátideos fue del 5.2 % (N: 1/19). Las pruebas rápidas arrojaron un resultado negativo en todos los caninos.

Conclusiones

Aunque no se encontraron caninos infectados en la vereda Pua, la presencia de flebotomíneos infectados con especies del género *Leishmania* demuestra la circulación del parásito en los potenciales vectores, por lo tanto, su presencia constituye un riesgo potencial de transmisión para las poblaciones humanas y evidencia la importancia de la vigilancia entomológica para la prevención oportuna de la leishmaniasis.

Palabras clave: infección natural, *Leishmania*, *Lutzomyia*.

Selección de microorganismos lipolíticos y otras actividades, aislados de aguas residuales de cafeterías USB

Autores: María Alejandra Ibarra-Gómez^{1*}, Mercedes Isabel Martínez-Angarita¹, Gustavo Eugenio-Echeverri Jaramillo.²

¹Universidad de San Buenaventura. Grupo de Estudio Biotecnología Microbiana. Programa de Bacteriología. Cartagena, Bolívar.

²Universidad de San Buenaventura-Docente Investigador del Grupo de Investigación Microbiología y Ambiente, GIMA. Coordinador Grupo de Estudio Biotecnología Microbiana. Programa de Bacteriología. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: mariaa6932@gmail.com

Introducción

Las aguas residuales de restaurantes presentan materia orgánica como grasas, proteínas y carbohidratos, que conllevan a problemas de contaminación, obstrucción de alcantarillas, entre otros, lo que las hace interesante para el aislamiento de microorganismos con potencial de degradar estos compuestos. Su actividad enzimática, puede usarse en Biotecnología Ambiental, en biorremediación de aguas, permitiendo mitigar la contaminación hídrica y encrustamientos lipídicos en alcantarillados. El grupo investigador, se propuso seleccionar microorganismos hidrolíticos, aislados de alcantarillados de cafeterías en USB-CTG, para probar en una siguiente fase, su eficiencia en la depuración de aguas residuales.

Materiales y métodos

Se recolectaron 2 muestras de agua residual-material en paredes de alcantarillado de dos cafeterías, llevadas en bolsas herméticas para su procesamiento. Se prepararon caldo y agares con sales y fuentes de carbono (leche-almidón-huevo-aceite). De cada muestra se tomó 1ml cultivándose en 9ml de caldo a 25-28°C por 72 horas. Una vez se evidenció crecimiento se aislaron microorganismos repicando 100ul en agar Cetrimide-MacConkey-Saboureaud+cloranfenicol-NaCl al 2%). Las colonias purificadas se subcultivaron en medios mineralizados selectivos leche-yema huevo-almidón (pH 5, 7 y 9), con el fin de evidenciar actividad enzimática, así como también se repicaron en medio mineral con aceite de oliva-indicador, para observar su comportamiento lipolítico al cambiar color.

Resultados

Hubo gran crecimiento en caldo, aislando 14 morfotipos a partir de agares (Cetrimide-MacConkey-Saboureaud+cloranfenicol-NaCl 2%). En agares selectivos se evidenció degradación de almidón en todos (pH5 y 9), 4 aislamientos con actividad proteolítica (pH5 y 7) y 5 aislamientos con actividad lipolítica. Al reafianzar actividad lipolítica en caldo y agar con aceite-indicador, se amplió el grado de positividad.

Conclusión

Se aislaron de aguas residuales-paredes de alcantarilla, microorganismos con capacidad hidrolítica, que podrán ser estudiados en procesos de biorremediación, generando gran interés en Biotecnología Ambiental.

Palabras clave: aguas residuales; microorganismos hidrolíticos; alcantarillado; biotecnología microbiana.

***Bacillus cereus* en alimentos elaborados en cafeterías de una universidad de Cartagena**

Autores: Campo-Gómez María Fernanda^{1*}, Daza-Zambrano Estefani Paola¹, Franco -Anaya, Piedad¹, Orozco-Ugarriza, Mauricio E¹.

¹Universidad de San Buenaventura, Cartagena, Facultad de Ciencias de la Salud, Grupo de investigación GIMA-Semillero de investigación Ciencias de la Salud SICS- Cartagena, Colombia.

Correo de contacto: mafercampo-500@hotmail.com

Introducción

Bacillus cereus es un bacilo Grampositivo formador de esporas, generalmente presente en pequeñas cantidades, en algunos alimentos como el arroz y los guisos. A pesar de la cocción, en diversas circunstancias inapropiadas de enfriamiento y refrigeración esta bacteria es capaz de esporular y reproducirse rápidamente. Además, puede sobrevivir a la pasteurización y el calentamiento realizados para la eliminación de los agentes patógenos de los alimentos.

Objetivo

Determinar presencia de *Bacillus cereus* aislados de alimentos tipo cereal y proteico en cafeterías de una universidad de la ciudad de Cartagena.

Metodología

El presente estudio es de enfoque cuantitativo observacional, descriptivo transversal. Se desarrolló mediante 2 etapas; la primera etapa con un acercamiento a la población y la segunda con una toma de muestra de lunes a viernes en un lapso de 3 semanas, se tomaron 200 gr de cada alimento para obtener una cantidad significativa de todo el lote de producción del día, las muestras fueron llevadas al laboratorio correspondiente, donde se realizó un análisis microbiológico para recuento en placa de *Bacillus cereus*. Además, se realizaron controles de calidad microbiológica al área de siembra, materiales, insumos y reactivos.

Resultados

Se tomaron 30 muestras en cada cafetería, 15 de proteína y 15 de arroces, de estos se aislaron en total 13 cepas de *B. cereus* (22%), de los cuales 9 muestra (69%) pertenecían a proteínas preparadas en guisos, y 5 muestras (31%) correspondían a arroces.

Conclusión

Los alimentos proteicos guisados obtuvieron un mayor porcentaje de positividad (69%) mientras que los arroces con un menor porcentaje (31%). Asimismo, la cafetería número 2 obtuvo más porcentajes de alimentos contaminados con *Bacillus cereus* en comparación con la cafetería número 1.

Palabras clave: *Bacillus cereus*, análisis microbiológico, patógeno, DeCS

Frecuencia de parásitos y factores ambientales relacionados en la arena de playa del corregimiento insular de caño del oro Cartagena-Bolívar

Autores: Morales-Aleans Marina^{1,2}, Orozco-Ugarriza Mauricio^{1,2}, Plaza María José^{2*}

¹Universidad de San Buenaventura Seccional Cartagena.

Grupo de Investigación Microbiología & Ambiente “GIMA”. Cartagena, Bolívar

² Universidad de San Buenaventura. Semillero de Investigación en Ciencias de la Salud “SICS”.
Facultad de Ciencias de la Salud. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: mria1412@hotmail.com

Las playas son un depósito de sedimentos no consolidados que varían entre arena y grava, representan un espacio de recreación y esparcimiento que son frecuentadas por una alta concentración de personas durante todo el año, situación que las consideran como un área de riesgo para la transmisión de enfermedades al hombre a través del agua y la arena, en Cartagena se disfruta de una gran variedad de playas, la mayoría con un atractivo turístico que son frecuentadas por una cantidad de usuarios, lo cual se convierte en un factor de riesgo para el ser humano en la transmisión de microorganismo en este caso parásitos. La comunidad de Caño del Oro es un corregimiento insular cercano a Cartagena, ubicado en la isla de Tierra Bomba, que se caracteriza por ser una zona menos concurrida por los turistas, puesto que no es identificado como destino turístico, sino que por el contrario sus actividades económicas se ven más alineadas a la pesca y agricultura; las actividades de los pobladores así como fuentes externas como es el canal del Dique, influyen de forma directa en el ecosistema de la isla, deteriorando el paisaje del área, como consecuencia de la acumulación de residuos sólidos y vertederos incontrolados, mostrando el vacío de conocimiento que tienen los nativos en la educación ambiental y la falta de protocolos en la disposición de residuos sólidos, a lo cual se debe sumar la ausencia de prestación de servicios de aseo y dotación de contenedores o canecas donde depositar los residuos; así mismo este corregimiento no cuenta con el servicio de agua potable y servicio de alcantarillado atenuante que a nivel de salud pública es de suma importancia.

De acuerdo con este contexto de investigación surge la siguiente pregunta. ¿Cuál es la frecuencia de parásitos y el comportamiento de los factores ambientales relacionados con la ocurrencia de estos en la playa del corregimiento insular de caño del Oro?

Con el objetivo de determinar la frecuencia de parásitos en arena y el comportamiento de los factores ambientales relacionados con la ocurrencia de estos en la playa del corregimiento insular de caño del oro, se realizó un estudio observacional, descriptivo, longitudinal, en el cual se tomaron 192 muestras de arena de diferentes puntos representativos de la costa litoral de la isla, el muestreo se llevó a cabo en forma lineal cada 5 metros tomando dos tipos de arena seca y húmeda, en horario matutino y horario vespertino; procesándose mediante la técnica de Willis-Molloy modificado (NaCl saturado), los sedimentos se observaron a 10x y 40x en el microscopio, encontrándose 185 (86.56%) muestras contaminadas de las 192 analizadas y las cuatro playas (100%) presentaron al

menos una muestra positiva. Concluyendo que el parásito más frecuente fue *Toxocara* sp. seguido por *Trichuris vulpi* y *Ascaris lumbricoides* en estadio de huevos y por último *Strongyloides stercoralis* acompañado de *Ancylostoma duodenale* en estadios de larva, determinando que la contaminación presente en la isla de Caño del Oro es más de tipo zoonótica que antropogénica, siendo el sector de playa más contaminado el punto 3 debido a que esta playa es de uso recreativo por los habitantes de la isla, así pues concurren con frecuencia personas que contaminan la costa con residuos e incluso con las heces de sus mascotas, así mismo se halla los otros punto 1, 2 y 4 que a pesar de no tener una alta concentración de parásitos a comparación del punto 3 nos señala que todo el área de Caño del Oro se encuentra contaminada por lo tanto no es apta para el uso recreativo convirtiendo el área en una zona de riesgo para la transmisión de patologías al ser humano debido a su elevada carga parasítica.

Palabras clave: microbiología ambiental, helmintos, exposición de riesgo ambiental, contaminación de playas.

Inesperado hallazgo de *Trypanosoma (Herpetosoma) rangeli* (Kinetoplastea, Trypanosomatidae) en *Didelphis marsupialis* (Didelphimorphia, Didelphidae) de los Montes de María, El Carmen de Bolívar (Bolívar-Colombia)

Autores: Marlon Mauricio Ardila Chávez^{1,2,3*}, Yeisson David Cera Vallejo², Daisy Johana Lozano Arias³, Roberto José García Alzáte^{2,3}, Alveiro Pérez-Doria⁴

¹Universidad del Atlántico. Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales, GICMARA. Puerto Colombia,

²Universidad del Atlántico. Ciencia, Educación y Tecnología, CETIC. Puerto Colombia

³Fundación Universitaria San Martín. Facultad de Ciencias de la Salud. Puerto Colombia

⁴Universidad de Sucre. Grupo Investigaciones Biomédicas. Sincelejo, Sucre

Correo de contacto: biomardila@gmail.com

Introducción

Trypanosoma rangeli es un hemoflagelado que se presenta en simpatria con *T. cruzi*, ambos comparten hospederos y antígenos de superficie. Se ha propuesto que tiene un efecto inmunomodulador de la patogénesis de la infección de *T. cruzi* y por tanto es común encontrar infecciones mixtas en sus hospederos, pero estas interacciones son pobremente entendidas y casi totalmente desconocidas. Considerando los antecedentes epidemiológicos y los avistamientos de *Didelphis marsupialis* en zona rural de El Carmen de Bolívar, en este estudio se determinó la frecuencia de infección por *T. cruzi* y *T. rangeli* en estos vertebrados.

Materiales y Métodos

Fueron recolectados ejemplares de *D. marsupialis* empleando trampas Tomahawk en la vereda El Alférez (El Carmen de Bolívar, Bolívar). A cada animal se le determinó medidas corporales, sexo y edad; se extrajo sangre por cardiopuntura, previa sedación, para posterior marcaje y liberación. La sangre fue cultivada en medio bifásico NNN/RPMI. Los cultivos positivos a hemoflagelados, fueron caracterizados genéticamente con base en la secuencia de la región V7V8 del gen que codifica para la fracción ARNr 18S y la secuencia del gen que codifica para la glicosomal gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa.

Resultados

Se capturaron 32 ejemplares de *D. marsupialis* (62,5% hembras/37,5% machos). Se obtuvieron 18 cepas de parásitos tripanosomatídeos (56,25%); 10 correspondieron a *T. rangeli* (31,25%) y el resto a *T. cruzi*. Cuatro individuos presentaron coinfección.

Conclusiones

La presencia de *T. rangeli* en poblaciones de *D. marsupialis*, constituye el primer registro de esta especie en El Carmen de Bolívar. El contraste entre la frecuencia de infección con *T. rangeli* y *T. cruzi* indica la existencia de relaciones de tipo antagónico o sinérgicas. La aplicación de técnicas de biología molecular a la identificación de *T. cruzi* y *T. rangeli*, permite superar los problemas de reacción cruzada que presenta el diagnóstico y la identificación de estos microorganismos.

Palabras clave: Bolívar, Colombia, *didelphis marsupialis*, El Carmen de Bolívar, infección natural, *Trypanosoma rangeli*, *T. cruzi*,

Caracterización cultivo-dependiente de bacterias de sedimentos de manglares de la Ciénaga de la Virgen (Cartagena de Indias) con potencial para biorremediación y tratamiento de aguas residuales

Autores: Melissa Andrea Gutiérrez Franco¹, Andrea del Carmen García Ruíz¹, Rosa Acevedo Barrios¹, Carolina Rubiano-Labrador^{1*}

¹Universidad Tecnológica de Bolívar. Facultad de Ciencias Básicas. Grupo de Investigación de Estudios Químicos y Biológicos. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: drubiano@utb.edu.co

Los manglares son ecosistemas ubicados en litorales tropicales que pueden vivir en ambientes acuáticos o terrestres y se caracterizan por albergar una gran diversidad microbiana que cumple funciones esenciales para el funcionamiento y mantenimiento de este ecosistema. Las condiciones de crecimiento a las cuales están sometidos estos microorganismos les confieren características de adaptación que pueden ser aprovechadas. Por lo tanto, la diversidad microbiana presente en los manglares representa un reservorio para posibles aplicaciones biotecnológicas. Teniendo en cuenta que en Cartagena los manglares representan un ecosistema estratégico el propósito de este estudio fue caracterizar bacterias con potencial uso en biorremediación y tratamiento de aguas residuales presentes en sedimentos de manglares de la Ciénaga de la Virgen, Cartagena. La metodología para alcanzar el objetivo se desarrolló en tres etapas: (i) aislamiento de bacterias de sedimentos de los manglares *Avicennia germinans* y *Conocarpus erectus* evaluando tres estrategias de aislamiento: medio básico de sales (MBS), medio agua de mar (MAM) y agar LB (LB), (ii) caracterizaron fenotípica y bioquímicamente de las cepas aisladas, y (iii) evaluación del potencial biotecnológico enfocado a actividad enzimática, resistencia a metales pesados y capacidad de reducción de perclorato. Los resultados obtenidos determinaron que los medios MBS y MAM son medios ideales para la recuperación de estas bacterias. Asimismo se determinó que *Bacillus* fue el género bacteriano predominante. La evaluación del potencial biotecnológico reveló que el 89% de las cepas aisladas presentaron actividad amilolítica y el 74% actividad proteolítica. Igualmente, se detectó que el 63% de las cepas aisladas son resistentes a Pb y el 16% a Ni. Además, se determinaron porcentajes de reducción de perclorato de hasta el 25%. Este estudio demostró que los sedimentos de los manglares de Cartagena son una fuente para el aislamiento de bacterias con potencial biotecnológico por su capacidad de producción de enzimas hidrolíticas, resistencia a metales pesados y reducción de perclorato.

Palabras clave: biotecnología, enzimas hidrolíticas, microorganismos.

Microorganismos presentes en reactores de filtro trifásico (Tri-Fafs)

Autores: Milena Pabon^{1*}, Viviana Rozo², Erika Sanchez³, y Ana Márquez^{4*},
Ángela Cajiao⁵, Isaac Maldonado,⁶

Universidad de Pamplona. SIMBIO-GIMBIO^{1,3,4,5} SIAAS-GIAAS^{2,6}. Pamplona, Norte de Santander.

Correo de contacto: milepabon97@gmail.com

Los rellenos sanitarios son generadores de lixiviados, los cuales afectan ecosistemas; debido a que generan productos tóxicos muy elevados, el desarrollo de filtros anaerobios es una gran medida para la degradación de estos lixiviados, gracias a la presencia de diferentes microorganismos; el objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar fenotípicamente cada microorganismo degradador, presente en las tres fases del filtro anaerobio Tri-Fafs en una proporción 10, 10, 80. El lixiviado del reactor Tri-Fafs, fue tomado del relleno sanitario de las afueras de la ciudad de Pamplona, Norte de Santander, se trabajó con las muestras de cada fases del biorreactor, para aislar y caracterizar microorganismos en medios modificados y selectivos, principalmente para bacterias hidrolíticas, acetogénicas y metanogénicas. En el primer aislamiento se obtuvo un diverso crecimiento microbiano en cada una de las fases, donde la fase 1 en medio SPS no se observó la reducción a sulfuro de hidrógenos característico de *Clostridium perfringens* y *Clostridium botulinum*; en la gráfica de cinética se observó una degradación de forma continua, siendo mayor la fase 1; en medios selectivos crecieron microorganismos hidrolíticos en su mayoría bacilos Gram negativos característicos de Enterobacterias y otra biota Bacilos grandes Gram positivos característicos del genero *Bacillus* spp; para los Acetogénicos y Metanogénicos, los medios utilizados nos mostró una biota característica de los géneros presentes. Se concluye que los aislamientos en medios selectivos, permitieron la caracterización efectiva microorganismos Hidrolíticos, Acetogénicos y Metanogénicos, y junto a la cinética de crecimiento continuo nos indicó que las bacterias presentes en el filtro realizaban una efectiva degradación del lixiviado en cada una de las fases del filtro.

Palabras clave: lixiviado, filtro, degradación, cinética.

Modelado molecular entre los fitocompuestos de *Azadirachta indica* y la proteína ftsz de *Pseudomonas aeruginosa*

Autores: Mauricio E. Orozco-Ugarriza¹, Nicole P. Arrieta-Caldera²

¹ Docente investigador Universidad de San Buenaventura. Cartagena, Bolívar.

² Estudiante de bacteriología Universidad de San Buenaventura. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: nicolearrieta151@hotmail.com

Introducción

La resistencia a los antimicrobianos es un importante problema de salud pública. *Pseudomonas aeruginosa* es uno de los principales contaminantes de centros hospitalarios que además expresa diferentes mecanismos de resistencia que pueden llegar a afectar la eficacia de los antibióticos antipseudomónicos de tercera línea, convirtiéndose en un microorganismo de interés para la investigación de nuevos tratamientos antibióticos.

Materiales y métodos

Las Canonical Smiles de los 26 compuestos evaluados se obtuvieron de la base de datos para moléculas Pubchem. A cada fitocompuesto se le realizó evaluación de las propiedades farmacocinéticas (regla 5 de Lipinski) y estimación de la toxicidad utilizando los servidores web Molinspiration, Mcule, ProToxII y pkCSM. La estructura cristalizada de la proteína de división celular ftsZ de *P. aeruginosa* seleccionada como sitio diana para evaluar actividad inhibitoria del crecimiento bacteriano, se obtuvo de Protein Data Bank (RCSB: PDB) ID PDB 2VAW. Se empleó el servidor web Mcule para realizar los acoplamientos moleculares (*Docking*) calculando la energía libre de unión en diferentes puntos de la proteína (sitio activo, bucle T7 y sitio homólogo a taxol).

Resultados

De los 26 fitocompuestos evaluados, cumplen con la regla 5 de Lipinski *azadirona II*, *nimbidiol*, *catequina*, *epicatequina*, *ácido gálico*, *nimbiol*, *isomargolonona*, *margolonona* y *margolona*. Los compuestos con menor toxicidad teniendo en cuenta la Dosis Letal (DL) estimada fueron catequina y epicatequina (DL > 5 mil mg/kg), seguidos de *nimbidiol* y *margolona* (DL entre 2 mil y 5 mil mg/kg). Los compuestos más tóxicos fueron *gedunina* y *deacetilgedunina* (DL entre 50 y 300mg/kg). Los puntajes de acoplamiento más altos (entre -7,8 y -7,9 kcal/mol) se obtuvieron en el sitio activo de ftsZ, los cuales fueron obtenidos por *catequina*, *epicatequina*, *isomargolonona* y *mrgolona*.

Conclusión

Se puede concluir que los compuestos con mejores propiedades farmacocinéticas que además presentan menor toxicidad y mayor afinidad a la proteína ftsZ de *P. aeruginosa* son *margolona*, *isomargolonona*, *margolonona*, *catequina*, *epicatequina* y *azadirona II*. Por lo tanto, se pueden considerar como candidatas para estudios de Mecánica Molecular y posteriormente para evaluación *in vitro*.

Palabras clave. Bacteria, FtsZ protein, Molecular Docking Simulation, *Pseudomonas aeruginosa* (MeSH).

Aislamiento y selección de PGPR en pastos ornamentales de la USB Cartagena, para elaborar un biofertilizante

Autores: Noelia de la Cruz Escudero^{1*}, Laura Vanessa Reyes Romero¹, María Paula Caro Rivera¹, Gabriel de Jesús Herrera Marimón², María José Florián López², Olga García Hernández², Katty de Ávila Álvarez², Gustavo Eugenio-Echeverri Jaramillo³

¹Estudiantes de II Semestre de Bacteriología, Grupo de Estudio Biotecnología Microbiana.

²Estudiantes de IV Semestre de Bacteriología, Curso de Microbiología Ambiental. ³Investigador del Grupo de Investigación Microbiología y Ambiente. Coordinador Grupo de Estudio Biotecnología Microbiana.

Correo de contacto: noedlacruz123@gmail.com

Introducción

El tipo de suelo en el campus de la Universidad de San Buenaventura-Cartagena, conlleva a que se encuentran lugares áridos y agrietados, en donde no hay crecimiento de pastos, mientras que hay ciertas zonas fértiles, con gran variedad de estos, donde pueden encontrarse microorganismos rizosféricos (PGPR), primordiales en el crecimiento de plantas, con funciones para la fijación de nitrógeno y solubilización de potasio y fósforo. Por lo anterior, el grupo investigador partió de 2 muestras de suelos rizosféricos, para el aislamiento y selección de microorganismos con estas funciones, y tener un pool de microorganismos para el desarrollo de un biofertilizante.

Materiales y métodos

En este proyecto se realizó un muestreo de 2 suelos rizosféricos con 2 variedades de pastos en los Bloques A y B de la USB, haciendo diluciones con solución salina estéril para ver ufc/g y en donde se hizo un aislamiento selectivo en Agar W, Agar PK, Agar PP y Agar A, caracterizando morfológicamente colonias y células con la tinción de Gram, y seleccionando morfotipos puros con potencial de fijación de nitrógeno y solubilización de potasio y fósforo, para iniciar el desarrollo de un biofertilizante.

Resultados

Se encontró una mayor carga microbiana en la M2, lo que evidencio el tipo de suelo más húmedo y homogéneo, así como también mayor número de morfotipos con diferentes características morfológicas de colonias, predominando Bacilos Gram Negativos y Positivos; con relación a la selección de microorganismos.

Conclusión

Se pudo demostrar mayor carga microbiana en la M2 y más morfotipos con funciones de fijación N y solubilización de K y P, aunque también hubo morfotipos aislados en la M1, pudiendo tener un pool de estos para iniciar pruebas de eficiencia y desarrollar un buen Biofertilizante.

Palabras clave: biofertilizantes; microorganismos rizosféricos; pastos ornamentales; fijadores de nitrógeno; solubilizadores de K y P. n

Insectos flebotomíneos como herramienta biológica para el diagnóstico de Leishmaniasis canina

Autores: Oscar Pérez Vargas^{1*}, Wilmer Mejía Chimá¹, Matilde Rivero Rodríguez¹, Eduar Elías Bejarano Martínez¹ Alveiro Pérez-Doria¹.

¹Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo, Sucre.

Correo de contacto: oscar.perez.op893@gmail.com

Introducción

En Colombia, el diagnóstico de Leishmaniasis canina (LCan) se basa en métodos serológicos, los cuales conducen a la eliminación concertada de los caninos positivos, aun cuando se desconoce si estos animales son infectivos para los vectores. Para mejorar el diagnóstico y responder a esta pregunta, se utilizó la habilidad natural de los flebotomíneos para infectarse con parásitos del género *Leishmania*.

Materiales y métodos

Se seleccionaron seis caninos con diagnóstico serológico y molecular de leishmaniasis canina y se obtuvo consentimiento informado para la realización del ensayo. Los caninos se anestesiaron con ketamina y xilacina (15:1 mg/kg) y se realizó xenodiagnóstico empleando grupos de 50 a 100 hembras de *Lutzomyia evansi*, las cuales se alimentaron durante 40 minutos. Las hembras ingurgitadas se mantuvieron en cámaras de cría por cuatro días y posteriormente fueron disecadas para analizar el tracto digestivo en busca de parásitos flagelados. Además, los individuos que no sobrevivieron, fueron procesados mediante PCR-ITS-1.

Resultados

En total se disecaron y examinaron 102 hembras de *Lu. evansi* por microscopía. De los seis caninos evaluados, tres fueron infectivos para los insectos por búsqueda microscópica directa, con frecuencias de infección en los flebotomíneos del 3.12 % (n: 1/32), 5.26 % (n: 1/19) y 6.66 % (n: 1/15). Por otra parte, de los 93 insectos muertos post-ingesta, 12 resultaron positivos por PCR-ITS-1 para otros tres caninos, con frecuencias de infección del 20% (2/10), 41.67% (n:5/12) y 13.51%(5/37).

Conclusión

Lu. evansi es un flebotomíneo que puede ser usado como herramienta biológica en el diagnóstico de LCan, dado que permite evaluar la infectividad de estos animales bajo condiciones experimentales.

Palabras clave: *Leishmania*, xenodiagnóstico, *Lutzomyia evansi*, PCR-ITS-1

Frecuencia de *Cryptosporidium spp*, y su relación con el estado nutricional según medidas antropométricas en niños de 5-14 años de una Institución Educativa del Difícil - Magdalena

Autores: González Mercado Paola Andrea¹, Bernard Alvarado Lillie Meliza¹, García Hernández María Camila¹, Duarte Brito Salomé¹, García Toscano Yina Paola^{2*}, Gómez Rodríguez Lucila del Carmen², Filott Támara Margarita².

¹Semillero de Investigación del Programa de Bacteriología (SIPBAC), Universidad Metropolitana, Barranquilla

²Grupo Caribe de Investigación en Enfermedades de tipo Infeccioso y Resistencia Microbiana, Universidad Metropolitana, Barranquilla, Atlántico.

Correo de contacto: ginagarcia1007@hotmail.com

Introducción

Cryptosporidium, protozooario intestinal agente causal de criptosporidiosis, que afecta al hombre, ocasionando diarrea aguda con intensidad y duración variable, acompañada de otros síntomas, que varían según edad, estado inmunológico y nutricional. En el primer estudio serológico de *Cryptosporidium spp* realizado en Colombia (1996 – 1998), se encontró una seroprevalencia de 83,3%, indicando la criptosporidiosis como endémica en el país, lo que representa un problema de salud pública. Recientemente la encuesta nacional de parasitismo realizada entre 2012 y 2014 demostró una prevalencia de 0,5% para *Cryptosporidium spp*. El estudio busco determinar la frecuencia de criptosporidiosis en niños de 5-14 años y su relación con estado nutricional.

Materiales y métodos

Estudio descriptivo, transversal, realizado entre septiembre-diciembre 2017. Aplicando técnicas parasitológicas por concentración: Sulfato de Zinc 33% y Ziehl Neelsen modificada. Muestreo por conveniencia: 115 niños de 5 - 14 años. Se realizó un análisis estadístico para establecer frecuencias absolutas y relativas de *Cryptosporidium spp* y de la evaluación nutricional según medidas antropométricas. Análisis bivariado para identificar asociación entre parásitos y estado nutricional.

Resultados

De las 115 muestras analizadas 5 (4,35%) fueron positivas para *Cryptosporidium spp*. Según el indicador talla/edad el 43,63% de los niños fueron clasificados con riesgo de talla baja y talla baja para la edad. El valor p es mayor 0,05: no existe relación estadísticamente significativa entre clasificación nutricional y resultado positivo de *Cryptosporidium spp*.

Conclusiones

Se encontró una frecuencia alta de criptosporidiosis (4.35%), aproximadamente diez veces mayor a la encontrada en la Encuesta Nacional de parasitosis. Con relación al estado nutricional se observó una frecuencia del 43,63% de niños categorizados en riesgo de talla baja y talla baja para la edad, indicadores relacionados con un estado nutricional histórico deficiente. No se demostró, asociación estadísticamente significativa entre la criptosporidiosis y el estado nutricional.

Palabras clave: *Cryptosporidium*, Criptosporidiosis, estado nutricional, Colombia

Diversidad de bacterias rizosfericas asociadas a la raíz de la yuca (*M. esculenta* Crantz) bajo estrés por déficit hídrico

Autores: Valentina Herrera^{1*}, Diana Carolina López Álvarez², Alba Rocío Corrales Ducuara.¹

¹Universidad Santiago de Cali, Valle del Cauca. Grupo de Investigación en Microbiología Industria y Ambiente (GIMIA), Facultad de Ciencias Básicas. Cali, Valle del Cauca.

Correo de contacto: valentina.herrera00@usc.edu.co

La yuca (*M. Esculenta* Crantz) es considerado uno de los cultivos mas importantes en areas, aridas y semiarias del mundo. En la actualidad es la fuente alimenticia para mas de 800 millones de personas en zonas tropicales y subtropicales de africa, asia y america latina. Sin embrago, este cultivo se ha visto afectado por los cambios ambientales adversos como el deficit hidrico. Durante los ultimos años se han estudiado nuevos metodos para incrementar la capacidad de las plantas para tolerar el estrés hidrico, que han sido poco eficaces. En este sentido estudiar la diversidad bacteriana en plantas es una nueva estrategia para mitigar los efectos negativos causados por el estrés abiotico. El objetivo del presente trabajo es caracterizar rizobacterias asociadas a la raiz de la yuca (*M. esculenta* Crantz) bajo estrés por deficit hidrico. plantas de 4 semanas de la variedad TMS60444 (proporcionadas por el CIAT) crecidas en condiciones normales, fueron sometidas a estrés por déficit hídrico durante 30 días. Se tomaron muestras de raíces principal y adventicia al inicio y al final del ensayo. Posteriormente, se realizaron diluciones seriadas 10⁻⁴, 10⁻⁵, 10⁻⁶ y 10⁻⁷, las cuales fueron sembradas en Agar Nutritivo para su posterior identificacion taxonomica, se espera encontrar una gran diversidad bacteriana asociadas a la rizosfera, como las PGPR (Bacterias promotoras del crecimiento vegetal) las cuales interactuan con los sistemas de raíces en las plantas y pueden ayudar de manera positiva a mitigar el estrés por déficit hídrico.

Estudio de microorganismos marinos de la bahía de Cartagena con capacidad de biorreducir cromo hexavalente para tratamiento de aguas residuales

Autores: Yordán Andrés Sáez Petro^{1*}; Andrés Camilo Escorcía Herrera²; Gustavo Eugenio-Echeverri Jaramillo³; Laura Sofía Ramírez Wilches.⁴

¹Universidad de San Buenaventura. Semillero SIBIAM. Facultad Ing. Química. Cartagena, Bolívar.

²Universidad de San Buenaventura. Semillero SIBIAM. Facultad Ing. Química. Cartagena, Bolívar.

³Universidad de San Buenaventura-Docente Investigador del Grupo de Investigación Microbiología y Ambiente, GIMA. Coordinador Grupo de Estudio Biotecnología Microbiana. Programa de Bacteriología. Cartagena, Bolívar.

⁴Universidad de San Buenaventura-Docente Investigadora. Coordinadora Semillero SIBIAM. Facultad Ing. Química. Cartagena, Bolívar.

Correo de contacto: yoandres18@gmail.com

Introducción

El Cromo hexavalente es un metal pesado de alto impacto ambiental, generado por diferentes procesos productivos, contaminando aguas residuales y acuíferos. La búsqueda de microorganismos en ambientes salinos con capacidad de biorreducción de cromo hexavalente (Cr^{6+}) a Cromo trivalente (Cr^{3+}), permite una alternativa al uso de procesos biotecnológicos, disminuyendo su toxicidad. En este estudio, se aislaron microorganismos marinos adaptados a concentraciones altas de cromo hexavalente desde 300 a 1000 ppm, probando su eficiencia en bioprocesos y caracterizando fenotípicamente las bacterias con mayor rendimiento.

Materiales y métodos

Se hicieron aislamientos de bacterias marinas en medios líquidos (Nutritivo-Lee-King-EG) y sólidos (Nutritivo-King) selectivos con bicromato de potasio ($K_2Cr_2O_7$). Se hizo caracterización morfológica y bioquímica con API, conservando colonias y se realizó una primera fase de validación espectrofotométrica para evaluar Cr^{6+} , preparando reactivos y determinando cantidades de muestra y reactivo, así como su linealidad. Para ver la eficiencia de biorreducción, se probaron bacterias más representativas (MM-001-MM-005-MM-007-MM009) en bioprocesos de laboratorio con caldo King y 300 ppm de Bicromato, incubando a 25°C por 5 días y haciendo seguimiento de Cr^{6+} .

Resultados

Se evaluaron los diferentes caldos para el enriquecimiento, siendo el caldo nutritivo y King los mejores, manifestando alta turbidez y crecimiento en corto tiempo; entre los aislados de agua y sedimentos, estos últimos mostraron un crecimiento rápido de 18-24 h; se encontraron bacilos Gram positivos y negativos (*Bacillus subtilis*, *Bacillus brevis*, *Bacillus megaterium*, *Escherichia coli* y *Citrobacter koseri*) en 500/1000 ppm. Se obtuvieron porcentajes de biorreducción mayores de 91% a 96 h.

Conclusión

Se hizo un aislamiento selectivo de microorganismos marinos de Bahía de Cartagena, potencialmente biorreductores de cromo hexavalente, aptos para estudiar el tratamiento de aguas residuales, fortaleciendo el campo de la Biotecnología Microbiana Ambiental.

Palabras clave: microorganismos marinos; biorreducción; cromo hexavalente; aguas residuales; biotecnología ambiental.

