



LIBRO DE MEMORIAS

V Congreso Colombiano de Bioquímica y
Biología Molecular

8 AL 10 DE NOVIEMBRE DE 2023

**CENTRO DE CONVENCIONES NEOMUNDO
BUCARAMANGA, COLOMBIA**



UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA



UAN
UNIVERSIDAD
ANTONIO NARIÑO



SOCIEDAD
COLOMBIANA
DE CIENCIAS
QUÍMICAS



adn



Memorias Congreso Colombiano de
Bioquímica y Biología Molecular

Bucaramanga, Colombia, noviembre de 2023
ISSN en trámite



V Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular

Editores

Adriana Umaña Pérez
Ruth Garzón Fernández
José Miguel Villarreal
Ana Patricia Martínez
Maryam Chaib De Mares
Stelia Carolina Méndez Sánchez



Organización del Congreso

Universidad Industrial de Santander

Rector: Hernán Porras

Universidad Nacional de Colombia

Rectora: Dolly Montoya

Universidad Antonio Nariño

Rector: Héctor Antonio Bonilla Estévez

Sociedad Colombiana de Ciencias Químicas

Presidente: Diana María Sinuco León

Secretario: Mario Urdaneta

Tesorera: Sandra Susana Novoa Herrán

Directora: Ejecutiva: Ana María Escobar



Comité Organizador

Adriana Umaña Pérez
Presidente

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
yaumanap@unal.edu.co

Harold Duban Ardila Barrantes

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
hdardilab@unal.edu.co

Maryam Chaib De Mares

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
mchaib@unal.edu.co

Luis Eduardo Diaz

Departamento de Procesos Químicos y Biotecnológicos
Facultad de Ingeniería Universidad de la Sabana
luis.diaz1@unisabana.edu.co

Ruth Garzón Fernández

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
regarzonf@unal.edu.co

Ana Patricia Martínez

Escuela de Química, Facultad de Ciencias Medellín
Universidad Nacional de Colombia
apmartinezg@unal.edu.co

Sandra Susana Novoa Herrán

Instituto Nacional de Salud
snovoa@ins.gov.co

María Helena Ramírez

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
mhramirezh@unal.edu.co

Edwin Alfredo Reyes Guzmán

Universidad Antonio Nariño
edwinalfred@uan.edu.co

José Miguel Villarreal Ascencio

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
jvillarreal@unal.edu.co



Comité Científico

Stelia Carolina Méndez
Presidente

Escuela de Química
Universidad Industrial de Santander
scmendez@uis.edu.co

Liseth Paola Tatiana Bohórquez

Escuela de Química
Universidad Industrial de Santander
liseth2238066@correo.uis.edu.co

Anjy Tatiana Ojeda Cárdenas

Escuela de Química
Universidad Industrial de Santander
anjy2170168@correo.uis.edu.co

Área temática: Medio Ambiente y Enseñanza

Pedro de Brito Brandao

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia – Sede Bogotá
pfdeb@unal.edu.co

Liliam Alexandra Palomeque

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
lapalomequef@unal.edu.co

Ana Patricia Martínez

Escuela de Química
Universidad Nacional de Colombia
apmartinezg@unal.edu.co

Howard Junca

Helmholtz Centre for Infection Research
howard.junca@gmail.com

Área temática: Ciencias ómicas y bioinformática

Gian Pietro

Departamento de Química
Universidad de los Andes
gp.miscione57@uniandes.edu.co

Edwin David Morales

Departamento de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad de Caldas
edwin.morales@ucaldas.edu.co

Nohora A. Vega

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
navegac@unal.edu.co

Claudia Rubiano

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
ccrubianoc@unal.edu.co

William Hidalgo

Escuela de Química
Universidad Industrial de Santander
whidalgo@uis.edu.co



Área temática: Biotecnología y Microorganismos

Luz Elena Botero Palacio	Escuela de Ciencias de la Salud, Facultad de Medicina Universidad Pontificia Bolivariana luz.boterop@upb.edu.co
Walter Ricardo López	Facultad de Ciencias Exactas y Naturales Universidad Nacional de Colombia wrlopez@unal.edu.co
Alejandra María Giraldo García	Facultad Ciencias de la Educación Universidad del Quindío amgiraldo@uniquindio.edu.co
Edgar Antonio Reyes Montaña	Departamento de Química, Facultad de Ciencias Universidad Nacional de Colombia eareyesm@unal.edu.co
Lina Gutiérrez	Facultad de Medicina Universidad Pontificia Bolivariana liangutibui@gmail.com
Luis Eduardo Díaz	Facultad de ingeniería Universidad de la Sabana luis.diaz1@unisabana.edu.co
Nelsy Loango Chamorro	Facultad de Ciencias de la Salud Universidad del Quindío neloango@uniquindio.edu.co
German Alexis Zafra Sierra	Escuela de Microbiología, Facultad de Salud Universidad Industrial de Santander geralzaf@uis.edu.co
John Castillo	Escuela de Química Universidad Industrial de Santander jcasleon@uis.edu.co
Claudia Ortiz	Escuela de Microbiología, Facultad de Salud Universidad Industrial de Santander ortizc@uis.edu.co
Jorge Gutiérrez	Facultad de Ingeniería Universidad de Antioquía jorgeandresgut@gmail.com



Área temática: Salud Humana y Animal

Luis Carlos Vesga	Escuela de Química Universidad Industrial de Santander luisvesga@hotmail.com
Natalia Regina Mesa Herrera	Departamento de Fisiología y Bioquímica, Facultad de Medicina Universidad de Antioquia natalimesa@yahoo.com
Patricia Landázuri	Programa de Medicina Universidad del Quindío plandazu@uniquindio.edu.co
María Claudia Sandoval	Departamento de Química, Facultad de Ciencias Básicas Universidad Militar Nueva Granada maria.sandoval@unimilitar.edu.co
George Barreto	Departamento de Ciencias Biológicas Universidad de Limerick gesbarreto@gmail.com
Jesús Uribe Ardila	Departamento de Ciencias Biológicas Universidad de los Andes jeuribe@uniandes.edu.co
Deisy Yurley Rodríguez	Programa de Medicina Universidad Autónoma de Bucaramanga drodriguez184@unab.edu.co
Sergio Acín Martínez	Facultad de Medicina Universidad de Antioquía s.acin@udea.edu.co
Jonny Duque	Escuela de Medicina Universidad Industrial de Santander jonedulu@uis.edu.co
Duverney Chaverra	Universidad Nacional de Colombia. Sede la Paz dchaverra@unal.edu.co



Área temática: Agricultura y Vegetal

Camilo López Carrascal

Departamento de Biología, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
celopezc@unal.edu.co

Liliana Franco

Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas
Universidad Militar Nueva Granada
liliana.franco@unimilitar.edu.co

Esperanza Torres Rojas

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Colombia
etorresr@unal.edu.co

Harold Duban Ardila

Departamento de Química, Facultad de Ciencias
Universidad Nacional de Colombia
hdardilab@unal.edu.co

Jenny Chaparro

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad de Antioquia
jenny.chaparro@udea.edu.co



Auspiciantes

Dirección de Investigación Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá

Facultad de Ciencias Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá

Departamento de Química Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá

Vicedecanatura de Investigaciones Facultad de Ciencias Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín

Universidad Antonio Nariño

Universidad Industrial de Santander



Patrocinadores Diamante



Patrocinadores Rubí



Patrocinadores Oro





Tabla de Contenido

Contenido

Comité Organizador	5
Comité Científico.....	6
Auspiciantes.....	10
Patrocinadores	11
Saludo.....	13
Bienvenida.....	15
Programa.....	17
Comunicaciones Orales	25
Agricultura y Vegetal	26
Biotechnología y microorganismos.....	35
Ciencias ómicas y bioinformática	54
Medio ambiente y Enseñanza.....	71
Salud Humana y Animal	74
Posters	103
Agricultura y Vegetal	104
Biología sintética	109
Biotechnología y microorganismos.....	110
Ciencias ómicas y bioinformática	140
Medio ambiente y Enseñanza.....	165
Salud Humana y Animal.....	168
Índice de autores	200



Saludo

V Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular 2023

Apreciados estudiantes, investigadores, conferencistas invitados y demás participantes, es un placer darles la más cordial bienvenida a la quinta edición del Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular. El C2B2 es un evento que celebra la excelencia en la investigación, la innovación y el intercambio de conocimientos en los campos de la bioquímica y la biología molecular. Este es un momento importante para todos nosotros, ya que representa una oportunidad excepcional para aprender, colaborar y fortalecer nuestros lazos como comunidad científica.

Hemos trabajado para garantizar que este congreso sea un éxito. En la selección de los ponentes destacados que nos acompañaran y en la planificación de las sesiones orales y posters, hemos tenido en mente proporcionar una experiencia enriquecedora para todos los participantes.

Durante los próximos días, tendremos la oportunidad de explorar los avances más recientes en bioquímica y biología molecular con una mirada desde las áreas de salud, medio ambiente y enseñanza, ciencias ómicas y bioinformática, biotecnología y microorganismos, agricultura y vegetal y biología sintética. En esta versión trabajamos en conjunto con la Sociedad Latinoamericana de Tuberculosis y otras Micobacteriosis (SLAMTB), generando una nueva asociación que enriquecerá nuestro trabajo y esperamos nos impulse hacia un futuro más saludable.

Queremos expresar nuestro agradecimiento a todos los ponentes, miembros del comité científico, patrocinadores y colaboradores que han hecho posible este evento. Hacemos un reconocimiento a los miembros de la Sociedad Colombiana de Ciencias Químicas y de la Universidad Industrial de Santander por el apoyo que nos brindaron en la organización de esta versión del C2B2 y que sin duda alguna fue determinante para cumplir con éxito nuestro propósito.

A cada uno de ustedes gracias por su participación y contribución a este congreso. Los animamos a aprovechar al máximo esta experiencia. Participen en las sesiones, hagan preguntas, compartan sus investigaciones y, sobre todo, establezcan conexiones valiosas con sus colegas. Este es un espacio donde las ideas se cruzan y se forjan nuevas colaboraciones.

En nombre del comité organizador, les reitero una cálida bienvenida al Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular, V C2B2.

¡Gracias a todos y disfruten del C2B2!

Adriana Umaña Pérez
Presidente Comité organizador

Adriana Umaña Pérez **Presidente Comité Organizador**

Química de la Universidad Nacional de Colombia, institución que posteriormente también le otorgaría el título de Magíster en Ciencias Bioquímica y el de Doctorado en Ciencias Bioquímica. Actualmente es Profesora Asociada en el Departamento de Química de la Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá.

En la Universidad Nacional se desempeñó durante varios años como profesora de los cursos fundamentales en química y actualmente es profesora del área de bioquímica.



Como profesora en el Departamento de Química ha dirigido 29 proyectos de grado para la formación de profesionales en Química y Biología, 15 tesis de maestría y 5 tesis doctorales.

Adriana está comprometida con el desarrollo científico del país y como parte de su quehacer formador ha promovido una activa interlocución científica nacional e internacional, materializada en colaboraciones y proyectos interdisciplinarios e interinstitucionales; así como en el desarrollo de cursos y eventos.

Desde hace varios años coordina el Grupo de investigación en Hormonas (GIH), en donde lidera proyectos de investigación alrededor de 5 líneas temáticas, incluyendo el estudio de la relación estrés nutricional-respuesta inmune cuando se presenta infección con patógenos, entendimiento de los mecanismos de transducción de señales activadas por hormonas y sus implicaciones en la homeostasis celular y en alteraciones patológicas como el cáncer. Resultado de su trabajo ha contribuido en la generación de conocimiento en señalización celular con alrededor de 20 artículos científicos y más de 50 artículos cortos presentados en eventos científicos. Tras el trabajo de su equipo de investigación en la compatibilidad biológica de nuevos materiales, la Universidad cuenta con dos patentes de productos con aplicaciones biomédicas y el desarrollo de un producto útil en el diagnóstico de SARS-CoV2.



Bienvenida

V Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular 2023

Es para mí un placer dar la bienvenida a la quinta versión del Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular C2B2, el evento académico en Colombia que congrega más científicos en el área. Aunque podemos clasificar los trabajos en bioquímica y biología molecular por las técnicas que emplean, en este congreso tradicionalmente las clasificamos de acuerdo con el modelo de estudio. Es por eso por lo que tenemos las áreas de salud humana y animal, biotecnología y microorganismos, ómicas y bioinformática, agricultura y vegetal, medio ambiente y enseñanza y este año por primera vez tendremos el área de biología sintética. Desde el Comité científico hemos trabajado arduamente para invitar conferencistas destacados en cada una de esas áreas, tanto nacionales como internacionales, y en el proceso de evaluación de los resúmenes enviados por todos ustedes. Esperamos cumplir con sus expectativas y que el C2B2 sea un momento de mucho aprendizaje y de oportunidades para establecer cooperaciones académicas.

A juzgar por los resúmenes recibidos, cerca del 70% de los investigadores en Colombia trabajan en salud (humana y animal) y biotecnología y microorganismos, por lo que este también es un momento interesante para ver otros modelos y oportunidades de trabajo en áreas vitales para el país como agricultura, medio ambiente y enseñanza. Los invito a que participemos en la mayor cantidad posible de conferencias y ponencias orales, que visitemos los posters y los stands de las empresas patrocinadoras, el C2B2 es una oportunidad única para todos los que trabajamos en bioquímica y biología molecular, conoceremos nuevas técnicas y quién las tiene, tal vez aquí identifiquemos nuestra siguiente oportunidad para realizar maestría, doctorado, o podamos identificar con quien realizar un proyecto o a quien le podremos comprar un equipo.

Sean todos bienvenidos a la ciudad bonita.

Stelia Méndez
Presidente Comité científico



Stelia Carolina Méndez Sánchez **Presidente del Comité Científico**

Química. Profesora Asociada de la Universidad Industrial de Santander, adscrita a la Escuela de Química de la Facultad de Ciencias desde 2010. Realizó sus estudios de pregrado en la Universidad del Quindío (UNIQUEINDIO). En Brasil obtuvo el título de Doctora en Ciencias Bioquímicas en la Universidad Federal de Paraná, en donde trabajó con mecanismos de muerte celular por vía mitocondrial. Durante los años 2019 y 2020, realizó una pasantía en la Universidad de California San Diego, en donde trabajó con herramientas de modificación genética.

La profesora Stelia se destaca por su compromiso con la formación de profesionales en química, biología y microbiología, carreras en donde ha formado estudiantes de pregrado, maestría y doctorado. Actualmente, se enfoca en la enseñanza de biología celular, bioquímica e introducción a la biotecnología, tanto a nivel de pregrado como de posgrado.

La línea de investigación de su interés se centra en Bioquímica Farmacológica, en donde usa a la mitocondria como diana para la búsqueda de compuestos con actividad anticancerígena y para el diseño de insecticidas menos tóxicos y amigables con el medio ambiente. Para esto, la profesora Stelia se enfoca en compuestos de origen natural y usa técnicas tan variadas como *docking* molecular, cinética enzimática, proteómica y un poco de biología molecular. Actualmente es investigadora senior según clasificación MinCiencias y miembro investigador del Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología - GIBIM - de la Universidad Industrial de Santander. Como producto de sus investigaciones, ha publicado más de 40 artículos científicos internacionales, realizó una solicitud de patente, ha formado 5 doctores, 12 magísteres y cerca de 30 profesionales.



Programa

Martes, noviembre 7

Cursos Precongreso

- 8:00 - 12:00 Curso La transición colombiana hacia la Biología Sintética
Sesión 1. Lugar: Parque Tecnológico de Guatiguará. Universidad Industrial de Santander.
Maryam Chaib De Mares - GBMTE, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 14:00 - 17:00 Curso Introducción a la Biología Sintética
Sesión 2. Lugar: Parque Tecnológico de Guatiguará. Universidad Industrial de Santander.
Maryam Chaib De Mares - GBMTE, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
Clara Isabel Bermúdez - RNÓMICA, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 8:00 - 12:00 Curso teórico-práctico de espectrometría de masas y aplicaciones en ambiental, forense, productos naturales y alimentos
Sesión 1. Lugar: CENIVAM. Universidad Industrial de Santander.
Elena Stashenko - Escuela de Química, Universidad Industrial de Santander
- 14:00 - 18:00 Curso Actualización en espectrometría de masas
Sesión 2. Lugar: CENIVAM. Universidad Industrial de Santander.
Elena Stashenko - Escuela de Química, Universidad Industrial de Santander

Miércoles, noviembre 8

Bienvenida

- 8:00 - 8:30 **Fernando Rondón**
Vicerrector de investigación y Extensión, Universidad Industrial de Santander
- Stelia Carolina Méndez Sánchez**
Presidente Comité Científico V Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular
- Adriana Umaña Pérez**
Presidente Comité Organizador V Congreso Colombiano de Bioquímica y Biología Molecular
- Carlos Yesid Soto**
Presidente Comité Organizador Sociedad Latinoamericana de tuberculosis y otras micobacteriosis

Sesión 1

Plenarias

- 8:30-9:30 *Failed immune control need not be the driver of tuberculosis progression*
David Rusell College of Veterinary Medicine, Cornell University, USA
- 9:30-9:30 *Mucosal exposure to non-tuberculous mycobacteria elicits B cell-mediated immunity against pulmonary tuberculosis.* **Marcela Henao-Tamayo** USA
- 9:30-10:15 Analysis of exhaled breaths using the Exhaled Breath Condensate Collection Device (RTube™)
Mauricio Rojas Universidad de Antioquia, Colombia

Muestra comercial y Sesión de posters

- 10:15-11:15 **Posters**



Conferencias orales

Salón 1

- 11:15-11:30 *IL-6 promueve la proliferación, migración e invasión celular por activación de la vía JAK/STAT/SOCS en células MCF7*
Juan José Castro Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 11:30-11:45 *Espectroscopia infrarroja para la determinación de la composición de urolitos en caninos*
Valeria Ruiz Ramírez Universidad de Antioquía, Medellín
- 11:45-12:00 *Estudio de proteínas con potencial efecto bloqueador de la interacción SARS-CoV2 RBD/hACE2*
Sara M. Villada Troncoso Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá
- 12:00-12:15 *Repelente tópico de protección de contra la picada de Aedes aegypti diseñado mediante nanoemulsiones con internalización de biomoléculas de plantas nativas colombianas*
Laura Marcela Pérez-Niño Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga
- 12:15-12:30 *El carvacrol potencializa el efecto citotóxico del fármaco sorafenib, sobre células de hepatocarcinoma, a través de inhibición de la fosforilación oxidativa mitocondrial*
Liseth T. Bohórquez-Calderón Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga

Salón 3

- 11:15-11:30 *Producción heteróloga de proteínas tipo lectina con motivos de unión a células madre mesenquimales*
Lyda C. Caballero Méndez Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira
- 11:30-11:45 *Evaluación del potencial de hongos filamentosos en la degradación de asfaltenos en suelos*
Mábel Sofía Barrera Ayala Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga
- 11:45-12:00 *La nicotinato fosfo-ribosil transferasa de Leishmania braziliensis (LbNAPRT): Identificación de una enzima fundamental en el metabolismo del NAD⁺ y la ruta de reciclaje de nicotinato-nicotinamida*
Cristian Alirio Gutiérrez- Gutiérrez Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 12:00-12:15 *Composición y diversidad de la comunidad microbiana del suelo asociada a tres ecosistemas del Valle del Cauca, Colombia*
Juan Diego Duque-Zapata Universidad Nacional de Colombia, Palmira
- 12:15-12:30 *Redes moleculares de la respuesta al estrés por aluminio en palma de aceite (Elaeis guineensis Jacq)*
Fernán Santiago Mejía-Alvarado CENIPALMA, Bogotá

Sesión 2

Plenarias

- 14:00-14:45 *Constructing the Plant Cell Wall: How Are the Building Blocks Put in Place?*
Ariel Orellana López Centro de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Chile
- 14:45-15:30 *Explorando el metabolismo mitocondrial para la obtención de bioproductos*
Luis Carlos Vesga Universidad Industrial de Santander, Colombia
- 15:30-16:15 *Aplicación y experiencia en las técnicas de biología B molecular en el diagnóstico de patógenos en la industria porcina*
ADN Internacional

Muestra comercial y Sesión de posters

16:15-17:00 Posters

Conferencias orales

Salón 1

- 17:00-17:15 *Genes relacionados con la inducción de partenocarpia por el ácido naftaleno acético en híbridos O × G de palma de aceite [Elaeis oleifera (Kunth) Cortés × Elaeis guineensis Jacq.]*
Carmenza Montoya CENIPALMA, Bogotá
- 17:15-17:30 *Identificación de Candidatus Liberibacter spp. como agente causal de la Marchitez Letal en palma de aceite*
Catalina Chaves CENIPALMA, Bogotá
- 17:30-17:45 *Análisis de la interacción planta-patógeno y respuestas moleculares de Phytophthora palmivora en palmas de aceite con resistencia y susceptibilidad a la Pudrición del Cogollo en Colombia*
Mariandrea García Gaona CENIPALMA, Bogotá
- 17:45-18:00 *Caracterización de la diversidad genética y los mecanismos evolutivos del gen que codifica la proteína EBP (Erythrocyte Binding Protein) de Plasmodium vivax*
Laura Hernandez-Zambrano Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja
- 18:00-18:15 *Bioprecipitación de plomo por bacterias ureolíticas y su potencial para la remediación del metal*
Laura Sofía Pineda Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

Salón 3

- 17:00-17:15 *Síntesis de nanopartículas de Ag, Cu y aleación Ag-Cu con propiedades antibacterianas*
Cristian Ramírez Universidad Antonio Nariño, Bogotá
- 17:15-17:30 *Desarrollo de un nanocompuesto $Fe_3O_4@SiO_2$ como potencial nanotransportador de fármacos para el tratamiento contra el glioblastoma multiforme*
Daniel Llamasa Universidad Antonio Nariño, Bogotá
- 17:30-17:45 *Detección del potencial de metabolitos de aceites esenciales como arma insecticida empleando técnicas de alto rendimiento*
Daniela Z. Angarita-Vergara Universidad Industrial de Santander, Colombia
- 17:45-18:00 *Modulación del crecimiento tumoral y ambiente inflamatorio por PPAR- β y los ácidos octanoico y decanoico en la línea celular de glioblastoma T98G en condiciones de restricción de glucosa*
Mónica Losada-Barragán Universidad Antonio Nariño, Bogotá
- 18:00-18:15 *Desarrollo de una metodología molecular para el diagnóstico de agentes hemotrópicos (Anaplasma spp. and Babesia spp.) en bovinos*
Jahir O Vargas Domínguez Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria
- 18:15 - 19:00 **Coctel de Inauguración**
Acto cultural



Jueves, noviembre 9

Sesión 3

Plenarias

- 8:00-8:45 *Avances y aplicaciones de la biología sintética*
Agustino Martínez Antonio Cinvestav, México
- 8:45-9:30 *Biosensores intracelulares basados en RNAs: pasado y futuro para la biología sintética*
Clara Bermúdez Universidad Nacional de Colombia
- 9:45-10:15 **Eduardo Hoffmann** Scientific Products

Muestra comercial y Sesión de posters

10:15-11:15 **Posters**

Conferencias orales

Salón 1

- 11:30-11:45 *Metabolismo transoceánico: consumo de oxígeno en murciélagos de España a nivel del mar y murciélagos del altiplano de Colombia*
Edgar Cristancho Mejía Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 11:45-12:00 *Generación computacional de péptidos sintéticos con alto potencial como antimicrobianos*
Andrea Mesa Gómez Universidad Nacional de Colombia, Medellín
- 12:00-12:15 *Implementación de la tecnología phage display para la producción de anticuerpos monoclonales recombinantes a partir de IgYs aviares*
Laura E Riascos-Orjuela Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 12:15-12:30 *Modelamiento dinámico y metabólico de un consorcio sintético de microbiota intestinal humana inoculada en ratones gnotobióticos*
Maryam Chaib De Mares Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

Salón 3

- 11:15-11:30 *Nanopartículas de $Fe_3O_4@SiO_2-NH_2/P-88$ biomarcador de inflamación como potencial agente de contraste en resonancia*
Brayan Stick Betin Bohórquez Universidad Antonio Nariño, Bogotá
- 11:30-11:45 *Producción de un anticuerpo IgY contra péptidos antagonistas del receptor N-metil D-Aspartato (NMDA) como herramienta en la determinación de su permeabilidad en un modelo in vitro de barrera hematoencefálica.*
Edgar Antonio Reyes Montaña Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 11:45-12:00 *bioMOFs basados en ácidos fenólicos como sistemas de liberación controlada en el tratamiento contra cáncer de próstata y mama*
Andrea Y. Garzón-Serrano Universidad Nacional de Colombia, Bogotá
- 12:00-12:15 *Purificación de un anticuerpo IgY generado contra un péptido agonista (EAR-20) del receptor NMDA*
Duberney Ardila-Fernández Universidad Nacional de Colombia, Bogotá



- 12:15-12:30 *Evaluación de la actividad acaricida de derivados cumarínicos contra la garrapata Rhipicephalus (Boophilus) microplus.*
Carlos Eduardo Rodríguez Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja

Sesión 4

Plenarias

- 14:00-14:45 *Descifrando la Medicina Personalizada: Utilizando la Proteómica para el Descubrimiento y Validación Precisa de Biomarcadores Proteicos en el Diagnóstico*
Carolina de la Torre Josep Carreras Leukaemia Research Institute, España
- 14:45-15:30 *Ómica de venenos animales: de la información a la aplicación*
Edgar Antonio Reyes Montaña Universidad Nacional de Colombia, Colombia
- 15:30-16:15 *Genómica aplicada al estudio de parásitos helmintos*
Laura Kamenetzky Universidad de Buenos Aires, Argentina

Muestra comercial y Sesión de posters

- 16:15-17:00 **Posters**

Conferencias orales

Salón 1

- 17:00-17:15 *Remoción de cromo hexavalente (Cr(VI)) y degradación de naranja de metilo por Klebsiella pneumoniae*
Tania Lucía Ballestas-Vergara Universidad de Cartagena, Cartagena
- 17:15-17:30 *Comparación de perfiles metabólicos y lipídicos de pacientes con COVID-19 y pacientes con neumonía adquirida en la comunidad (CAP)*
José L. Guerrero Universidad de Los Andes, Bogotá
- 17:30-17:45 *Proteómica e inmunoproteómica del veneno de dos especies colombianas del género Lonomia*
Lina V. Lozano Universidad de Los Andes, Bogotá
- 17:45-18:00 *Cox-based Genome-Wide Association Studies for Bud Rot survival estimation on oil palm*
Juan Sebastián Malagón Torres CENIPALMA, Bogotá
- 18:00-18:15 *Análisis inmunológico a partir de datos de RNA-seq de pacientes con Síndrome de Guillain-Barré*
Melissa Solarte Cadavid Universidad del Valle, Cali
- 18:15-18:30 *Flujo bioinformático para la optimización de celdas en secuenciación Oxford Nanopore Technologies*
Andrés Mauricio González Ríos Universidad del Valle, Cali

Salón 3

- 17:00-17:15 *Desarrollo de células que expresan un receptor antígeno quimérico (CAR) específico para la proteína integrina $\alpha\beta6$*
Mauricio Urquiza Martínez Universidad Nacional de Colombia, Colombia
- 17:15-17:30 *Evaluación de la susceptibilidad de los virus del chikungunya, zika y dengue en cultivos celulares derivados de insectos y mamíferos*
Andrés F. Cuéllar-Quimbaya Universidad Antonio Nariño, Bogotá



- 17:30-17:45 *Producción y caracterización de pseudovirus de variantes del SARS-Cov-2*
Silvia Jiménez Camacho Universidad Nacional de Colombia, Colombia
- 17:45-18:00 *Péptido sintético antimicrobiano que induce la apoptosis de líneas celulares de cáncer*
Daniela A. Sinisterra-Tovar Universidad Nacional de Colombia, Colombia
- 18:00-18:15 *Evaluación del efecto de scaffold de fibrina y suplementos séricos, sobre la proliferación de células madre mesenquimales (MSC) y diferenciación a osteoblastos in vitro*
Isabel Cristina Cataño Universidad Nacional de Colombia, Medellín
- 18:15-18:30 *Modulación de factores de virulencia y el biofilm de Staphylococcus aureus por proteínas con dominio com_YlbF (Qrp, YlbF, YmcA)*
Zayda Lorena Corredor-Rozo Universidad El Bosque, Bogotá

Viernes, noviembre 10

Sesión 5

Plenarias

- 8:00-8:45 *Gene drives como potencial técnico de control vectorial*
Gerard Terrada España
- 8:45-9:30 *Edición genética de vectores mediada por control ReMOT*
Duverney Chaverra Universidad Nacional de Colombia, Colombia
- 9:30-10:15 *Ecología microbiana, potencial metabólico, y herramientas meta-ómicas: hacia la comprensión de los mecanismos de biodegradación de asfaltos in situ*
German Zafra Universidad Industrial de Santander, Colombia

Muestra comercial y Sesión de posters

- 10:15-11:15 **Posters**

Conferencias orales

Salón 1

- 11:15-11:30 *Transcriptómica comparativa en raíces de clavel de una variedad resistente a Fusarium oxysporum f. sp. dianthi (Fod).*
Eliana Bustos-Caro Universidad Nacional de Colombia
- 11:30-11:45 *Búsqueda de posibles factores de virulencia de Fusarium oxysporum f. sp. dianthi responsables del marchitamiento vascular en clavel*
Ana Patricia Martínez-González Universidad Nacional de Colombia
- 11:45-12:00 *Desarrollo de un método triplex por ddPCR para la cuantificación del contenido de carne de res (Bos Taurus) y carne de cerdo (Sus scrofa) en productos altamente procesados*
Sergio Dávila González Instituto Nacional de Metrología de Colombia
- 12:00-12:15 *Respuestas morfológicas y cambios en la eficiencia de la fotoquímica del fotosistema II de cultivares amazónicos de yuca frente al estrés por anegamiento*
Juan Sebastián Sánchez-Ferro Universidad Nacional de Colombia



12:15-12:30 *Caracterización fisiológica de la respuesta de cultivos amazónicos de yuca frente al déficit hídrico*
Steban Ruiz Universidad Nacional de Colombia

Salón 3

11:15-11:30 *Microbioma de las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) en pacientes con neuroinflamación aguda*
Diana López-Álvarez Universidad del Valle, Cali

11:30-11:45 *Análisis proteómico de vesículas extracelulares derivadas de plasma de pacientes con cáncer gástrico y enfermedades gástricas benignas*
Andrés Rincón-Riveros Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá

11:45-12:00 *Identificación de metabolitos secundarios con propiedades acaricidas mediante ensayos in silico usando como diana farmacológica subunidades proteicas de la cadena transportadora de electrones (CTE) mitocondrial y la acetilcolinesterasa (ACHE) en garrapatas Rhipicephalus icropus.*
Gloria Stefany Avendaño Mora Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga

12:00-12:15 *Caracterización transcriptómica de los perfiles celulares diferenciados con ácido retinoico en un modelo celular embrionario humano NTERA-2*
Laura Quintero Corzo Universidad del Valle, Cali

12:15-12:30 *Metabolite profile variations in carnation roots under the effect of thiamine as a resistance inducer against Fusarium oxysporum f. sp. dianthi*
Walter Pérez Mora Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

Sesión 6

Conferencias orales

Salón 1

14:00-14:15 *Mitigation of Pb toxicity by Mn in young plants of the cacao clonal CCN 51 genotype grown in soil: physiological, biochemical, nutritional and molecular responses*
José Julián Apraéz Muñoz Universidad de Nariño, Pasto

14:15-14:30 *Dynamics of cadmium bioavailability and its impact on physicochemical properties and enzymatic activities in cacao soils and tissues*
Cristian Camilo Bustos-Linares Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

14:30-14:45 *Efecto de la doxorubicina en la biogénesis de vesículas extracelulares por células de melanoma humano*
Laura Fernanda Fernández Fonseca Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

14:45-15:00 *Cambios de la eritropoyetina (EPO) y el factor de crecimiento vascular pulmonar (VEGF) y su relación con la aptitud física en enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC) posterior al programa de ejercicio 8-WVP*
Edgar Cristancho Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

15:00-15:15 *Péptidos helicales derivados de la proteína ACE2 inhiben la invasión de pseudovirus de SARS Cov-2 a las células humanas*
Sara Catalina Nieto Universidad Nacional de Colombia, Bogotá



15:15-15:30 *Proteoma mitocondrial de los estados juveniles y adulto de Aedes aegypti (Diptera: Culicidae)*
Ruth Mariela Castillo-Morales Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga

15:30-15:45 *Análisis in silico de las secuencias codificantes de fosfolipasas en el genoma de Brevibacillus thermoruber HT42 y clonación de una fosfolipasa*
Jonathan Lara Instituto Tecnológico de Veracruz, Veracruz

Salón 3

14:15-14:30 *Producción, extracción y purificación parcial de enzimas hidrolíticas tipo proteasa presentes en el macromiceto Hexagonia papyracea como potenciales en la degradación de poli (ácido láctico) -*
Jeimmy Peña González Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

14:30-14:45 *Aislamiento de bacterias ureolíticas multifuncionales para la biorremediación de Cd en suelos agrícolas*
Carlos Alberto Adarme-Duran IBUN Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

14:45-15:00 *Extracción, purificación y caracterización parcial de una lectina a partir del cuerpo fructífero del hongo Ganoderma lucidum*
German Darío Morera Bedoya Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

15:00-15:15 *Evaluación de la bioactividad de un pigmento de Actinomycete de Colombia con potencial en la Industria Cosmética*
Luis Eduardo Díaz Universidad de La Sabana, Chía

15:15-15:30 *Acercamiento a la poli ADP-ribosilación en Leishmania Braziliensis: obtención de un candidato a poli ADP-ribosa polimerasa (LBPAP)*
Luis David Ramírez Enríquez Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

15:30-15:45 *Estudio de un candidato a NAD Quinasa en Trypanosoma cruzi: Acercamiento experimental*
Luisa María Caldas Ortega Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

15:45-16:00 *De residuos a recursos: Aprovechamiento de residuos de la agroindustria de cacao, café y palma de aceite, como medio de cultivo para Saccharomyces cerevisiae*
Diana Lizeth Urbina Duitama Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga

Muestra comercial y Sesión de posters

16:00-17:00 **Posters**

Plenaria

17:00-17:45 *Immune endocrine regulation during experimental pulmonary tuberculosis, the complex participation of steroid and hypophysis hormones*
Rogelio Hernández Pando México

17:45 - 18:30 **Clausura**



Comunicaciones Orales

Mitigation of Pb toxicity by Mn in young plants of the cacao clonal CCN 51 genotype grown in soil: physiological, biochemical, nutritional and molecular responses

José Julian Apraez Muñoz¹, Alex-Alan Furtado de Almeida², Carlos Priminho Pirovani², Dário Ahnert², Virupax C. Baligar³

¹ University of Nariño, Department of Natural resources and agroforest systems, Pasto Colombia. ² State University of Santa Cruz, Department of Biological Sciences, Rodovia Jorge Amado, km 16, 45662-900 Ilhéus, BA, Brazil. ³ USDA-ARS-Beltsville Agricultural Research Center, Beltsville, MD, USA

*Ponente: apraez.julian@gmail.com

Lead (Pb) is a highly toxic metal for humans and animals, evaluation of the occurrence of Pb contents in cocoa beans from main producing regions of south America, showed Pb contents higher than the maximum allowed limits. The ingestion of chocolate produced from contaminated beans can contribute to consumer exposure to Pb. On the other hand, Mn is an element essential for plants and participates in several metabolic pathways. Pb is uptake by the root system through divalent cation transporters and competes with essential divalent minerals such as Mn. The objective of this study was to evaluate the influence of Mn on mitigation of Pb toxicity in young plants of the cacao clonal CCN 51 grown in soils with different doses of Pb, Mn and Mn+Pb, through physiological, biochemical, molecular, and nutritional responses. It was found in the present study that the young plants of the cacao grown in soils with high Pb, Mn and Mn+Pb contents were found to accumulate these heavy metals in the roots and leaves. Uptake of Pb and Mn by the roots and its transport into the aerial part of the plant promoted changes in leaf gas exchange and chlorophyll fluorescence emission, affecting the efficiency of photosystem 2 and the production of photoassimilates. Besides that, Pb, Mn and Mn+Pb toxicities activated defense mechanisms in plants altering the gene expression of *met*, *psbA*, and *psbO* and the activity of enzymes involved in cellular detoxification of ROS excess in leaf level. High uptake of Mn by root system was found to reduce Pb uptake with Mn+Pb in the soil, in the doses corresponding to 0.3 g Mn + 0.5 g Pb kg⁻¹soil and 0.15 g Mn + 0.75 g Pb kg⁻¹soil, and mitigated the damage caused by Pb. Mn doses reduced the Pb uptake by root system and prevented the Pb accumulating at toxic levels. On the other hand, high doses of Pb applied in soil were highly toxic to the plants, leading, in some cases, them to death. However, no Mn toxicity was observed in cocoa plants, even at high doses in the soil.

C2B20070

Transcriptómica comparativa en raíces de clavel de una variedad resistente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* (Fod)

Eliana Bustos-Caro^{1*}, Luz Marina Melgarejo², A.M. Pinzón-Velazco³, Harold D. Ardila¹

¹Grupo de Investigación Estudio de Actividades Metabólicas Vegetales. Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia – sede Bogotá – Colombia. ²Laboratorio de Fisiología y Bioquímica Vegetal. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia – sede Bogotá – Colombia. ³Grupo Biología de Sistemas. Instituto de Genética, Universidad Nacional de Colombia – sede Bogotá – Colombia.

*Ponente: ebustosc@unal.edu.co

El estudio molecular de la defensa vegetal usando RNAseq en plantas en interacción con patógenos del género *Fusarium*, ha permitido aumentar el entendimiento de los marchitamientos vasculares. Este conocimiento puede dirigirse, por ejemplo, a la implementación de alternativas para la selección de nuevas variedades resistentes a estos patógenos. En esta investigación se estudió la modulación del perfil transcripcional de raíces de clavel (*Dianthus caryophyllus* L.) en interacción con *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* (Fod), mediante un análisis de transcriptómica comparativa usando RNA-seq en muestras de raíz de clavel, variedad resistente Golem (g) a los 1 y 26 días después de la inoculación (dpi). Se realizó un análisis de expresión diferencial de genes utilizando el paquete DESeq2 v1.22.2, con FDR menor a 0,05. La anotación funcional se realizó usando Ontología de Genes - GO y las Vías de la Enciclopedia de Genes y Genomas Kioto – KEGG, contra la base de datos de Caryophyllales, con nivel de significancia de 1e-05; usando OmicsBox 1.4.12. Para conocer la asociación existente entre los genes expresados diferencialmente (GED), se generaron mapas de redes de interacción proteína - proteína para cada condición evaluada, usando STRING database. En la condición g1 se encontraron 500 GED de los cuales 358 se expresaron al alza y en la condición g26 se encontraron 146 GED de los cuales 117 se expresaron al alza. Entre los GED al alza, se destacan 7 genes que codifican para proteínas de resistencia (R) probables (tipo RGA) y 2 genes tipo *mlp-like* que codifican para proteínas parecidas a la proteína del látex, 1 gen implicado en la biosíntesis de ácido N-benzoil-4-metoxiantranílico (fitoalexina de clavel), así como genes que participan de las rutas de señalización hormonal. Los resultados de RT-qPCR evaluados en dos de estos genes, coincidieron con la tendencia del perfil de expresión de datos de secuenciación a tiempo temprano. Esta investigación profundiza en los mecanismos moleculares relacionados con la resistencia a la enfermedad y aporta de manera significativa al entendimiento de este patosistema de crucial importancia económica para el país.

C2B20093

Búsqueda de posibles factores de virulencia de *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* responsables del marchitamiento vascular en clavel

Ana Patricia Martínez-González^{2*}, Fernanda Castiblanco Quiroga¹, Harold Ardila Barrantes¹

¹Grupo de Estudio de Actividades Metabólicas Vegetales, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

²Grupo de Estudio de Actividades Metabólicas Vegetales, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia

*Ponente: apmartinezg@unal.edu.co

El clavel es una de las especies de planta más importantes para el sector floricultor, puesto que constituye la segunda especie de flor más exportada después de la rosa. No obstante, la producción de clavel se ve afectada en gran medida por el marchitamiento vascular, causado por el hongo *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* (Fod). Dentro de la interacción planta – patógeno se desencadenan diferentes respuestas bioquímicas relacionadas con la expresión de genes que participan en la respuesta de defensa en la planta o vinculados a la producción de factores de virulencia por parte del patógeno. En el presente estudio, se determinaron algunos de los factores de virulencia que *Fod* secreta en el apoplasto del clavel durante su infección, con el fin de establecer una interacción compatible con su hospedero. Para ello, se realizó un estudio proteómico empleando muestras de fluido apoplástico de raíz de esquejes infectados con *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* 7 días después de la inoculación y mediante HPLC-MS/MS se lograron identificar 14 proteínas extracelulares pertenecientes a *Fod*, de las cuales 6 proteínas fueron clasificadas como posibles efectores apoplásticos. A partir de estos resultados, se seleccionaron 2 proteínas para su evaluación a nivel transcripcional empleando RT-qPCR, Superóxido Dismutasa Cu-Zn SOD1 y Tripeptidil peptidasa SED4. Estos resultados mostraron que los niveles transcripcionales de los genes codificantes para estas proteínas son modulados diferencialmente en función del tiempo y del nivel de resistencia de la planta, encontrando que para Superóxido Dismutasa Cu-Zn SOD1 (*sod1*) se presentó un máximo a las 24 hpi en la variedad susceptible y un máximo a las 48 hpi en la variedad resistente, mientras que para Tripeptidil peptidasa SED4 (*sed4*) se encontró un aumento en la transcripción de este gen a las 24 hpi en la variedad susceptible y un máximo a las 96 hpi en la variedad resistente. En general, estos resultados muestran que los genes evaluados pueden llegar a cumplir un papel importante en la infección y colonización del clavel por *Fod*.

C2B20108

Respuestas morfológicas y cambios en la eficiencia de la fotoquímica del fotosistema II de cultivares amazónicos de yuca frente al estrés por anegamiento

Juan Sebastián Sánchez-Ferro^{1*}, Luz Marina Melgarejo², Johana Soto-Sedano¹, Paula A. Díaz-Tatis³

¹ Grupo de Investigación Manihot biotec, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

² Grupo de Investigación Fisiología del estrés y la biodiversidad de microorganismos y plantas, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. ³ Grupo de Investigación en Ciencias Biológicas y Químicas, Universidad Antonio Nariño.

*Ponente: jssanchezf@unal.edu.co

Durante milenios las comunidades indígenas de la Amazonía han empleado el cultivo de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) como sustento alimentario básico. La diversidad genética que han mantenido las comunidades amazónicas en las chagras y las características hidroclimáticas de la Amazonía colombiana han permitido el desarrollo potencial de cultivares de yuca tolerantes al estrés por exceso hídrico. No obstante, las respuestas de estos cultivares a las inundaciones son desconocidas. El objetivo de esta investigación fue caracterizar la respuesta fisiológica de un panel diverso de plantas de yuca enriquecido en cultivares amazónicos frente a la condición de anegamiento. Plántulas crecidas en invernadero fueron anegadas 5 cm por encima del suelo durante 15 días. Cada semana se monitoreó el vigor de las plantas, la fluorescencia de la clorofila a, el desarrollo de raíces adventicias, hipertrofia de lenticelas o modificaciones al nivel del tallo. Al finalizar el período de anegamiento se recolectaron hojas para la medición de la actividad antioxidante de las enzimas superóxido dismutasa, ascorbato peroxidasa y catalasa. Los cultivares más tolerantes mostraron un mayor vigor y un mejor desempeño del fotosistema II asociado al desarrollo de raíces adventicias y la hipertrofia de lenticelas. Por otro lado, las plantas más sensibles mostraron un posible daño a nivel del complejo cosechador de luz en los primeros 8 días. A partir de este estudio se busca caracterizar por primera vez la respuesta de un panel amazónico de yuca frente al estrés por anegamiento. Teniendo en cuenta los efectos de la variabilidad climática y del cambio climático en la región, se espera que este conocimiento pueda ser empleado para promover la soberanía alimentaria de las comunidades que se vean afectadas por inundaciones.

C2B20109

Caracterización fisiológica de la respuesta de cultivares amazónicos de yuca frente al déficit hídrico

Steban Ruiz^{1*}, Juan Sebastián Sánchez-Ferro¹, Lourdes Cárdenas³, María Camila Escobar¹, Luz Marina Melgarejo², Johana Soto-Sedano¹, Paula Díaz-Tatis³

¹Grupo de Investigación Manihot biotec, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

²Grupo de Investigación Fisiología del estrés y la biodiversidad de microorganismos y plantas, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. ³Grupo de Investigación en Ciencias Biológicas y Químicas, Universidad Antonio Nariño.

*Ponente: eseruzgu@unal.edu.co

En recientes décadas los eventos de sequía en la Amazonía han incrementado su frecuencia, especialmente hacia el sur y suroriente de la región. La yuca (*Manihot esculenta* Crantz) es una especie amazónica ampliamente empleada para la alimentación humana que presenta una alta tolerancia al déficit hídrico, lo que la perfila como un cultivo de interés ante escenarios de sequía. No obstante, el conocimiento que se tiene sobre los cultivares de la Amazonía colombiana es restringido. Con el fin de encontrar nuevos materiales frente a escenarios de déficit hídrico, en este estudio se caracterizó la respuesta fisiológica de cultivares de la Amazonía colombiana bajo condiciones de privación de riego. Plantas crecidas en invernadero fueron privadas de riego durante 3 semanas y se monitoreó la conductancia estomática, fluorescencia de la clorofila a, área foliar y número de hojas. La actividad de las enzimas superóxido dismutasa, ascorbato peroxidasa y catalasa fue determinada al finalizar el periodo de estrés. En general, el panel mostró una alta tolerancia al estrés durante el periodo de monitoreo. La mayoría de los cultivares presentaron una disminución en la conductancia estomática, pero sin un cambio en el vigor o el desempeño del fotosistema II durante los primeros 16 días. Las plantas más sensibles mostraron una posible fotoinhibición dinámica ($F_v/F_m < 0.8$). Con este estudio se busca determinar los rasgos fisiológicos que se asocian con la tolerancia de la yuca al déficit hídrico. El conocimiento, identificación y caracterización de cultivares con rasgos de tolerancia al déficit hídrico representan una fuente de recursos genéticos para programas de mejoramiento dirigido a regiones afectadas por el cambio climático y el calentamiento global.

Dynamics of cadmium bioavailability and its impact on physicochemical properties and enzymatic activities in cacao soils and tissues

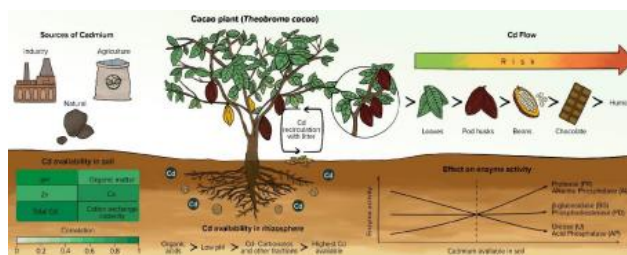
Cristian Camilo Bustos-Linares^{1*}, Diego Alejandro González-Bello¹, Miguel Ángel Bejarano-Ramírez¹, Lizeth Manuela Avellaneda-Torres², Esperanza Torres Rojas¹

¹ Grupo de investigación de Agrobiodiversidad y Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, D.C. Colombia

² Grupo de investigación de Agrobiodiversidad y Biotecnología, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D. C., Colombia.

* Ponente: ccbustosl@unal.edu.co

Cadmium (Cd) is a heavy metal that can be present in soil. It has no biological function in plants and its availability generates a risk for the growth and development of organisms due to its toxicity. The objective of this study was to evaluate the dynamics of Cd bioavailability and its relationship with physicochemical properties and enzymatic activities in cacao soils and in cacao tissues. To achieve this, (i) five potentially available Cd (Cda) extraction methods were evaluated to determine the one with the highest correlation between Cd in soils and in cacao tissues. (ii) Physicochemical properties, total Cd content (Cdt), Cda, and enzymatic activities related to the N cycle [Urease (U) and protease (PR)], C cycle [β -glucosidase (BG)] and P cycle [Acid phosphatase (AP), alkaline phosphatase (ALP) and phosphodiesterase (PD)] were determined at two depths and in rhizospheric soil (Rz). (iii) The Cd content in cacao leaf litter, leaves, and beans was determined. (iv) Relations were established among the different parameters. It was found that Cda extracted with the different methods decreased in the order $\text{HCl} > \text{Mehlich III} > \text{DTPA} > (\text{ammonium acetate-acetic acid EDTA}) > \text{CaCl}_2$. Cd concentrations exceeded the limits for uncontaminated agricultural soils, as well as the Cd content allowed in cacao beans. The distribution of Cd was heterogeneous across soil samples. No differences in Cd concentrations between soil depths were evident, but it increased in the rhizosphere at a slightly acidic pH. The parameters most related to Cda were pH, Ca, Zn, and ECEC. Tissue Cd content decreased as follows: leaf litter > leaves > beans. All the enzymes evaluated showed higher activity in 0-30 cm depth in the soil. The BG, AP and PD did not show significant changes in relation to Cd content. However, U decreased in soils with higher Cd content, and PR and ALP increased in soils with higher Cd, which would indicate possible synchronous inverse behavior of U and PR. This research contributes for the first time to building a holistic view of Cd dynamics in relation to physicochemical and biochemical parameters in soils used for cacao and the cacao tissues.



Generación computacional de péptidos sintéticos con alto potencial como antimicrobianos

Andrea Mesa Gómez^{1*}, Andrés Orrego Perez², John W Branch Bedoya², Carlos A Mera Banguero³, Sergio Orduz Peralta¹

¹Grupo Biología Funcional, Escuela de Biociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia.

²Grupo GIDIA, Facultad de Minas, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia. ³Grupo Automática Electrónica y Ciencias Computacionales, Facultad de Ingenierías, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín, Colombia.

*Ponente: anmesago@unal.edu.co

Una de las principales amenazas para la salud mundial en la actualidad es la resistencia de los microorganismos a los medicamentos y se estima que causará más de 10 millones de muertes por año para el 2050. Como alternativa se ha considerado el uso de péptidos antimicrobianos puesto que ofrecen ventajas notables como su alta especificidad, selectividad y afinidad por membranas. Los péptidos sintéticos generados por herramientas de inteligencia artificial (IA) son una nueva alternativa eficiente y con alto potencial para desarrollar nuevos antimicrobianos a bajo costo. Este trabajo buscó evaluar y optimizar un conjunto de péptidos sintéticos generados con dos algoritmos de IA, PepGen 1.0 y un Prototipo de arquitectura de red neuronal GAN (Red Generativa Antagónica). Se generaron 3000 péptidos sintéticos con cada generador y se clasificaron con herramientas de IA, como los predictores de actividad antimicrobiana (AMPClass, CAMP-R3 y AMP Scanner Vr.2), de capacidad hemolítica (HAPPENN) y de toxicidad (ToxinPred). Obteniendo finalmente 26 péptidos novedosos generados *in silico*, con más del 95% de probabilidad de ser antimicrobianos, capacidad de unión a membranas y biológicamente seguros. Además, mediante análisis de las propiedades fisicoquímicas se determinó que el generador Prototipo con arquitectura GAN produce secuencias con mayor probabilidad y características relacionadas con péptidos antimicrobianos. Finalmente, se sintetizaron 12 péptidos (6 generados y 6 modificados) para realizar pruebas *in vitro* contra los patógenos *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella. quasipneumoniae* y *Candida albicans*, encontrando que la mitad de los péptidos tienen una MIC por debajo de 16 μ M, llegando algunos a inhibir el crecimiento a 2 μ M, como PO1M a *E. coli*, PO9M a *P. aeruginosa* y PV1 a *S. aureus*. También se probaron los péptidos contra la línea de adenocarcinoma de pulmón humano (A549), con la que se obtuvo un IC50 de 17.8 μ M con PO4M y de 16.3 μ M con PV1. Estos resultados permiten concluir que los péptidos generados tienen una alta actividad antimicrobiana como se esperaba, y se pudo observar una disminución significativa de la MIC luego de realizar las modificaciones, por lo tanto, se valida también la metodología de modificación desarrollada.

Implementación de la tecnología *phage display* para la producción de anticuerpos monoclonales recombinantes a partir de IgYs aviares

Laura E Riascos-Orjuela^{1*}, GJ Díaz-González ², Maria Helena Ramírez- Hernández¹

¹ Laboratorio de Investigaciones básicas en bioquímica (LIBBIQ), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ² Laboratorio de Toxicología, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Ponente: leriascoso@unal.edu.co

La tecnología *phage display*, permite expresar y aislar fragmentos de anticuerpos presentándolos en la superficie de bacteriófagos, denominados anticuerpos monoclonales recombinantes (rmAbs). Considerando el potencial de esta tecnología y los costos que representa la adquisición de anticuerpos comerciales o el acceso a servicios de producción y evaluación de mAbs, se resalta la necesidad de implementar alternativas locales que aumenten la capacidad de detección de moléculas de interés en Colombia. **Objetivo:** Implementar la tecnología *phage display* en modelo aviar como primer paso en la producción local y alternativa de rmAbs. **Metodología:** El dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína *Spike* (S) de SARS-CoV-2 se expresó en *E. coli* BL21(DE3) y se purificó a partir de cuerpos de inclusión. La proteína recombinante obtenida (6xHis-SUMO-RBD) fue inoculada en una gallina Hy-Line Brown. Se recolectaron huevos y sangrías para evaluar los anticuerpos policlonales (pAbs). Finalizado el esquema de inoculación, se sacrificó al animal para obtener el bazo y extraer ARN. Luego, se sintetizó ADN complementario (ADNc) para amplificar las regiones que codifican para las cadenas variables ligeras (VL) y pesadas (VH) de las IgYs. Estas regiones fueron clonadas en el fásmidio pSEX81. Se transformaron células *E. coli* TG1 por electroporación con los constructos obtenidos (pSEX81-ScFv) y se infectaron con el hiperfago M13K07ΔPIII. Finalmente, se realizaron rondas de *biopanning* para obtener una librería de fagos recombinantes enriquecida en mrAbs específicos para 6xHis-SUMO-RBD. **Resultados y discusión:** Los pAbs presentes en los sueros colectados, detectaron hasta 7,8ng de 6xHis-SUMO-RBD. Además, se evidenció reconocimiento cruzado de otras proteínas recombinantes que cuentan con las etiquetas 6xHis o 6xHis-SUMO, indicando que también se generaron, adicionalmente, anticuerpos contra dichas etiquetas. Con base en esto, se estableció que el dominio RBD expresado puede funcionar como proteína transportadora o *carrier* de las etiquetas, que se desempeñarían como haptenos. Se construyó una librería de constructos pSEX81-ScFv de un tamaño de 3.75×10^6 cfu. Finalmente, luego de las rondas de *biopanning*, se obtuvo la librería a partir de la cual se han aislado clones específicos que reconocen a 6xHis-SUMO-RBD, que serán caracterizados y empleados en la producción de rmAbs. **Financiación y agradecimientos:** Este trabajo se financió gracias el proyecto de la División de Investigación Sede Bogotá - Universidad Nacional (DIB) “Implementación y desarrollo de dos estrategias para la detección y el diagnóstico molecular: IgY vs aptámeros”, código 51302

C2B20141

Modelamiento dinámico y metabólico de un consorcio sintético de microbiota intestinal humana inoculada en ratones gnotobióticos

Alejandro Castellanos¹, Maryam Chaib De Mares^{2*}, Alejandro Reyes Muñoz¹, Andrés Quiñones³

¹Grupo de Max Planck Tandem en Biología Computacional y Ecología Microbiana, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. ²Grupo de Biología Molecular Teórica y Evolutiva, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ³Instituto de Biología, Université de Neuchâtel, Neuchâtel, Suiza

*Ponente: mchaib@unal.edu.co

Cada vez con mayor fuerza, la evidencia apunta a que la microbiota intestinal tiene grandes implicaciones en la fisiología y salud de su hospedero animal. En el caso de los humanos, la microbiota intestinal está compuesta por comunidades complejas de microorganismos, los cuales son modulados por diversos factores entre los cuales destaca la dieta. Esta desempeña un papel fundamental en la salud y la nutrición al metabolizar compuestos que no son digeribles por el intestino humano. Por esto, el uso de consorcios microbianos sintéticos ha emergido como una estrategia para hacer frente a esta complejidad y analizar el rol de microorganismos clave en la asociación. En este estudio, analizamos la composición y expresión génica de una comunidad microbiana sintética inoculada en dos grupos de ratones gnotobióticos que recibieron dietas distintas. Nuestro objetivo fue determinar las interacciones ecológicas de las especies en la comunidad, el tipo de funciones metabólicas implicadas en estas interacciones y el efecto de la dieta. La aproximación metodológica incluyó el modelamiento dinámico de las comunidades basado en el modelo generalizado de Lotka-Volterra (gLTV) y una integración de perfiles metabólicos obtenidos a través de metagenómica para implementar modelos de redes metabólicas *in silico* a escala genómica para predecir niveles de competencia y complementariedad funcional entre las doce especies bacterianas en el consorcio sintético, los cuales se compararon con las interacciones ecológicas derivadas del modelo gLTV. Las predicciones de las interacciones metabólicas a partir de los genomas bacterianos en el consorcio sintético recapitulaban las interacciones ecológicas modeladas entre estas especies. Además, se observó que las bacterias dominantes, pertenecientes al filo Bacteroidetes, presentaron un amplio repertorio metabólico para digerir tanto los carbohidratos como los aminoácidos de la dieta; mientras que las bacterias pertenecientes a otros filos, resultaron ser especialistas, con actividades metabólicas más reducidas. En general, presentamos un enfoque de modelado ecológico y funcional que elucidó mecanismos relevantes de la estructura y dinámica de la microbiota intestinal que son difícilmente detectables mediante métodos tradicionales. Finalmente, destacamos la utilidad de generar nuevas comunidades sintéticas para desentrañar el papel microbiano asociado con la fisiología del hospedero.

Producción heteróloga de proteínas tipo lectina con motivos de unión a células madre mesenquimales

Lyda C. Caballero Méndez^{1*}, Augusto Zuluaga Vélez¹, Jhon Jairo Melchor-Moncada¹, Adrián Quintero-Martínez², Juan Carlos Sepúlveda-Arias¹

¹ Grupo infección e inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia.

² Departamento de Química de Biomacromoléculas, Instituto de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

*Ponente: lydaccm_27@utp.edu.co

Introducción: Las lectinas son un grupo de proteínas de origen no inmune que se unen de manera selectiva a residuos de carbohidratos. Estas proteínas son expresadas de forma natural por virus, plantas, animales e incluso por el humano. Debido a su especificidad, son herramientas valiosas en la investigación biomédica. Se utilizan para estudiar la estructura de membranas celulares, detectar células tumorales, purificar glicoconjugados, identificar y separar poblaciones celulares específicas, realizar estudios citogenéticos, tipificar grupos sanguíneos e inmunoensayos. **Objetivo:** Aislar y producir lectinas recombinantes con especificidad de unión a residuos glicosilados expresados en la superficie de células madre mesenquimales. **Metodología:** A partir de los perfiles de expresión de células madre mesenquimales humanas reportados en el *Consortium for Functional Glycomics*, se seleccionaron las lectinas SIGLEC-2 y LSECtin. Se diseñaron vectores de clonación y expresión para las regiones que codifican el dominio de reconocimiento de carbohidratos de las lectinas, los cuales se clonaron en *E. coli* DH5α. Se verificó el tamaño, la secuencia y el sentido del ADN plasmídico mediante PCR y tecnología Oxford Nanopore. Los plásmidos se expresaron en *E. coli* lemo21 (DE3) con kanamicina y cloranfenicol, y se estableció la concentración y el tiempo óptimos de L-ramnosa para la producción de las proteínas. El proceso se escaló y las proteínas se purificaron mediante diálisis y cromatografía líquida de afinidad con ligandos de BSA glicosilados. **Resultados:** La secuenciación y PCR confirmaron la secuencia esperada de los dominios de reconocimiento de carbohidratos en los plásmidos. Después de 48 horas de incubación, con una concentración de L-ramnosa de 10 y 25 nM, se obtuvieron las mayores concentraciones de las proteínas recombinantes. Finalmente, fueron separadas, a partir de cuerpos de inclusión, las proteínas recombinantes por su afinidad hacia carbohidratos. **Discusión:** La estrategia metodológica permitió obtener proteínas recombinantes de unión a residuos glicosilados expresados en células madre mesenquimales. Estas proteínas pueden ser empleadas para promover la adhesión celular en biomateriales de uso en la ingeniería de tejidos y la medicina regenerativa.

C2B20020

Evaluación del potencial de hongos filamentosos en la degradación de asfaltenos en suelos

Mábel Sofía Barrera Ayala^{1*}, German Alexis Zafra Sierra¹

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

*Ponente: masobay@gmail.com

Introducción: La contaminación ambiental constituye uno de los principales problemas a nivel global, siendo la industria petrolera una de las que genera mayor impacto. El petróleo se encuentra compuesto por diferentes fracciones, dentro de las cuales la fracción asfáltica es la más compleja y recalcitrante. Debido a su alto peso molecular, complejidad estructural y alta hidrofobicidad, la eficiencia de degradación de los asfaltenos en suelos es baja con relación a las otras fracciones, por lo cual se buscan alternativas de biodegradación empleando microorganismos que degraden los contaminantes de manera segura y sostenible. Múltiples estudios han reportado microorganismos con capacidad de degradar asfaltenos, pero pocos se han identificado y caracterizado por su nivel de tolerancia, adaptación y supervivencia a altas concentraciones de este hidrocarburo. **Objetivo:** Evaluar el potencial de degradación de diferentes hongos filamentosos sobre asfaltenos puros a escala laboratorio. **Metodología:** Se empleó un conjunto de 11 aislados de hongos filamentosos previamente obtenidos a partir de suelos contaminados con petróleo crudo pesado, los cuales se identificaron mediante la amplificación y secuenciación de los genes ITS, y se caracterizaron mediante ensayos de superficie en placa para determinar su velocidad de crecimiento radial. Posteriormente se evaluó su nivel de tolerancia a concentraciones de asfaltenos entre 100 y 100.000 partes por millón (ppm) y se realizaron pruebas de antagonismo microbiano para determinar su grado de compatibilidad al ser mezclados. **Resultados y discusión:** Los aislados fúngicos correspondieron a seis especies diferentes dentro de los géneros *Penicillium* y *Aspergillus*, y mostraron velocidades de crecimiento radial similares. Nueve de los once aislados presentaron altos niveles de tolerancia hacia asfaltenos puros, creciendo en presencia de hasta 100.000 ppm, con variaciones en su velocidad de crecimiento y capacidad de esporulación a medida que aumentaba la concentración. Además, presentaron escasas relaciones antagónicas entre ellos, lo que permitiría mezclarlos para ser usados a manera de consorcio. Teniendo en cuenta el ambiente del cual fueron aislados, su elevado nivel de tolerancia y compatibilidad, los hongos caracterizados presentan potencial real para ser utilizados en ensayos de biorremediación en suelos contaminados con elevadas concentraciones de hidrocarburos pesados.

C2B20027

La nicotinato fosfo-ribosil transferasa de *Leishmania braziliensis* (LbNAPRT): Identificación de una enzima fundamental en el metabolismo del NAD⁺ y la ruta de reciclaje de nicotinato-nicotinamida

Cristian Alirio Gutiérrez- Gutiérrez*, Zuly Rivera Monroy, María Helena Ramírez Hernández¹

¹Grupo de Investigaciones Básicas en Bioquímica (LIBBIQ), Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

*Ponente: crgutierrezg@unal.edu.co

Introducción: La Leishmaniasis es una enfermedad de alta incidencia en Colombia, con el propósito de identificar nuevos blancos quimioterapéuticos para su tratamiento, se identificó experimentalmente la LbNAPRT, enzima encargada de sintetizar el mononucleótido de ácido nicotínico (NAMN) a partir del ácido nicotínico (NA) y la 5-fosfo- α -D-ribose 1-difosfato (PRPP), paso esencial para la síntesis del NAD⁺ en este tipo de parásito. **Objetivo:** Evaluar experimentalmente la identidad de un candidato a LbNAPRT mediante ensayos de actividad enzimática, empleando la proteína recombinante generada en el sistema heterólogo *E. coli*. **Métodos:** La expresión de la proteína recombinante LbNAPRT6xHis fue realizada en *E. coli* BL21(DE3) empleando el vector pET22b+Lbnprt. Se optimizaron las condiciones de expresión. Posteriormente, la purificación se llevó a cabo mediante cromatografía de afinidad a metales (IMAC) bajo condiciones denaturante a partir de la fracción insoluble. La proteína purificada fue renaturalizada. El proceso fue monitoreado mediante SDS-PAGE y *western blot*. Finalmente, la actividad catalítica de la LbNAPRT6xHis se evaluó mediante ensayo enzimático directo empleando PR HPLC. **Resultados y discusión:** La obtención de proteínas recombinantes constituye un reto, ya que muchas proteínas se acumulan en la fracción insoluble como fue el caso del candidato. La purificación mediante cromatografía de afinidad bajo condiciones denaturantes seguida de la renaturalización en medio reductor permitió la obtención de la proteína funcional, la cual posee 11 cisteínas. En la evaluación enzimática de la proteína recombinante LbNAPRT6xHis se verificó el consumo de los sustratos (ATP y NA) e igualmente la aparición del producto NAMN en relación con los controles negativos. Constituyendo lo anterior evidencia para la identificación la primera nicotinato fosfo-ribosil transferasa de *Leishmania braziliensis*. Los resultados se confirmaron mediante evaluación de la proteína obtenida a partir de diferentes métodos de purificación. La LbNAPRT es una proteína de 47.0 kDa que presenta algunas inserciones específicas con relación a su ortólogo humano que podrían postularla como un potencial blanco quimioterapéutico.

C2B20029

Composición y diversidad de la comunidad microbiana del suelo asociada a tres ecosistemas del Valle del Cauca, Colombia

Juan Diego Duque-Zapata^{1*}, Glever Alexander Vélez-Martínez¹, Wendy Lorena Reyes-Ardila¹, Jaime Eduardo Muñoz-Flórez¹, Silva Paula Rugeles¹, Diana López Álvarez¹

¹Grupo de investigación en diversidad biológica, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia.

*Ponente: jduquez@unal.edu.co

El microbioma del suelo desempeña un papel fundamental en diferentes ecosistemas, pueden influir en los ciclos bioquímicos, el ciclo de los nutrientes y el mantenimiento de la biodiversidad. Se secuenció los amplicones de ARNr ITS1-ITS5 para hongos y V3-V4 del gen 16s, usando NovaSeq 6000 para 70 muestras asociadas a suelos de los ecosistemas de bosque seco tropical, bosque andino y páramo, en el Valle del Cauca, Colombia. Se obtuvieron un total de 4.840.000 lecturas para bacterias y 7.000.000 para hongos, que fueron procesadas usando Qiime2 y empleando la base de datos taxonómica Silva y Unite, respectivamente, identificando 64.140 ASVs para bacterias y 36.550 para hongos. El ecosistema con mayor abundancia relativa de bacterias y hongos fue bosque seco tropical (43% y 38%) seguido de bosque andino (39% en ambos) y finalmente Páramo (19% y 23%). El análisis multifactorial evidenció asociaciones entre parámetros fisicoquímicos y algunos géneros de hongos y bacterias, encontrando que el bosque seco tropical presentó los niveles más altos de Ca y B, y una mayor presencia de *Bacillus* y *Fusarium*, este primero produce enzimas capaces de movilizar nutrientes de los minerales del suelo, mientras *Fusarium* puede estar relacionada con altos niveles de fósforo presente en este ecosistema gracias a su capacidad de solubilizar este elemento. En el bosque andino los géneros de hongos *Archaeorhizomyces* y *Glutinomyces* se asociaron con variables químicas como carbono orgánico y Fe, lo que podría deberse a su capacidad de emplear el hierro en sus procesos metabólicos. Finalmente, el páramo obtuvo los niveles de carbono orgánico, materia orgánica y hierro más elevados, lo que podría estar relacionado con la presencia de bacterias *Candidatus Koribacter* y el hongo *Archaeorhizomyces*, los cuales han sido reportados como degradadores de materia orgánica. Conocer la diversidad y composición del microbioma del suelo, puede ser de gran ayuda en planes de conservación del suelo identificando suelos degradados o contaminados.

C2B20030

Redes moleculares de la respuesta al estrés por aluminio en palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq)

Fernán Santiago Mejía-Alvarado^{1*}, David Botero-Rozo¹, Leonardo Araque¹, Cristhian Bayona¹, Mariana Herrera-Corzo¹, Carmenza Montoya¹, Iván Ayala-Díaz¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹Área de Biotecnología, Programa de Biología y Mejoramiento, Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite - CENIPALMA, Bogotá, Colombia. ²Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

* Ponente: fmejia@cenipalma.org

La solubilización de los iones de aluminio (Al^{3+}) que resulta de la acidez del suelo ($\text{pH} < 5.5$) es un factor limitante en el rendimiento de la palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq). En diferentes países la palma de aceite se siembra en suelos ácidos, lo que representa un desafío para lograr una alta productividad. El objetivo del estudio fue identificar el conjunto de genes y módulos involucrados en la respuesta temprana a la exposición al Al.

Se utilizaron plántulas de cuatro genotipos IRHO 7001, CTR 3-0-12, CR 10-0-2 y CD 19- 12, en un diseño de bloques completamente al azar con tres repeticiones por cada genotipo, que fueron expuestos durante tres días a una solución de Hoagland con $150 \mu\text{M}$ de $\text{AlCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ ($\text{pH} 4.2$). Posteriormente, se procedió al análisis del transcriptoma de las raíces junto con el análisis de la expresión génica diferencial y el análisis de redes moleculares. Se identificaron redes que incluyen los factores de transcripción independientes de ABA DREB1F, NAC y un sensor de calcio similar a las calmodulinas (CML) que podrían inducir la expresión de las enzimas desintoxicantes internas como GRXC1, PER15, ROMT, ZSS1, BBI y HS1 contra el estrés por Al. Además, algunas redes de genes señalan el papel de los metabolitos secundarios como polifenoles, sesquiterpenoides y componentes antimicrobianos, en la reducción del estrés oxidativo. La expresión del gen STOP1 podría ser el primer paso de la inducción de genes comunes de respuesta a Al como un mecanismo de desintoxicación externa mediado por vías dependientes de ABA. Adicionalmente, se validaron mediante qPCR doce genes centrales, lo que respalda el análisis de redes. Los enfoques de análisis de expresión diferencial y biología de sistemas brindan una mejor comprensión de los mecanismos de la red molecular en respuesta al estrés por aluminio y sientan las bases para una mayor caracterización funcional de los genes candidatos asociados con el estrés por Al en la palma de aceite.

C2B20031

Genes relacionados con la inducción de partenocarpia por el ácido naftaleno acético en híbridos O × G de palma de aceite [*Elaeis oleifera* (Kunth) Cortés × *Elaeis guineensis* Jacq.]

Carmenza Montoya^{1*}, Fernán Santiago Mejia-Alvarado¹, David Botero-Rozo¹, Iván Mauricio Ayala-Díaz¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹ Área de Biotecnología, Programa de Biología y Mejoramiento, Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite - CENIPALMA, Bogotá, Colombia. ² Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

* Ponente: cmontoya@cenipalma.org

La partenocarpia es el desarrollo sin fertilización de frutos sin semilla. En la industria de la palma de aceite, el desarrollo de frutos partenocárpico se considera una opción atractiva para incrementar la producción de aceite de palma. Estudios previos han demostrado que la aplicación de auxinas sintéticas en híbridos O×G interespecíficos (*Elaeis oleifera* (Kunth) Cortés × *Elaeis guineensis* Jacq.) induce partenocarpia. El objetivo de este estudio fue identificar el mecanismo molecular a través de la transcriptómica y el enfoque del sistema biológico para responder a cómo la aplicación de ácido naftaleno acético (ANA) induce frutos partenocárpico en híbridos O×G de palma de aceite. Se estudiaron los cambios en el transcriptoma en tres estados fenológicos de las inflorescencias: i) 603, preantesis III, ii) 607, antesis y iii) 700, flor femenina fecundada. Cada estado se trató con ANA, polen y control. El perfil de expresión se estudió en tres momentos: cinco minutos (T0), 24 horas (T1) y 48 h (T2) post tratamiento. La secuenciación de ARN se realizó con 27 híbridos O×G para un total de 81 muestras. El RNA-Seq mostró alrededor de 445.920 genes con numerosos genes expresados diferencialmente e involucrados en la polinización, la floración, el desarrollo de semillas, la biosíntesis de hormonas y la transducción de señales. La expresión de las familias de factores de transcripción fue variable y dependiente de la etapa y el tiempo posterior al tratamiento. En general, el tratamiento con ANA expresó diferencialmente más genes que con la aplicación de polen. Los perfiles transcripcionales de proteínas sensible a auxinas y genes regulados por giberelinas involucrados en los fenómenos de partenocarpia coincidieron con los informados previamente en otras especies. La expresión de 13 genes se validó mediante análisis RT-qPCR. El conocimiento detallado sobre los mecanismos moleculares implicados en la partenocarpia podría utilizarse para facilitar el desarrollo futuro de técnicas de edición del genoma que permitan la producción de cultivares híbridos partenocárpico O×G sin la aplicación de reguladores de crecimiento.

C2B20036

Identificación de *Candidatus Liberibacter* spp. como agente causal de la Marchitez Letal en palma de aceite

Catalina Chaves^{1(*)}, David Botero¹, Camila Rodríguez¹, Santiago Mejía¹, Carmenza Montoya¹ and Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹ Programa de biología y mejoramiento. Centro de Investigación en Palma de Aceite - CENIPALMA. Bogotá, Colombia. ² Departamento de biología, Universidad Nacional de Colombia

*Ponente: cchaves@cenipalma.org

La producción mundial de aceite de palma está liderada por Malasia, Indonesia, Tailandia, Colombia y Nigeria. Colombia es el cuarto productor mundial de aceite de palma, contribuyendo con el 2% de la producción total. En Colombia, los cultivos de palma aceitera son susceptibles a varias enfermedades que afectan la producción y tienen un impacto negativo en los ingresos de los agricultores. La Marchitez Letal (ML) es una enfermedad endémica y la principal causa de pérdida de cultivos en la región oriental del país. Según el Programa de Manejo de Sanidad Vegetal del Centro Colombiano de Investigaciones en Palma de Aceite (Cenipalma), el año pasado se erradicaron 1.500 hectáreas. La enfermedad fue reportada por primera vez en 1994 y se caracteriza por la desecación de los folíolos desde la punta hasta la base. La palma aceitera presenta un secamiento progresivo ascendente de los folíolos, necrosis de las inflorescencias inmaduras y desprendimiento de los frutos. Estudios previos en Cenipalma han asociado estos síntomas con un microorganismo limitado al floema; sin embargo, el cultivo in vitro del patógeno es un desafío, lo que dificulta el cumplimiento de los postulados de Koch. Para ello, buscamos identificar el microorganismo causante de ML en Colombia mediante un enfoque metagenómico. Recolectamos tejidos (hoja, inflorescencia, meristemo y tallos) de palmas de aceite sintomáticas y sanas. Después de secuenciar las regiones V5 y V6 del gen 16s, los archivos de secuencia se analizaron siguiendo un flujo de trabajo en el paquete R DADA2, y se asignaron a unidades operativas taxonómicas (OUT) utilizando "datos de entrenamiento taxonómico RDP formateados para DADA2". Para encontrar una abundancia diferencial de OTU entre muestras, estadísticamente, se realizaron pruebas significativas usando DESeq2. Los resultados de la abundancia taxonómica y diferencial asignada confirmaron la presencia de *Ca. Liberibacter* en todos los tejidos sintomáticos. Fue más abundante en inflorescencias, meristemas y estípites. Los resultados apoyaron la hipótesis de que el agente causal de la Marchitez Letal en Colombia es *Ca. Liberibacter* sp.

C2B20037

Análisis de la interacción planta-patógeno y respuestas moleculares de *Phytophthora palmivora* en palmas de aceite con resistencia y susceptibilidad a la Pudrición del Cogollo en Colombia

Mariandrea García Gaona^{1*}, David Botero Rozo¹, Leonardo Araque¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹Centro de investigaciones de palma de aceite, CENIPALMA

²Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia-sede Bogotá

*Ponente: mgarcia@cenipalma.org

La palma de aceite es uno de los cultivos agrícolas con mayor proyección a nivel mundial, incluyendo Colombia. Sin embargo, una de las principales limitaciones para el buen desempeño de este cultivo en Colombia es la enfermedad conocida como Pudrición del Cogollo (PC), causada por el microorganismo hemibiotrofo *Phytophthora palmivora*. El estudio de la interacción entre la planta y el patógeno es fundamental para el desarrollo efectivo de estrategias de control de enfermedades. No obstante, en el caso específico de la palma de aceite, existe un conocimiento limitado acerca de los mecanismos de infección de *P. palmivora*. En este estudio, se investigó la dinámica molecular in vitro del patógeno mediante el análisis de datos de expresión génica de palmas de aceite con susceptibilidad o resistencia a la enfermedad. A través del análisis de redes de co-expresión, se observaron respuestas distintas de *P. palmivora* en el material vegetal resistente y susceptible. Al enfrentarse a materiales susceptibles, *P. palmivora* mostró una regulación positiva de genes involucrados en el transporte de carbohidratos y sulfatos. Estos genes presentaron co-expresión con efectores apoplásticos y citoplasmáticos, que incluyen enzimas degradadoras de la pared celular, elicinas y efectores con motivo RXLR en la f. Por otro lado, *P. palmivora* en una planta resistente muestra regulación negativa de genes centrales del proceso de infección, lo que reflejaría el impacto del material resistente en la fisiología de *P. palmivora*. El análisis de las redes de co-expresión permitió estudiar el comportamiento de la expresión génica de *P. palmivora* y brindó una visión del mecanismo de infección del patógeno en las palmas de aceite. Esto contribuye a ampliar nuestro entendimiento sobre la interacción planta-patógeno y puede ser de utilidad para el desarrollo de estrategias de control más efectivas contra la Pudrición del Cogollo en este importante cultivo agrícola.

C2B20039

Caracterización de la diversidad genética y los mecanismos evolutivos del gen que codifica la proteína EBP (*Erythrocyte Binding Protein*) de *Plasmodium vivax*

Laura Hernandez-Zambrano^{1,2*}, Heliairis Alfonso-González^{1,2}, Sindy Buitrago Puentes^{1,2},
Diego Garzón-Ospina^{1,2}

¹ Grupo de investigación en Genética y Biología Molecular (GEBIMOL), Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia

² PGAME - Population Genetics and Molecular Evolution, Fundación Scient, Tunja, Colombia.

*Ponente: laura.hernandez13@uptc.edu.co

La malaria es una enfermedad causada por parásitos del género *Plasmodium*, que afecta a poblaciones humanas en países tropicales y subtropicales alrededor del mundo. Entre las medidas preventivas propuestas para su control, se plantea el desarrollo de una vacuna antimalárica, centrada en la selección de antígenos involucrados en el proceso de invasión del parásito, que generen un efecto inmunogénico. Sin embargo, la efectividad de esta iniciativa se ha visto limitada por la diversidad genética que presentan los antígenos. Recientemente se describió el antígeno EBP (*Erythrocyte Binding Protein*), una proteína que actúa como ligando en una vía alterna de invasión de *P. vivax*. Aunque promete ser un potencial candidato a vacuna, la diversidad genética de este antígeno no ha sido completamente analizada, por lo cual, el objetivo de este trabajo fue determinar la diversidad genética del gen *pvebp*. Para esto, se generaron secuencias del gen a partir de PCR *Touchdown* a partir de muestras de ADN parasitario de regiones endémicas de Colombia, estas fueron analizadas junto con 134 secuencias de referencia procedentes de otros países y secuencias de especies filogenéticamente relacionadas. Para Colombia la diversidad del gen fue baja ($\pi = 0,00095$), incluso por debajo de la observada en las secuencias de bases de datos ($\pi = 0,00103$), sugiriendo que el gen *pvebp* es altamente conservado alrededor del mundo. Sin embargo, la diversidad haplotípica en Colombia es mayor en respecto al mundo, lo que sugiere la presencia de diferentes haplotipos, pero a bajas frecuencias, lo que podría determinar una estructuración en las poblaciones de parásito. Adicionalmente, se identificó señales de selección direccional al analizar todas las secuencias, pero en Colombia, los polimorfismos parecen ser neutrales. Finalmente, no se observó que la recombinación genere nuevos alelos. Estos resultados, sugieren que EBP es un potencial candidato a vacuna dado su baja diversidad genética.

C2B20059

Bioprecipitación de plomo por bacterias ureolíticas y su potencial para la remediación del metal

Laura Sofía Pineda^{1*}, Pedro F. B. Brandão¹

¹Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Facultad de Ciencias, Departamento de Química, Grupo de Estudios para la Remediación y Mitigación de Impactos Negativos al Ambiente (GERMINA), Av. Carrera 30 # 45-03, 111321 Bogotá, Colombia

*Ponente: lspinedaf@unal.edu.co.

La contaminación por plomo (Pb) se ha convertido en un importante motivo de preocupación debido a sus diversas fuentes de emisión por actividades antropogénicas, y representa un riesgo para la salud y el medio ambiente por su potencial toxicidad sobre los seres vivos, así como por su permanencia en el ambiente. Recientemente, se ha explorado el método de precipitación de carbonatos inducida por microorganismos, MICP por sus siglas en inglés, utilizando bacterias ureolíticas como alternativa para inmovilizar el plomo precipitándolo como carbonato poco soluble, reduciendo así su biodisponibilidad. En este trabajo se estudió la tolerancia a Pb y el potencial de bioprecipitación de aislados bacterianos provenientes de fincas agrícolas de Santander, Colombia. Todos los aislados fueron capaces de crecer en medio líquido suplementado con 70 mg L⁻¹ de Pb(II). Después de 72 h, se obtuvieron aislados con baja actividad ureasa (inferior a 500 mg NH₄⁺ L⁻¹) y un porcentaje de remoción de Pb inferior al 18%. Otros aislados mostraron una actividad ureasa media, entre 500 y 1000 mg NH₄⁺ L⁻¹, pero no fueron capaces de aumentar suficientemente el pH de la solución y sólo precipitaron el 20% del Pb. Los restantes aislados exhibieron la mayor actividad ureasa, con más de 1000 mg NH₄⁺ L⁻¹, correlacionándose con un aumento significativo del pH hasta 9,3, y un porcentaje de remoción de Pb en solución de hasta el 99%. En general, los ensayos de remoción permitieron obtener precipitados de diferentes colores, lo que sugiere que el Pb está siendo precipitado no sólo como carbonato, sino como otras especies químicas de éste, y que las bacterias pueden estar empleando otros mecanismos para inmovilizar el metal. Finalmente, los resultados obtenidos en este estudio evidencian el potencial de bioprecipitación de Pb de bacterias ureolíticas aisladas de suelos agrícolas para ser utilizados en tratamientos de biorremediación de este metal.

C2B20071

Caracterización de la microbiota bacteriana cultivable asociada a corales *Pocillopora damicornis* blanqueados del arrecife La Azufrada del Parque Nacional Natural Gorgona

Leydy Tatiana Achí-Estrada^{1*}, Lady Daviana Castaño-Herrera¹, Sandra Patricia Rivera Sanchez¹, Luis Fernando Zapata², Luis Martinez-Martinez^{3,4}, Victoria Cardona⁵, Iván Darío Ocampo-Ibáñez¹

¹Grupo de investigación en Microbiología, Industria y Medio Ambiente (GIMIA), Universidad Santiago de Cali, Cali, Colombia.

²Ecología de Arrecifes Coralinos, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ³Instituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba, Universidad de Córdoba, Córdoba, España. ⁴Departamento de Química Agrícola, Edafología y Microbiología, Universidad de Córdoba, Córdoba, España. ⁵Investigación y monitoreo del Parque Nacional Natural Gorgona, Territorial Pacífico, Parques Nacionales Naturales de Colombia, Cali, Colombia.

*Ponente: leydy.achi00@usc.edu.co

A pesar de que los arrecifes coralinos se encuentran entre los ecosistemas con la mayor biodiversidad a nivel global, su viabilidad ha estado seriamente comprometida en las últimas décadas debido a que están desapareciendo a una tasa alarmante, siendo el blanqueamiento coralino una de las principales causas. Debido a su escasez y pequeño tamaño en el Pacífico Oriental Tropical (POT), los pocos arrecifes presentes en el Pacífico colombiano representan un sistema único y supremamente valioso en cuanto a la diversidad de especies que albergan. Con el fin de establecer líneas de base en el estudio del blanqueamiento de corales en el Pacífico colombiano, por primera vez en esta región se caracterizó la microbiota bacteriana cultivable asociada a corales *Pocillopora damicornis*. Para esto, se compararon las poblaciones bacterianas cultivables entre colonias coralinas afectadas y no afectadas por blanqueamiento en el arrecife la Azufrada localizado en Parque Nacional Natural Gorgona (Isla Gorgona, Guapi, Cauca). Utilizando medios de cultivo (Agar Marino, Luria Bertani, TCBS y BHI) se logró purificar un total de 267 aislados bacterianos (171 Gram-negativos y 96 Gram-positivos), que se identificaron a través del sistema MALDI-TOF y secuenciación del gen 16S ARNr. Las especies identificadas pertenecieron a los filos *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Bacillota* y *Firmicutes*. Un total de 138 aislados bacterianos pertenecieron a los corales sanos, mientras que 129 se lograron identificar asociados a los corales blanqueados. A pesar de que no se encontraron diferencias estadísticamente significativas para los índices de diversidad alfa (Simpson y Shannon) y beta (Bray-Curtis) para las especies bacterianas entre corales sanos y blanqueados, se hallaron diferencias entre las proporciones de los géneros bacterianos para cada condición. En este sentido, los corales sanos presentaron una mayor frecuencia de bacterias pertenecientes a los géneros *Proteus* (23.91%) y *Providencia* (18.84%), mientras que los corales blanqueados presentaron una mayor proporción de bacterias pertenecientes a los géneros *Providencia* (30.23%) y *Staphylococcus* (20.15%). La caracterización de las poblaciones bacterianas permitirá ampliar la visión actual sobre las teorías relacionadas con los síndromes y las enfermedades de corales, y contribuirá a entender la alarmante morbilidad y mortalidad de los corales en el mundo.

C2B20077

Producción, extracción y purificación parcial de enzimas hidrolíticas tipo proteasa presentes en el macromiceto *Hexagonia papyracea* como potenciales en la degradación de poli (ácido láctico) - PLA

Jeimmy Peña González^{1,2*}, Harold Duban Ardila Barrantes¹, César Augusto Sierra², Carolina Chegwin Angarita³

¹ Grupo de Investigación Estudio de Actividades Metabólicas Vegetales, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

² Grupo de Investigación en Macromoléculas, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

³ Grupo de Química de Hongos Macromicetos colombianos, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

*Ponente: jrpenag@unal.edu.co

Los plásticos tienen gran importancia en la actualidad no solo por su amplio campo de aplicación, sino porque tienen un alto impacto ambiental debido a su acumulación y baja tasa de degradación. Como alternativa, se vienen desarrollando plásticos elaborados a partir de fuentes biológicas y biodegradables como el PLA, un tipo de poliéster alifático susceptible a la degradación por la acción natural de microorganismos sólo en condiciones particulares de compostaje. Su biodegradabilidad empleando hongos macromicetos y particularmente sus enzimas, ha sido poco estudiada, por lo que este trabajo se plantea con el objetivo de obtener y purificar parcialmente las enzimas proteolíticas provenientes de una cepa de macromiceto (*Hexagonia papyracea*) como potencial en la degradación del PLA. Se obtuvieron los extractos enzimáticos intracelular y extracelular de los productos de la fermentación en estado líquido del hongo. A cada extracto se le determinó actividad proteasa y de estos se identificó que en el extracto intracelular **EI** se encontraba la mayor actividad específica. Este extracto se concentró con membranas Amicon Ultra 10K® y se purificó empleando cromatografías de intercambio iónico con CM-Sepharose y DEAE-Sephadex, encontrándose en la fracción recuperada una concentración de proteína de 0,33 mg/mL y actividad específica de 0,42 U/mg proteína. Esta fracción fue desalinizada, para ser analizada por electroforesis SDS-PAGE empleando patrones de peso molecular. Se encontró que la fracción con actividad fue parcialmente purificada y que los pesos moleculares de las proteínas presentes en la fracción se encuentran en el rango de 21 y 37 kDa. Finalmente, la fracción purificada y una no purificada, fueron usadas como “iniciadores” en el proceso de biodegradación de láminas de PLA. Estos hallazgos representan un avance significativo en la purificación de enzimas con actividad proteasa y su empleo potencial en procesos de degradación enzimática como estrategia para modular la degradación de materiales poliméricos, como el PLA.

C2B20079

Aislamiento de bacterias ureolíticas multifuncionales para la biorremediación de Cd en suelos agrícolas

Carlos Alberto Adarme-Duran^{1,2*}, Elianna Castillo², Pedro F. B. Brandão²

¹Universidad Nacional de Colombia – sede Bogotá, Instituto de Biotecnología (IBUN), Cr. 30 #45-03, Bogotá, Colombia

²Universidad Nacional de Colombia – sede Bogotá, Facultad de Ciencias, Departamento de Química, Grupo de Estudios para la Remediación y Mitigación de Impactos Negativos al Ambiente (GERMINA), Cr. 30 #45-03, Bogotá, Colombia.

*Ponente: cadarme@unal.edu.co

En Colombia, se ha evidenciado que los suelos cacaoteros contienen altos niveles de Cd, un metal potencialmente tóxico, que es absorbido por la planta y translocado hasta la almendra de cacao (materia prima de chocolates). Por tal razón, es importante desarrollar tratamientos que disminuyan la disponibilidad del Cd y así mitigar su presencia en frutos comestibles. El uso de bacterias ureolíticas que inducen la precipitación de carbonatos (U-MICP), es una estrategia biotecnológica con resultados promisorios relacionados con la disminución de la disponibilidad de metales. Sin embargo, poca atención se ha dado a la multifuncionalidad de estas bacterias, que además pueden promover el crecimiento vegetal. Así, el objetivo de esta investigación fue aislar e identificar (por análisis del gen 16S rRNA) bacterias U-MICP, que produjeran la fitohormona ácido indol-3-acético (actividad AIA). Los aislamientos se realizaron a partir de suelos rizosféricos con diferentes contenidos de Cd. Para seleccionar bacterias ureolíticas tolerantes al Cd se utilizó el medio de Christensen modificado (+ 5 mg.L⁻¹ de Cd). La actividad ureolítica se realizó mediante la cuantificación del amonio posterior a la siembra en medio LB con urea (20 g.L⁻¹) y Ca (1.18 g. L⁻¹) por 48h. Para la actividad AIA, las bacterias U-MICP fueron inoculadas en medio LB con L-triptófano (1 g.L⁻¹) por 72h, y la producción de AIA fue determinada mediante un método colorimétrico usando el reactivado de Salkowsky. Adicionalmente, se evaluó la capacidad de remoción de Cd en solución mediante la inoculación de las bacterias U-MICP en medio LB suplementado con 60 mg. L⁻¹ de Cd durante 48h. La concentración de Cd en solución fue determinada mediante absorción atómica. En total fueron aisladas 54 bacterias U-MICP que presentaron actividades ureolíticas entre 272 – 876 mg NH₄⁺.L⁻¹, una producción de AIA entre 4,7 – 79,5 mg. L⁻¹ y porcentajes de remoción de Cd entre 0 – 86,9%. Los resultados evidencian que bacterias con actividad MICP también pueden presentar actividad AIA, indicando que su uso para la biorremediación de Cd se ve complementado mediante una función promotora del crecimiento vegetal que permite mitigar los efectos adversos en el crecimiento de las plantas, producto del estrés causado por los metales potencialmente tóxicos.

C2B20082

Remoción de cromo hexavalente (Cr(VI)) y degradación de naranja de metilo por *Klebsiella pneumoniae*

Tania Lucía Ballestas-Vergara^{1*}, Henry J. Cuevas-Menco¹, Alfredo Montes-Robledo¹, Rosa Baldiris-Avila¹.

¹Grupo de investigación Microbiología Clínica y Ambiental, Facultad de Ciencia Exactas y Naturales Campus de San Pablo, Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia.

*Ponente: tballestasv@unicartagena.edu.co

El campo industrial a nivel mundial produce grandes volúmenes de efluentes contaminados provenientes de diferentes sectores como la industria papelería, del cuero, de fertilizantes, alimentaria, cosmética, farmacéutica y textil. Altos niveles de diversos colorantes azoicos han sido identificados, al igual que su coexistencia con metales pesados como el cromo, cadmio, cobalto, cobre que son utilizados como mordiente en muchos procesos. Sin embargo, estos efluentes van dirigidos a los cuerpos de agua y generan impactos negativos al ambiente y humanos, debido a su alta toxicidad, carcinogenicidad y mutagénesis. Por otro lado, la biodegradación bacteriana se reconoce cada vez más como un método eficaz para la remediación de residuos dado a su habilidad de establecer diferentes mecanismos de desintoxicación a varios xenobióticos persistentes en sus ambientes donde habitan. En este estudio se evaluó la capacidad de la cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* aislada de efluentes de cromado de autopartes para remover Cr (VI) y degradar el colorante azoico Naranja de metilo. La caracterización fenotípica de *Klebsiella pneumoniae* fue realizada mediante pruebas microbiológicas y bioquímicas estándares, la amplificación y secuenciación del gen 16SRNAr. Los parámetros óptimos: pH (6,0; 6,5; 7,0; 7,5 y 8,0) y temperatura (25,0; 30,0; 37,0 y 40,0 °C) fueron analizados para la remoción de Cr (VI) (100 mg/L) empleando el método de 1,5-difenilcarbazida a 0, 12, 24, 48, 72, 96 y 120 h. Adicionalmente, la eficacia de la decoloración del colorante Naranja de metilo fue evaluado por espectrofotometría UV-Vis a 0, 12, 24, 48, 72, 96 y 120 h, haciendo uso de los mismos parámetros óptimos para Cr (VI). La espectroscopía infrarroja con transformada de Fourier (FTIR) fue usada para caracterizar los metabolitos intermediarios del proceso de degradación. *Klebsiella pneumoniae* presentó una eficiente remoción de cromo hexavalente en un tiempo inferior a 96 horas, superando el 90%. Así mismo, mostró una capacidad de degradación del colorante Naranja de metilo, del 99.41% a pH 7.5 y 37°C. Estos resultados sugieren que *Klebsiella pneumoniae* podría ser una cepa potencial en la biorremediación de contaminantes industriales y la mitigación de los impactos ambientales negativos asociados a estos compuestos.

C2B20094

Extracción, purificación y caracterización parcial de una lectina a partir del cuerpo fructífero del hongo *Ganoderma lucidum*

German Darío Morera Bedoya^{1,2*}, Harold Duban Ardila Barrantes¹, Carolina Chegwin Angarita², Nohora Angelica Vega³, Sandra Montoya Barreto⁴

¹ Grupo de Investigación Estudio de Actividades Metabólicas Vegetales, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

² Grupo de Química de Hongos Macromicetos Colombianos, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

³ Grupo de Investigación en Proteínas, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ⁴ Planta de Bioprocesos, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia.

*Ponente: gdmorerab@unal.edu.co

El estudio de las lectinas de hongos macromicetos es importante para comprender su estructura y función, explorar sus aplicaciones biotecnológicas y evaluar su impacto en la alimentación humana, entre otros aspectos. Se ha observado que algunas lectinas pueden actuar como prebióticos al interactuar con ciertos carbohidratos presentes en la microbiota intestinal y promover el crecimiento de bacterias beneficiosas. La extracción, purificación y caracterización bioquímica proporciona información importante sobre el potencial uso de esta lectina en aplicaciones biotecnológicas para la industria de alimentos. El objetivo de esta investigación fue extraer y purificar parcialmente una lectina responsable de la hematoaglutinación de eritrocitos de caballo utilizando el cuerpo fructífero del hongo *Ganoderma lucidum*. Se evaluaron el efecto de dos buffers de extracción diferentes, técnicas de purificación como el "salting out" y la cromatografía de afinidad. Para realizar el seguimiento del proceso, se llevó a cabo la cuantificación espectrofotométrica del contenido total de proteína en cada paso de purificación, así como la evaluación de la actividad hematoaglutinante, determinando que esta lectina es inhibida por el disacárido lactosa en una concentración de 1.29 µg/mL. De igual manera se logró la caracterización bioquímica parcial mediante electroforesis denaturante encontrando que esta lectina tiene un peso molecular entre 15 y 18 kDa. Estos hallazgos representan un avance significativo en la caracterización de una lectina hematoaglutinante del hongo *G. lucidum* y su potencial uso en la industria alimenticia.

C2B20102

Evaluación de la bioactividad de un pigmento de *Actinomycete* de Colombia con potencial en la Industria Cosmética

Laura Daniela Silva^{1,4}, Jeysson Sánchez^{2,4}, Ericsson Coy-Barrera³, Luis Eduardo Díaz^{4*}

¹Maestría en Diseño y Gestión de Procesos, Facultad de Ingeniería, Universidad de La Sabana, Chía 250001, Colombia

²Doctorado en Biociencias, Facultad de Ingeniería, Universidad de La Sabana, Chía 250001, Colombia ³Laboratorio de Química Bioorgánica, Universidad Militar Nueva Granada, Cajicá 250247, Colombia ⁴Grupo de Investigación en Bioprospección, Facultad de Ingeniería, Universidad de La Sabana, Chía 250001, Colombia

*Ponente: luis.diaz1@unisabana.edu.co

Los *Actinomicetos* producen el 76% de los metabolitos de mayor relevancia y comercialización en la industria biotecnológica, entre ellos los pigmentos. Estos compuestos son de gran interés en diferentes industrias. Los *Actinomicetos* se están convirtiendo en una fuente para la búsqueda de pigmentos, que pueden ser posibles sustitutos de pigmentos nocivos para el medio ambiente y la salud humana y que pueden proporcionar bioactividades deseables principalmente en la industria cosmética y farmacéutica. El objetivo de este estudio fue aumentar la bioproducción de un pigmento amarillo extracelular modificando las condiciones de cultivo de *Actinomicetos*, y establecer algunas bioactividades de este pigmento para su posible uso en la industria cosmética. Se evaluaron seis factores mediante un diseño Plackett-Burman, encontrándose que los factores más significativos fueron: temperatura, tiempo de incubación y velocidad de agitación, los cuales se optimizaron mediante un diseño Box-Behnken, obteniéndose una producción máxima de pigmento de 465,33 µg/mL a 30°C, agitación de 50 rpm y siete días de incubación. En estas condiciones, se obtuvo un extracto etanólico pigmentado a partir del caldo fermentado. Este extracto se fraccionó con agua:etanol preservando la pigmentación. En la fracción pigmentada, mediante FT-IR, UV-Vis y HPLC-LRMS se encontró deferroxamina reportada con excelente actividad antibacteriana y 4-metoxi-2,2'-bipirrol-5-carboxialdehído con actividad antiinflamatoria. El extracto y la fracción pigmentada mostraron actividad antimicrobiana frente a *S. epidermidis* CEX 145 (implicado en el acné vulgar) con diámetros de halos de inhibición de 17,8 y 90,2 mm. Asimismo, ambos preparados mostraron actividad antiinflamatoria en macrófagos THP-1 estimulados con lipopolisacárido (LPS 100 mM) disminuyendo la producción de TNF-alfa, 25 y 37%, respectivamente, y aumentando la producción de IL-10 en un 20 y 30%, respectivamente. La fracción pigmentada presentó una actividad anti-tirosinasa del 10,94% a 1 mg/mL. Estos resultados demuestran la obtención de una fracción pigmentada con buena actividad antibacteriana y antiinflamatoria, y moderada actividad antitirosinasa, que puede incluirse en la formulación de un cosmecéutico de uso tópico que prevenga enfermedades como el acné vulgar.

C2B20121

Acercamiento a la poli ADP-ribosilación en *Leishmania Brazilinesis*: obtención de un candidato a poli ADP-ribosa polimerasa (LbPARP)

Luis David Ramírez Enríquez^{1*}, María Helena Ramírez Hernández¹

¹Laboratorio de investigaciones básicas en bioquímica LIBBIQ, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá, Colombia.

*Ponente: lramireze@unal.edu.co

Leishmania spp. es el causante de la leishmaniasis, parasitosis que, en Colombia, ha reportado 4906 caso en el 2022, según el Instituto Nacional de Salud, constituyéndose así en un problema de salud pública. Por lo que se hace imperativo la búsqueda de nuevos blancos farmacológicos, a partir del conocimiento de la bioquímica y la biología molecular del parásito. Las poli ADP-ribosa polimerasas (PARP) son enzimas encargadas de la adaptación celular a condiciones de estrés y la integridad del genoma. Este trabajo, constituye el acercamiento experimental de un candidato previamente identificado empleando herramientas bioinformáticas, en el cual se ha producido proteína recombinante en el sistema heterólogo *E.coli* a partir de la clonación y expresión del candidato. **Objetivo:** Generar la proteína recombinante del candidato a LbPARP, a partir de la clonación y expresión, para la caracterización experimental de esta enzima. **Metodología:** Considerando el tamaño del candidato a LbPARP (3300 bp: 120 kDa) y la predicción estructural, se trabajó con la región C-terminal (tLbPARP) la cual corresponde al dominio catalítico (720 bp: 25 kDa). tLbPARP fue clonada en el vector pQE-30, la identidad del vector fue confirmada por PCR y secuenciación. La expresión de 6xHis tLbPARP se logró en la cepa *E.coli* M15 (pREP4), las condiciones de expresión fueron estandarizadas. La purificación de la proteína se realizó a partir de los cuerpos de inclusión (IBs), este proceso se monitoreó a través de SDS-PAGE y western blot. La cuantificación de proteína se realizó empleando el método de Bradford. **Resultados y discusión:** Se confirmó la identidad de pQE-30-tLbPARP con amplificación del inserto tLbPARP (732 bp) y con secuenciación (identidad: 99, 98%). La expresión de 6xHis-tLbPARP a los 30 kDa corresponde a el peso esperado (tLbPARP: 25 kDa + 6xHis: 4 kDa). 6xHis-tLbPARP se expresa en la fracción insoluble en todas condiciones de inducción evaluadas, debido a ello, se optó por purificar la proteína a partir de IB como primer paso a la generación de una herramienta que permita evaluar la proteína, obteniéndola en una concentración de 0,76 mg/mL.

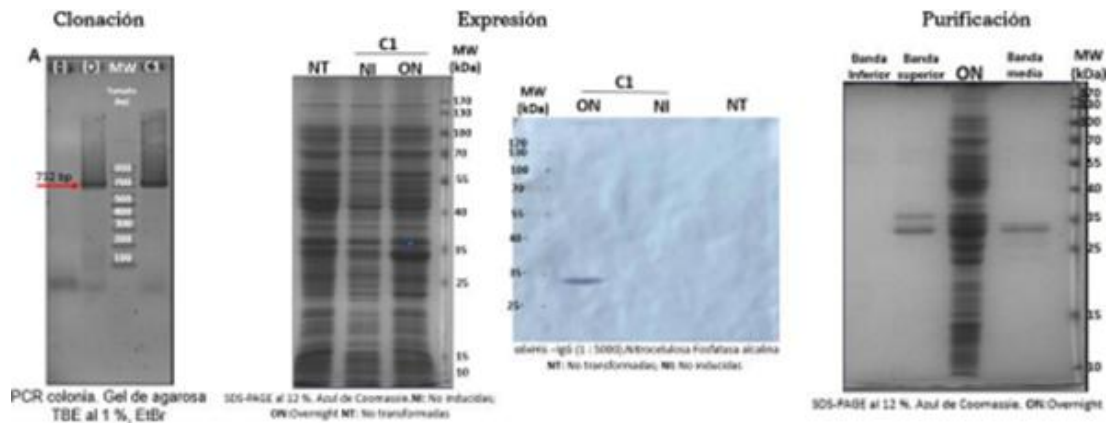


Figura 1. Clonación, expresión y purificación de 6xHis-tLbPARP

C2B20145

De residuos a recursos: Aprovechamiento de residuos de la agroindustria de cacao, café y palma de aceite, como medio de cultivo para *Sacharomyces cerevisiae*

Diana Lizeth Urbina Duitama^{1*}, Luis Carlos Vesga¹, Olga Lucía Saavedra Sanabria, Lady Quintero¹, Stelia Carolina Méndez Sánchez¹

¹Grupo de investigación en bioquímica y microbiología (GIBIM), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. Centro de Estudios e Investigaciones Ambientales (CEIAM), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

*Ponente: durbina9606@gmail.com

Sacharomyces cerevisiae, es un hongo que tiene pocos requerimientos para su crecimiento, y presenta una rápida tasa de proliferación. Esto es interesante, al considerar el microorganismo como una fuente primaria para la obtención de ácidos nucleicos (ADN y ARN). Estas biomoléculas pueden transformarse químicamente en nucleótidos, que son moléculas necesarias para aplicaciones biotecnológicas como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para diagnóstico por biología molecular. Con base en lo anterior, el presente trabajo tiene como objetivo la obtención de nucleótidos de una manera eficiente, empleando material genético de *Sacharomyces cerevisiae*, usando residuos agrícolas de los cultivos de cacao, café y palma de aceite, como fuente de nutrientes para su crecimiento. Inicialmente se identificaron los residuos con potencial aprovechamiento; en la agroindustria cacaotera, el mucílago de los granos de cacao producto del proceso de fermentación; y la placenta, que es un material fibroso que conecta los granos de cacao con el endocarpo del fruto; en la producción de café, se usó un residuo líquido obtenido después de la fermentación, denominado mosto; finalmente, de la producción de aceite de palma se usó efluente líquido residual denominado POME. Estas cuatro muestras fueron caracterizadas para determinar el contenido de azúcares, nitrógeno y grasas totales, entre otros parámetros como pH y contenido proteico. A partir de esta información se formuló un medio de cultivo para las levaduras. Se evaluaron condiciones de crecimiento, para obtener la mayor cantidad de biomasa en el menor tiempo posible. Posteriormente se adaptó un protocolo de extracción de ADN de bajo costo. Como resultados de la evaluación, se evidenció que los residuos de cacao son más ricos en carbohidratos solubles, lo que se correlaciona con un mayor crecimiento de levaduras. Por otro lado, se evidenció que el mosto de fermentado de café tiene un contenido de azúcares que depende de la variedad de la planta usada, encontrado que la variedad caturra genera residuos con alto potencial para el crecimiento de levaduras. Del aislamiento de ácidos nucleicos se obtuvieron aproximadamente 0,3 mg/g de levaduras. En posteriores estudios el ADN obtenido se manipulará para la obtención de nucleótidos.

Ciencias ómicas y bioinformática

C2B20002

Análisis *In silico* de flavonas sustituidas en C-3 como posibles inhibidores selectivos de la ciclooxygenasa 2 (COX-2)

Juan C Restrepo^{1*}, Eliseo Amado¹, Luis C Vesga²

¹Grupo de investigación Energía, transformación química y medio ambiente, Universidad de Pamplona, Norte de Santander Km 1 Vía Bucaramanga, Colombia. ²Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

*Ponente: juan.restrepo@unipamplona.edu.co

Los procesos inflamatorios llevados a cabo durante la progresión de patologías como la artritis y el cáncer se han vinculado con la sobreexpresión de enzimas como la COX-2, no obstante, la ciclooxygenasa coexiste en las isoformas COX-1 y COX 2. La inhibición de la isoforma COX-1 debida al uso de antiinflamatorios no esteroideos (AINS) conlleva a daños gastrointestinales y renales, por lo que se hace necesario desarrollar AINS selectivos hacia la COX-2. Actualmente el único inhibidor selectivo (celecoxib) de la COX-2 aprobado por la FDA incrementa el riesgo de sufrir accidentes cerebrovasculares y cardiovasculares. Debido a esto, en este trabajo se buscó identificar posibles inhibidores selectivos de la COX-2. Para esto, se evaluaron cerca de 10000 metabolitos de plantas mediante virtual screening a través de un modelo farmacofórico, docking molecular, energía libre y dinámica molecular empleando el software Maestro de Schrödinger, LLC. Como resultado se logró identificar los metabolitos crisina (DS:-9,017; EA:-45,68 kcal/mol), apigenina (DS:-10,483; EA:-45,17 kcal/mol), galangina (DS:-9,943; EA:-53,52 kcal/mol) y 5,7- dihidroxi-3-isoprenil flavona (DS:-10,466; EA:-75,03 kcal/mol) como posibles inhibidores, los cuales presentaron interacciones hidrofóbicas, π - π y puentes de hidrógeno con los residuos aminoácidos Arg513, Val523, Ser530, y Tyr385, fundamentales en la inhibición selectiva de la COX-2 ya que permiten la diferenciación de la COX-2 y metabolización del sustrato natural (Tabla 1). Posteriormente, se evaluó la estabilidad de la pose predicha por los ensayos de docking para cada flavona mediante dinámica molecular. Los resultados obtenidos permitieron plantear como hipótesis que los sustituyentes alifáticos y no polares ubicados en el carbono 3 (C-3) de las flavonas juegan un rol fundamental en la selectividad hacia la COX-2. El celecoxib y rofecoxib mostraron una alta frecuencia de interacción mediante puentes de hidrógeno con la Arg513 la cual no se evidenció en las flavonas. No obstante, el metabolito 5,7-dihidroxi-3-isoprenil flavona presentó una frecuencia de interacción tipo hidrofóbica con la Val523 similar a los compuestos de referencia, la cual es lograda únicamente por dicho metabolito, demostrando que la hipótesis planteada es acertada. Los resultados obtenidos en este trabajo sugieren que la 5,7-dihidroxi-3-isoprenil flavona representa una nueva alternativa en el desarrollo de inhibidores selectivos de la COX-2.

Tabla 1. Resultados de las puntuaciones del docking XP y energías libres de las flavonas identificadas mediante virtual screening

Compuesto	GScore XP	MM-GBSA (kcal/mol)
Crisina	-9,017	-45,68
Apigenina	- 10,483	-45,17
Galangina	-9,943	-53,52
5,7-dihidroxi-3-isoprenil flavona	- 10,466	-75,03
Rofecoxib (Referencia)	-9,317	-71,33
Celecoxib (Referencia)	-11,526	-65,25

C2B20004

Comparación de perfiles metabólicos y lipídicos de pacientes con COVID-19 y pacientes con neumonía adquirida en la comunidad (CAP)

Elsa D. Ibáñez-Prada^{1, 2}, José L. Guerrero^{3*}, Yuli V. Fuentes¹, Lizeth León³, Lina Méndez², Mary Andrea Santamaría-Torres³, Juan M. Restrepo-Martínez¹, Carlos A. Santacruz^{4, 5}, Salomé Gómez-Duque¹, Andrew Conway Morris^{6, 7}, Norberto Gonzalez-Juarbe⁸, Mónica P. Cala³, Luis Felipe Reyes^{1, 2, 9}

¹Universidad de La Sabana, Chía, Colombia, ²Clínica Universidad de La Sabana, Chía, Colombia, ³MetCore-Metabolomics Core Facility. Vice-Presidency of Research and Knowledge Creation, Universidad de Los Andes, Bogotá, Colombia, ⁴Fundación Santa Fe de Bogotá, Bogotá, Colombia; ⁵Instituto de Ensino e Pesquisa do Pará, Brasil – IEPPA, ⁶Division of Anesthesia, Department of Medicine, University of Cambridge, Cambridge, UK, ⁷Division of Immunology, Department of Pathology, University of Cambridge, Cambridge, UK, ⁸Infectious Diseases and Genomic Medicine Group, J Craig Venter Institute, Rockville, USA, ⁹University of Oxford, Oxford, United Kingdom.

*Ponente: j.guerreron@uniandes.edu.co

Las infecciones del tracto respiratorio inferior (ITRI) son la principal causa de mortalidad a nivel mundial, hasta hace algunos años la neumonía adquirida en la comunidad (NAC) era la patología más frecuente en unidades de cuidados intensivos. Sin embargo, y como consecuencia de la pandemia provocada por el COVID-19, se presentan dificultades a la hora del diagnóstico de NAC y COVID-19, lo que dificulta el tratamiento oportuno de las patologías. Hasta la fecha, los estudios sobre la diferenciación metabólica entre pacientes con COVID-19 y NAC son escasos. La presente investigación tuvo como objetivo diferenciar por medio del metaboloma y del lipidoma estas dos neumonías en plasma de pacientes ingresados a la UCI, buscando establecer posibles biomarcadores de diagnóstico para diferenciar estas enfermedades. El estudio se dividió en dos grupos; inicialmente se tomaron muestras de los pacientes al ingreso a la UCI (baseline) y al 5º día de hospitalización (follow up). Los análisis se realizaron mediante cromatografía líquida de alta resolución acoplada a espectrometría de masas con analizador cuadrupolo tiempo de vuelo (LC-QTOF-MS). Tras las comparaciones entre NAC y COVID-19 se identificaron 69 metabolitos alterados para baseline y 43 metabolitos alterados para follow up. Estos metabolitos alterados pertenecen al metabolismo del ácido araquidónico, glicerolípidos, glicerofosfolípidos, ácido linoleico, piruvato, glucólisis, biosíntesis de esteroides, entre otros (Ver figura 1) y se han asociado a vías implicadas en procesos inflamatorios, hipóxicos y relacionadas con la formación de trombos. Adicionalmente, los metabolitos que intervienen en la inhibición de los trombos se vieron preferentemente disminuidos en COVID-19 con respecto a NAC, lo que sugiere que estos pacientes son más propensos a la formación de trombos y presentan mejores condiciones para la proliferación del virus. De los metabolitos alterados encontrados la glicerofosfatidilcolina 31:4, glicerofosfoserina 34:3 y glicerofosfatidilcolina 36:5 pueden ser promisorios biomarcadores de diagnóstico al presentar área bajo la curva (AUC) menores a 0.8. En contexto esta investigación encontró un perfil metabólico específico para cada enfermedad, lo que permitiría realizar un mejor diagnóstico de estas.

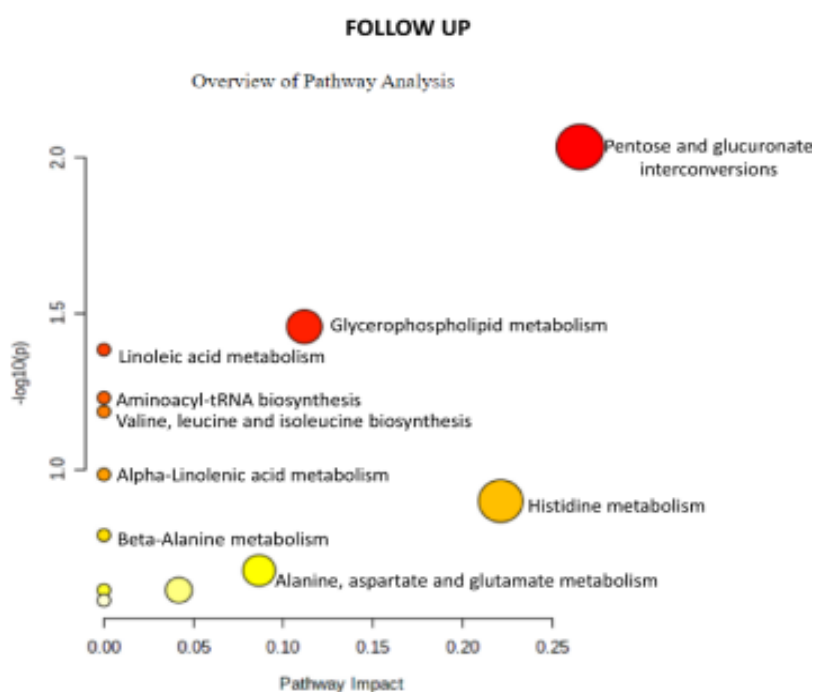
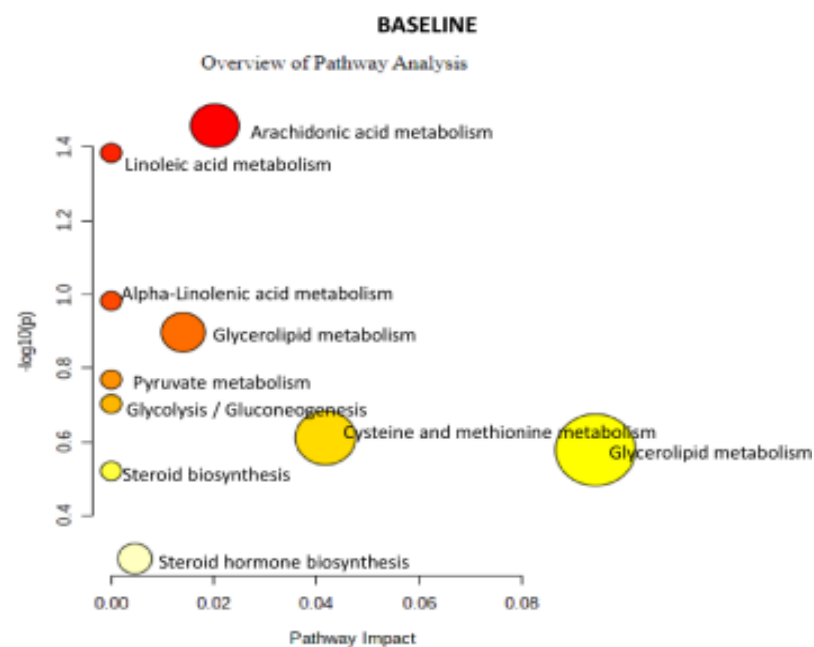


Figura 1. Gráfico de impacto de las rutas metabólicas alteradas en los grupos de estudio.

Identificación de metabolitos secundarios con propiedades acaricidas mediante ensayos *in silico* usando como diana farmacológica subunidades proteicas de la cadena transportadora de electrones (CTE) mitocondrial y la acetilcolinesterasa (ACHE) en garrapatas *Rhipicephalus icropus*.

Gloria Stefany Avendaño Mora ^{1,2*}, Bethsy Natalia Alfonso Nuñez ², Andrés Felipe Cabezas Cárdenas ^{1,2}, Luis Carlos Vesga ¹, Jonny E Duque ², Stelia Carolina Méndez Sánchez ¹

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ²Centro de investigación en enfermedades tropicales CINTROP, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: gloria2228389@correo.uis.edu.co

Las garrapatas son ectoparásitos que influyen en el campo de la ganadería bovina de mundo, son capaces de parasitar y servir como huéspedes intermediarios de diferentes procesos infecciosos como dermatosis, fiebre manchada de las montañas, enfermedad de Lyme, entre otros. La poca efectividad y la alta resistencia de las garrapatas frente al uso de sustancias acaricidas obtenidas de síntesis química, promueve la necesidad de generar nuevas estrategias de control que logren reducir la dependencia química. Por lo tanto, el objetivo de este estudio consistió en un screening bioinformático que permitió la identificación de metabolitos secundarios (MS) con posible actividad acaricida, teniendo como target la mitocondria y la AChE. Este análisis se realizó con el programa Maestro de Schrödinger, y suit small molecule drug discovery donde las estructuras proteicas se prepararon a través de la herramienta Protein preparation wizard buscando refinar, optimizar y minimizar para obtener la conformación más estable. Así mismo, las estructuras de los MS obtenidos de una previa revisión bibliográfica se prepararon usando la herramienta Ligprep para generar su conformación tridimensional menos energética, ajustando el pH a 7.4, y calculando las cargas atómicas aplicando un campo de fuerza OPLS3e. Luego, se buscó el sitio drograble en cada proteína por medio de la función Site Map y Receptor Grid. El acoplamiento molecular o docking se realizó con la herramienta Glide en tres niveles diferentes: cribado virtual de alto rendimiento (HTVS), precisión estándar (SP) y extra-precisión (XP). Los MS se seleccionaron según los siguientes criterios: mejor docking score, mejor energía de afinidad y propiedades de absorción, distribución, metabolismo y excreción (ADME) permitidas. Los resultados sugieren que, a partir de la base de datos inicial de mil compuestos aproximadamente, veintiún presentan gran probabilidad de inhibir las subunidades proteicas y la acetilcolinesterasa de *R. microplus*, con valores de docking score desde -5.157 hasta -9.524 y energías de afinidad desde -78.66 hasta 3.25 kcal/mol; además se encontró que podrían inhibir dos o más proteínas simultáneamente. Los MS pertenecen a las familias de los flavonoides, diterpenos, sesquiterpenos, idioles, fenoles, ácidos carboxílicos, vitaminas, alcoholes, cetonas, entre otras. En conclusión, usando el docking molecular, se logró identificar MS con posible actividad acaricida enfocados en la bioenergética mitocondrial y la sinapsis, siendo una opción de cribado rápido, sirviendo como base de partida para su comprobación mediante posteriores ensayos *in vivo* e *in vitro*.

Proteómica e inmunoproteómica del veneno de dos especies colombianas del género *Lonomia*

Lina V. Lozano^{1,2*}, Francisco A. Bohórquez¹, Juana M. Díaz¹, Cielo M. León¹, Diana M. Toro¹, Marta Gómez³, Yerson Malaver³, Richard Burchmore⁴, María A. Gómez^{2,5}, Camila González¹

¹Centro de Investigación en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. ²Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM), Santiago de Cali, Colombia ³Laboratorios PROBIOL S.A., Bogotá, Colombia. ⁴Institute of Infection, Immunity & Inflammation, University of Glasgow, Glasgow, United Kingdom. ⁵Universidad Icesi, Cali, Colombia.

*Ponente: lv.lozano10@uniandes.edu.co

El contacto accidental con orugas de algunas especies de *Lonomia* provoca la liberación de un veneno hemotóxico, causante de envenenamiento severo en humanos. La mayoría de los casos se relacionan con dos especies, *L. obliqua* y *L. achelous*, sin embargo, otras especies también están involucradas en los accidentes. A pesar de esto, el antiveneno reconocido se basa únicamente en los antígenos de *L. obliqua*. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar los proteomas del veneno de *L. casanarensis* y *L. orientoandensis*, establecer si existen diferencias entre ellos, y estudiar la inmunoreactividad de un suero anti - *Lonomia* frente al veneno de ambas especies. Los venenos fueron analizados a través de proteómica *shot - gun*, y los patrones de bandeo comparados por medio de *SDS - PAGE*. Se realizaron análisis de *clustering* y componentes principales (PCA) a partir de los datos de abundancia relativa de las proteínas, y la abundancia normalizada de las toxinas fue comparada entre las dos especies. La inmunoreactividad de un suero anti - *L. casanarensis*, fue evaluada por medio de inmunoprecipitaciones y *Western blotting*. Las toxinas son una parte importante de los venenos representando el 19.50 % de la cantidad total de proteína del veneno de *L. orientoandensis* y el 12.38% en caso de *L. casanarensis*. Los análisis multivariantes y el patrón de bandeo soportan el agrupamiento de los lotes según la especie de origen. En ambas especies los venenos contienen familias de toxinas reportadas previamente en otros animales venenosos, incluidos los dos factores procoagulantes de *L. obliqua*, Losac y Lopap. Sin embargo, existen diferencias significativas ($p < 0.05$) en la abundancia relativa de las lectinas tipo C, hemolinas, metalopeptidasas y serina peptidasas entre el veneno de las dos especies. El suero anti - *L. casanarensis* mostró reactividad cruzada con el veneno de *L. orientoandensis*, y tanto el patrón de bandeo como los datos proteómicos, sugieren que los anticuerpos policlonales reconocen principalmente hexamerinas y proteínas similares a Losac. Nuestro trabajo muestra un caso de variación interespecífica dentro *Lonomia* y recalca sus implicaciones sobre eficacia del tratamiento actual y el desarrollo de futuras alternativas.

C2B20048

Cox-based Genome-Wide Association Studies for Bud Rot survival estimation on oil palm

Juan Sebastian Malagón Torres^{1*}, David Botero Rozo¹, Ivan Mauricio Ayala¹, Kelly Avila, Leonardo Araque Torres¹, Andres Tupaz¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}.

¹Grupo de Biología y Mejoramiento, Centro de Investigaciones en Palma de Aceite CENIPALMA, Colombia. ²Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Ponente: jmalagon@cenipalma.org

The Bud Rot (BR) is an Oil palm disease caused by the oomycete *Phytophthora palmivora* characterized by its high prevalence and a millionaire loss to the industry. In consequence, the design of strategies to confront the infection caused by *P. palmivora* has gained relevance in the last years. One of the most promising approaches is assisted selection to improve crop resistance, nevertheless, its implementation can be a big challenge due to the difficulty of establishing an initial heterogeneous population and the time to set the resistance of the new generations. To improve the usage of those techniques, the selection is based on genetic markers, however, considering that the resistance is a polygenic trait, the selection of those markers is also a challenge. For this reason, we present a Cox-based Genome-Wide Association Study (GWAS) to find a genetic correlation to the survival probability of BR. Initially 890 vegetable materials with different grades of resistance to the disease were collected. To obtain a compressed view of the genome of each material, targeting genotyping by sequencing (GBS) technique was used. Once sequences were obtained, the oil palm genome and FreeBayes algorithm were used to variant calling and, finally, the variant representation was used in a time-to-event Cox regression to find statistical associations; additionally, the results are compared with state of art software like GAPIT. We obtained a regression model with 0.65 of concordance between the risk estimation and survival probabilities. Nevertheless, there are not any corrected correlations. Discussions: The concordance index implies that some of the found genetic variations are related to the resistance to BR, nevertheless, we don't find any significant correlation with the classical hypothesis test. For this reason, we think that the classical method underestimates the correlation in highly polygenic traits.

C2B20064

Análisis inmunológico a partir de datos de RNA-seq de pacientes con Síndrome de Guillain-Barré

Nelson Rivera Franco^{1,2}, Melissa Solarte Cadavid^{1,2*}, Diana López-Álvarez^{1,2,3}, Beatriz Parra^{1,2}

¹Grupo de Investigación Virus Emergentes y Reemergentes, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ²Red Neurovirus Emergentes en Las Américas, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ³Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia.

*Ponente: melissa.solarte.cadavid@correounivalle.edu.co

El síndrome de Guillain-Barré (SGB) es una polineuropatía inflamatoria aguda como resultado del daño a nervios motores, sensitivos y autonómicos. Se ha propuesto que esta enfermedad potencialmente mortal corresponde a una respuesta autoinmune post-infecciosa (virales, bacterianas), dirigida contra los nervios periféricos y sus raíces espinales, causando debilidad muscular y progresión a parálisis en días a semanas, seguidos de recuperación que puede durar meses o años. Sin embargo, los mecanismos fisiopatológicos exactos que subyacen al SGB siguen sin conocerse completamente. Es por esto, que la transcriptómica promete ser una herramienta fundamental en la investigación de procesos inmunológicos complejos que podrían descubrir biomarcadores y dar una posible explicación de los mecanismos relacionados a esta enfermedad. En este estudio, se quiso evaluar la factibilidad de caracterizar el perfil inmunológico en el SGB mediante la secuenciación del transcriptoma de células mononucleares de sangre periférica (MNSP) en cuatro pacientes recién diagnosticados con la enfermedad. Estos transcriptomas fueron analizados a través del pipeline de análisis inmune de RNA-seq o RIMA (RNA-seq immune analysis), el cual es útil para establecer perfiles moleculares y caracterización inmunológica. Se realizó el preprocesamiento bioinformático de los datos obtenidos y luego se procedió con diferentes análisis que se dividían en módulos, incluyendo repertorio inmune, estimación de la infiltración inmune, entre otros, con el fin de establecer un perfil inmunológico de estos pacientes. Los resultados obtenidos mostraron mayor frecuencia de células TCD4⁺ de memoria (9%) y de monocitos (57%) comparado con otros tipos celulares o con perfil normal. Estos resultados, aunque con la limitación de un tamaño de muestra muy pequeño, coinciden con hallazgos previos que proponen la infiltración de linfocitos T y macrófagos que atacan las células de los nervios periféricos generando desmielinización. El aumento marcado de monocitos en sangre periférica, que son los precursores de los macrófagos tisulares, pudiera evaluarse como un posible biomarcador de la infiltración tisular por macrófagos en SGB. Este tipo de análisis permite crear una base de conocimiento para estudios inmunológicos desde la perspectiva de secuenciación masiva y análisis bioinformático, con impacto en la medicina de precisión y hallazgo de blancos terapéuticos.



C2B20065

Flujo bioinformático para la optimización de celdas en secuenciación Oxford Nanopore Technologies

Andrés Mauricio González Ríos^{1,2} *, Nelson Rivera-Franco^{1,2}, Beatriz Parra Patiño^{1,2}, Diana López-Álvarez^{1,2,3}

¹Grupo de Investigación Virus Emergentes y Reemergentes, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ²Red Neurovirus Emergentes en Las Américas, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ³Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia.

*Ponente: diana.lopez.alvarez@correounivalle.edu.co

La optimización de celdas de flujo de *Oxford Nanopore Technologies* (ONT) puede contribuir a la reducción de costos, así como en la disminución del impacto ambiental asociado a la extracción de materias primas y la generación de desechos electrónicos. Además del lavado para promover el reuso de las celdas, el uso de flujos bioinformáticos podría maximizar la cantidad de información que se puede obtener durante una secuenciación. El objetivo de este trabajo fue establecer un proceso de optimización para la producción de secuencias ONT a partir de múltiples muestras utilizando librerías paralelas en una sola celda complementado mediante el uso de herramientas bioinformáticas. Dos experimentos fueron secuenciados empleando el kit LSK109, cada uno conformado por una librería con muestras enriquecidas por PCR de genomas virales (amplificación en mosaico) y una segunda librería con muestras ambientales usando marcadores taxonómicos como ITS, 16S ARN y 18S ARN utilizando los mismos barcodes. El análisis consistió en utilizar herramientas bioinformáticas para desmultiplexar (Guppy v6.4.6), mapear (Minimap2 v1) y pulir (Medaka v1.8) las secuencias resultantes; los datos de las muestras con genomas virales se mapearon frente a un genoma de referencia. Para el tratamiento de datos de las muestras ambientales se utilizaron los datos no mapeados donde se clasificaron secuencias en función de la similitud y la longitud, creando una secuencia consenso robusta para cada grupo de secuencias en una sola ejecución utilizando Amplicon Sorter (v2023/03/24). La clasificación taxonómica de las secuencias consenso se realizó con Kraken 2 (v2.1.2) utilizando la base de datos PlusPFP(03-14-23). Se obtuvo un promedio de 12GB para una corrida de 72 horas, con una cobertura para cada genoma viral del 95% $\pm$ 8% y una profundidad de 391.9X $\pm$ 282.1X. Por otro lado, para las muestras ambientales con amplificadores con un tamaño promedio de 340 $\pm$ 70 pb se obtuvo un porcentaje de identificación taxonómica del 80 $\pm$ 19 %. El uso de librerías con múltiples targets permite correr de forma simultánea un experimento de secuenciación ONT optimizando el uso de poros de la celda y generando datos simultáneos de distintos experimentos que pueden ser procesados mediante el uso de flujos bioinformáticos.

C2B20068

Microbioma de las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) en pacientes con neuroinflamación aguda

Nelson Rivera-Franco^{1,3}, Diana López-Álvarez^{1,2,3,*}, Carlos A. Pardo⁴, Andrés Castillo³, Beatriz Parra¹ & Red NEAS

¹ Grupo de Investigación Virus Emergentes y Enfermedad – VIREM. Escuela de Ciencias Básicas, Facultad de Salud, Universidad del Valle. Cali, Colombia. ² Grupo de investigación en diversidad biológica. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia. Palmira, Colombia. ³ Laboratorio en Técnicas y Análisis Ómicos - TAO-LAB/CIBioFi, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle. Cali, Colombia. ⁴ Department of Neurology and Pathology, Johns Hopkins University School of Medicine. Baltimore, USA.

*Ponente: diana.lopez.alvarez@correounivalle.edu.co, dilopezal@unal.edu.co

La neuroinflamación abarca desde una alteración en la morfología de las células gliales hasta la invasión y destrucción de tejidos por leucocitos que migran desde la periferia. Este fenómeno puede ocurrir como resultado de una infección bacteriana, viral o autoinmune, y en casos graves puede ser mortal. Sin embargo, el conocimiento sobre el microbioma circulante sanguíneo y su relevancia funcional en la fisiopatología o el pronóstico en individuos afectados sigue siendo limitado. El objetivo de este estudio es caracterizar el microbioma circundante sanguíneo en pacientes con encefalitis o síndrome de Guillain-Barré (SGB). Para esto, se secuenció el metatranscriptoma de células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de dos pacientes con encefalitis y dos con SGB de la ciudad de Cali en dos librerías distintas. Después de retirar las lecturas del hospedero se realizó la construcción de los contigs de los microorganismos con MegaHIT ver.1.2.9 y se realizó la clasificación taxonómica con Kraken2 ver.2.1.2. con la base de datos PlusPFP (3/14/2023). Los datos fueron procesados con los paquetes de R phyloseq, microeco y Tax4Fun, y la base de datos FAPROTAX. Se encontró que los microorganismos más abundantes fueron las bacterias (94.25%), seguido de Eucariotas (5.13%) como hongos y protozoos, y en menor proporción virus (0.06%) y arqueas (0.004%). Se encontró un total de 11 phyla, 17 clases, 37 órdenes, 61 familias y 93 géneros. De estos últimos los más abundantes fueron *Pseudomonas*, *Escherichia*, *Stetrophomonas*, *Delphia*, *Acinetobacter*, *Babesia*, *Rhodococcus*, *Diaphorobacter* y *Cutinobacetrrium*. Según la anotación funcional el 10.450.60% de estas bacterias se clasificaron como patógenas para humanos. Al comparar entre ambas condiciones neurológicas se observó una tendencia de encontrar mayor frecuencia de *Rhodococcus* en los pacientes con encefalitis comparados con SGB (5.5% Vs. 0.1%, $p < 0.1$). Infecciones de miembros de este género han sido reportados como causa de neumonías, encefalitis y bacteriemias, y algunos se reportan como patógenos intracelulares de macrófagos y polimorfonucleares, especialmente en pacientes con alteraciones de la inmunidad. Este estudio proporciona un acercamiento de microbioma presente en PBMC de pacientes con neuroinflamación, que podría ser de utilidad para desarrollar herramientas para diagnóstico microbiológico o identificar un perfil de microbioma asociado al desarrollo de una complicación neuroinflamatoria como el Guillain-Barré.

Análisis proteómico de vesículas extracelulares derivadas de plasma de pacientes con cáncer gástrico y enfermedades gástricas benignas

Andrés Rincón-Riveros^{1*}, Victoria E. Villegas², Carolina de la Torre³, Joan Josep Bech³, Liliana López-Kleine⁴, Josefa Antonia Rodríguez⁵

¹Grupo de investigación REMA, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia. ²Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR (CIMBIUR), Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. ³Proteomics Unit, Josep Carreras Leukaemia Research Institute, Barcelona, España. ⁴Departamento de Estadística, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Colombia. ⁵Grupo de Investigación en Biología del Cáncer, Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá, Colombia

*Ponente: warincon@unicolmayor.edu.co

El cáncer gástrico es una patología heterogénea que representa la quinta malignidad más frecuente en el mundo, con más de 750,000 muertes para el año 2020. Con repercusiones significativas en la salud pública, esta enfermedad carece de biomarcadores para el diagnóstico temprano, siendo la biopsia de endoscopia la prueba de oro para su detección. En la exploración de nuevas estrategias para controlar el cáncer gástrico en los últimos años, la biopsia líquida aparece como una fuente potencial de biomarcadores mediante procedimientos no invasivos. Las vesículas extracelulares (EVs), hacen parte de la biopsia líquida, estructuras con una bicapa lipídica que transportan moléculas bioactivas con influencia en la señalización celular y diversos grupos de enfermedades, entre ellas el cáncer.

Aquí presentamos la caracterización proteómica de vesículas extracelulares tipo exosomas derivados del plasma de pacientes con cáncer gástrico. Las vesículas extracelulares (EVs) se aislaron mediante cromatografía de exclusión por tamaño (SEC) y se realizó su caracterización mediante microscopía electrónica, expresión de proteínas y técnicas de análisis de nanopartículas. Se realizó proteoma total de EVs mediante espectrometría de masas acoplada a cromatografía líquida.

Se identificó el perfil proteómico mediante adquisición independiente de datos (DIA) de 20 pacientes con cáncer gástrico y de 10 pacientes con enfermedades gástricas benignas. La expresión diferencial de proteínas identificó 35 proteínas, 28 sobreexpresadas y 7 reguladas a la baja. Los procesos biológicos representados en las proteínas con expresión diferencial, fueron regulación del sistema inmune, espacio extracelular y vesículas extracelulares. De las proteínas con expresión diferencial se seleccionaron 18 que agrupaban los pacientes en base a su tipo de enfermedad (Maligna-benigna). Luego usando modelos de aprendizaje supervisado se definió 4 proteínas con potencial de ser biomarcadores de diagnóstico de cáncer gástrico, logrando un AUC de las curvas ROC >0.80. Nuestros resultados ofrecen información relevante del contenido de EVs circulantes en plasma en pacientes de cáncer gástrico en Colombia, que nos permite proponer cuatro potenciales biomarcadores proteicos para el cáncer gástrico en biopsia líquida que deben ser validadas con estudios futuros.

C2B20085

Caracterización transcriptómica de los perfiles celulares diferenciados con ácido retinoico en un modelo celular embrionario humano NTERA-2

Laura Quintero Corzo^{1*}, Natalia Aragón Vélez¹, Nelson Rivera Franco^{1,2}, Adolfo Contreras Rengifo³, Beatriz Parra Patiño^{1,4}, Diana Lopez-Álvarez^{1,4}

¹Grupo de Investigación Virus Emergentes y Enfermedad VIREM, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ²Laboratorio en Técnicas y Análisis Ómicos - TAO-LAB/CIBioFi, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ³Grupo de Investigación Medicina periodontal, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ⁴Red Neurovirus Emergentes en Las Américas, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ⁵Grupo de investigación en diversidad biológica, Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia.

*Ponente: quintero.laura@correounivalle.edu.co

El estudio del Sistema Nervioso Central (SNC) es fundamental para comprender los mecanismos que originan procesos patológicos asociados. Para esto, es necesario usar modelos representativos de proliferación, migración, diferenciación y sinaptogénesis. Las células carcinoembriónicas humanas NTERA-2 tienen un patrón genético casi idéntico a las células embrionarias de blastocisto humano, con capacidad de diferenciarse a perfiles neurales maduros, y otras células poco caracterizadas cuando se cultivan con muy bajas concentraciones de ácido retinoico (AR). Hemos caracterizado la población neuronal mediante microscopía de fluorescencia, sin embargo, una proporción importante del cultivo no corresponde a neuronas. Por lo tanto, se identificaron los otros tipos celulares a partir de análisis de RNAseq. Se determinaron perfiles de expresión génica para estimar la abundancia de tipos de células inducidas en cinco muestras de cultivo de células NTERA-2: tres sin diferenciar (N) y dos diferenciadas con AR (10 μ M) por 4 semanas (NRA). Se secuenció ARN mediante NovaSeq PE 150 (6 G), obteniendo 62,9 $\times$ 10⁶ $\pm$ 10,85 $\times$ 10⁶ lecturas analizadas mediante las herramientas SingleR v2.2.0 para estimar abundancia celular general y BRETIGEA v1.0.3 para las líneas neurales. Se encontró, en términos de linaje neural, abundancia de neuronas en NRA comparado a N, y en menor abundancia astrocitos, células endoteliales, microglía y oligodendrocitos. El análisis celular general estimó también adipocitos (4,63% y 4,85%), astrocitos (6,07% y 6,44%), células de línea linfocítica (7,27% y 6,39%), granulocítica (9,28% y 7,92%), condrocitos (5,2% y 5,7%) en N y NRA, respectivamente. Sin embargo, debido al tamaño de muestra analizada no se encontraron diferencias significativas o el AR no favorece significativamente la diferenciación no neural. Las células NTERA-2 pueden comprometerse como neuronas tras exposición a AR de acuerdo con reportes de Andrews y colaboradores (1984). Estas células multipotenciales, en menor proporción, pueden diferenciarse a otros tipos de células derivadas de precursores mesenquimales dando origen a epitelios, tejido óseo y muscular. Para postular NTERA-2 como modelo útil para el estudio poblaciones no neurales y embriogénesis es necesario ampliar el número de experimentos y comparar con la diferenciación con señales como Hexametenbisacetamida, reportada por otros autores como una ruta de diferenciación no neuronal en este modelo.

C2B20097

Metabolite profile variations in carnation roots under the effect of thiamine as a resistance inducer against *Fusarium oxysporum f. sp. dianthi*

Walter Pérez Mora^{1,3*}, Ericcson Coy-Barrera², Luz Marina Melgarejo¹, Harold Duban Ardila³

¹Grupo de investigación en fisiología del estrés y biodiversidad en plantas y microorganismos, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia. ²Laboratorio de Química Bioorgánica Facultad de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Militar Nueva Granada, Cajicá, Colombia. ³Grupo de Investigación Estudio de Actividades Metabólicas Vegetales, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

*Ponente: whperez@unal.edu.co

Thiamine has been proposed as a potential resistance inducer against *Fusarium oxysporum f. sp. dianthi* (Fod). However, the biochemical mechanisms involved in its action require it to be elucidated. The present study stage aimed to investigate the underlying mechanism of thiamine-induced resistance by analyzing the metabolite profile variations of the carnation root's methanol extract. Thus, a greenhouse experiment was initially conducted with two carnation cultivars, evaluating four treatments, i.e., non-treated (control), Fod-inoculated, thiamine-treated (foliar application), and thiamine-treated→Fod-inoculated plants. From root extracts, UHPLC coupled with low- and high-resolution MS-based data were employed to recognize significant differential metabolite patterns, and compound annotation/identification, respectively. Chemometrics-oriented multivariate analysis was performed using the MetaboAnalyst 5.0 webtool. Thiamine application caused a sensitization process in the plants, increasing the abundance of 6 and 12 metabolites in the susceptible and resistant cultivars, respectively. In comparison, the inducer application followed by Fod inoculation promoted up-regulation of 18 and 29 metabolites in the susceptible and resistant cultivars, respectively.

The metabolites were annotated at level 3, identifying metabolites belonging to the flavonoid family (generally glycosylated or methylated) and anthranilate-derived compounds. These metabolite classes, biosynthesized through the shikimate pathway, have been previously reported to exhibit antioxidant and antifungal activities and are associated with resistance and defense responses to pathogens for carnation and other pathosystems. In this context, the results suggested that thiamine treatment activated defense mechanisms to protect the plant against the pathogen. These findings expand our understanding of thiamine as a plant biostimulant agent and its mode of action at the metabolite level against pathogens.

Estudio de un candidato a NAD Quinasa en *Trypanosoma cruzi*: Acercamiento experimental

Luisa Maria Caldas Ortega^{1*}, Miguel Esteban Chacón¹, Maria Helena Ramírez Hernández¹

¹Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica, Facultad de Ciencias, Sede Bogotá, Universidad Nacional de Colombia

*Ponente lmcaldaso@unal.edu.co

Colombia presenta las condiciones propicias para el establecimiento de enfermedades vectoriales como la enfermedad de Chagas. Esta enfermedad, causada por el parásito protozooario *Trypanosoma cruzi*, no cuenta con un tratamiento efectivo, siendo necesario entender los mecanismos y actores esenciales en la supervivencia y proliferación del parásito. Los parásitos intracelulares dependen de mecanismos antioxidantes para soportar los radicales libres producidos por la célula huésped y su propio metabolismo, y para regular de manera positiva la infección. Estos mecanismos convergen en su dependencia por los nucleótidos de adenina y nicotinamida NAD(P)(H), por lo tanto, las enzimas vinculadas a la biosíntesis de estos nucleótidos son esenciales. Una de estas enzimas es la NAD quinasa (NADK) que cataliza la fosforilación de NAD⁺ en NADP⁺. A la fecha en *T. cruzi* se ha identificado de manera bioinformática a dos posibles candidatos a NADK. Considerando lo anterior, es necesario iniciar el acercamiento experimental para poder determinar la existencia de NAD quinasas en el parásito e identificar de esta forma un posible blanco farmacológico. **Objetivo:** Obtener la proteína recombinante NAD quinasa de *Trypanosoma cruzi* (tTcNADK), en el sistema heterólogo *E. coli* como punto de partida para la caracterización enzimática. **Metodología:** A partir del vector pET-SUMO-tTcNADK, construido previamente, se evaluaron las condiciones de temperatura (37°C y RT), horas de inducción (2, 4, 6 y ON) y concentración de inductor (0.1, 0.25, 0.5 y 1mM de IPTG) para la expresión de 6xHis-SUMO-TcNADK en las cepas de expresión BL21DE3, BL21-Rosetta y BL21-CODON+. La proteína expresada en BL21-CODON+ se purificó a partir de cuerpos de inclusión (IBs) y de la fracción soluble mediante cromatografía de afinidad (IMAC). La purificación se monitoreó empleando SDS PAGE e inmunodetección. **Resultados y Discusión:** Las condiciones de expresión del plásmido pET-SUMO-tTcNADK evaluadas se optimizaron con la cepa BL21-CODON+, células que se indujeron 2h a temperatura ambiente con 0.25mM de IPTG. En estas condiciones de expresión, la proteína 6xHis-SUMO-tTcNADK se obtuvo en la fracción soluble e insoluble. Se purificó mediante cromatografía de unión a níquel, la proteína soluble y mediante purificación a partir de IBs, la proteína insoluble, la cual se renaturalizó. La 6xHis-SUMO-tTcNADK obtenida será empleada para determinar la actividad enzimática.

C2B20162

Proteoma mitocondrial de los estados juveniles y adulto de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae)

Ruth Mariela Castillo-Morales^{1*}, Diana Lizeth Urbina-Duitama¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez²,
Jonny E. Duque¹

¹ Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales - CINTROP. Facultad de Salud, Escuela de Medicina, Departamento de Ciencias Básicas Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander, Colombia.

² Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología – GIBIM. Escuela de Química, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander, Colombia.

*Ponente: idiobionte@gmail.com

En insectos vectores como *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae), poco o nada se conoce acerca del funcionamiento del proteoma mitocondrial, asumiéndose que la actividad de este organelo es similar durante toda su vida. Por ello, el objetivo de este estudio fue analizar el proteoma mitocondrial de las fases de larva, pupa y adulto de *Ae. aegypti*. Se aislaron mitocondrias de larvas L4, pupas y adultos (músculo del vuelo) de una colonia cepa Rockefeller. Se caracterizó e identificó el proteoma mitocondrial de cada fase mediante electroforesis bidimensional 2D-PAGE seguido por espectrometría de masas (MALDI-TOF). Las proteínas se identificaron empleando su huella peptídica mediante comparación de espectros con BD SwissProt mediante software Mascot 2.1, se calculó el *foldchange* entre fases de desarrollo y se analizó el transcriptoma del zancudo, localizado en el repositorio www.Aedes.caltech.edu. Como resultado de los perfiles proteicos, se visualizaron 314 spots, correspondientes a 209 proteínas, 72 de ellas mitocondriales. De las proteínas mitocondriales identificadas, 35 de ellas se encuentran moduladas en las 3 fases de desarrollo del mosquito, con actividad catalítica (34,3%), de transporte (22,9%), función estructural (17,1%), implicadas en la síntesis de ATP (8,6%), biosíntesis (5,7%), actividad transferasa (5,7%), peroxidasa (2,9%) y reguladora (2,9%). Se encontraron 3 proteínas coincidentes en las tres fases evaluadas: ATP Sintasa, 50s Ribosomal y subunidad de ARN ribosomal metiltransferasa H. Se encontraron cinco proteínas que presentaron un aumento progresivo en la expresión de larva a adulto con funciones de síntesis en las fases juveniles y regulación de diferentes procesos celulares. En conclusión, la expresión proteica mitocondrial de *Ae. aegypti* corresponde con el funcionamiento metabólico propio de cada fase, contribuyendo a la regulación y modulación de diferentes procesos fisiológicos.

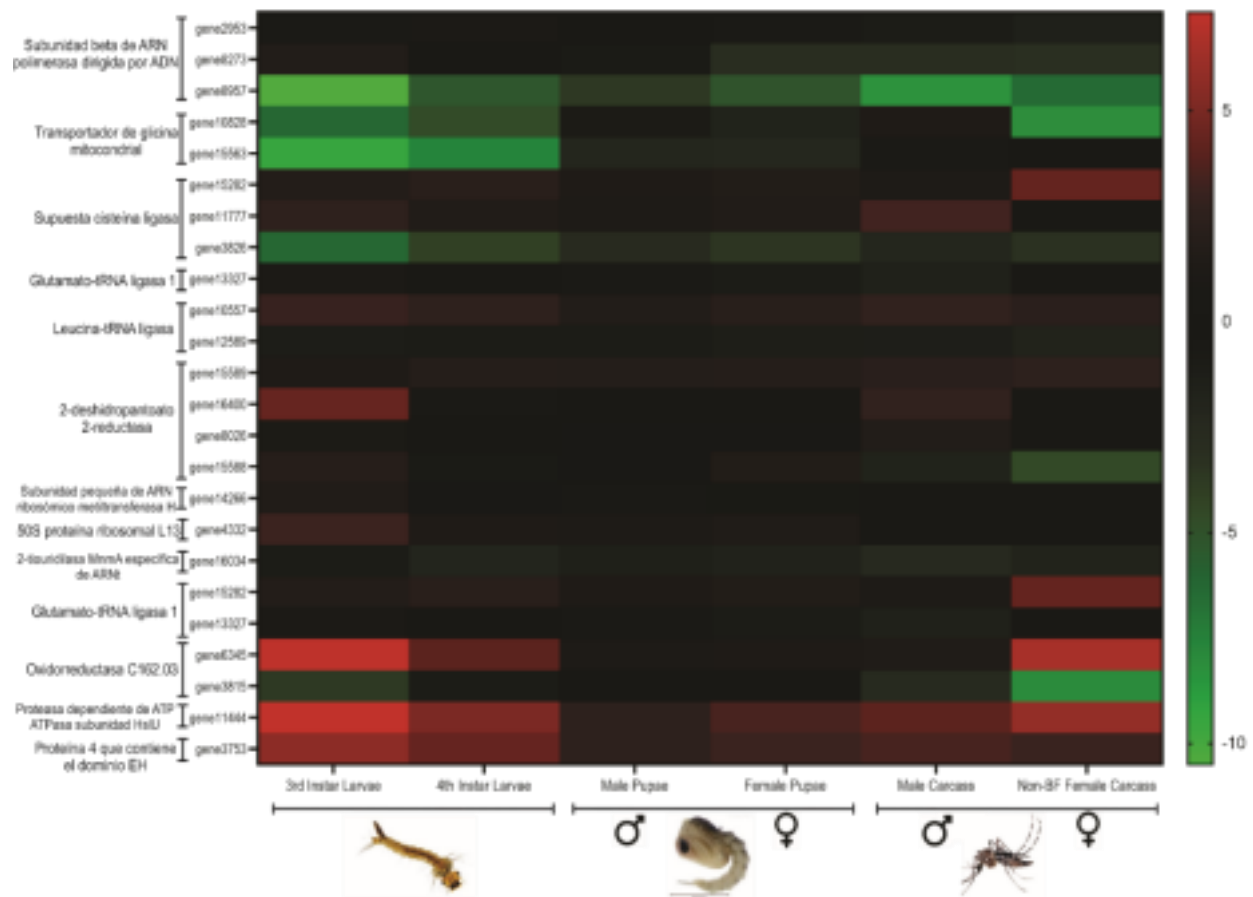


Figura 1. Heat Map de la expresión génica diferencial de proteínas mitocondriales a lo largo del ciclo de vida de *Ae. aegypti*: larvas (L3, L4), pupas (hembra y macho), macho adulto y hembra adulta no alimentada con sangre.

C2B20165

Análisis *in silico* de las secuencias codificantes de fosfolipasas en el genoma de *Brevibacillus thermoruber* HT42 y clonación de una fosfolipasa

Jonathan Lara-Sánchez¹, Daniel Balleza-Mejía¹, Rodolfo Quintana-Castro², Rosa María Oliart Ros^{1*}

¹Unidad de Investigación y Desarrollo en Alimentos/ Laboratorio de Bioquímica, Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Veracruz. Veracruz, Ver, México. ²Laboratorio de Química Médica y Quimiogenómica/ Facultad de Bioanálisis, Universidad Veracruzana, Región Veracruz. Veracruz, Ver, México

*Ponente:rosa.or@veracruz.tecnm.mx

El estudio del genoma ha permitido conocer los genes codificantes de proteínas en los microorganismos, reestructuración de rutas metabólicas, realizar anotaciones basadas en vecindarios genéticos, co-expresiones de proteínas, análisis *in silico* de las funciones y estructura de las proteínas, entre otros. En la industria se prefieren proteínas capaces de soportar condiciones adversas como extremos de pH, temperatura, presiones, por lo que la búsqueda se ha centrado en microorganismos extremófilos y sus enzimas, utilizando tanto técnicas clásicas de cultivo, producción y caracterización, como métodos de ingeniería genética y bioinformática, que han permitido conocer todas las secuencias que codifican para proteínas de interés biotecnológico en genomas y metagenomas. *Brevibacillus thermoruber* HT42 es una bacteria termófila, con crecimiento óptimo a 55 °C, aislada de suelo de la zona geotermal Los Humeros en Puebla, México; su genoma fue secuenciado y anotado funcionalmente. El objetivo de este trabajo fue el estudio de las secuencias codificantes para fosfolipasas en el genoma de *B. thermoruber* HT42, para lo que se hicieron alineamientos de las mismas, modelamiento y análisis de topología, búsqueda de motivos conservados y dominios, análisis de los sitios activos, la cavidad oxianiónica, los sitios de unión alostérica, y los sitios de unión a iones y lípidos. Se seleccionó una fosfolipasa, cuyo gen fue clonado en el vector *pHTP8* para su expresión heteróloga. Se rastrearon las secuencias anotadas como fosfolipasas y se encontraron siete genes. Dos de ellos fueron eliminados por ausencia de sitios activos; tres secuencias fueron clasificadas como fosfolipasas tipo patatina, una como fosfolipasa A2 y una como cardiolipina sintasa con dominio de fosfolipasa D. Una secuencia presenta puentes disulfuro, tres presentan regiones transmembranales, canal oxianiónico, dos secuencias presentan dos dominios, y sitios de unión a iones. Las enzimas están relacionadas con procesos metabólicos de lípidos y glicerofosfolípidos. La fosfolipasa A2 fue clonada y sobre-expresada en *E. coli* BL21 obteniendo una proteína de 11 kDa unida con la proteína de fusión tioredoxina de 14 kDa.

Medio ambiente y Enseñanza

C2B20005

Bioacumulación de metales pesados (Pb, Cd, Zn y Hg) en mangle negro (*Avicennia germinans*) del delta del río Ranchería, norte de Colombia

Carlos Doria Argumedo*

Grupo Territorios Semiaridos del Caribe Facultad de Ingeniería, Universidad de La Guajira, Colombia

*Ponente: cdoria@uniguajira.edu.co

El sistema de manglar del delta del río Ranchería ha estado sometido a fuertes presiones antrópicas debido a su cercanía a la ciudad de Riohacha y a la descarga de aguas servidas residuales producto de actividades domésticas, agrícolas, pecuarias y mineras, que han ocasionado cambios en las características fisicoquímicas de sus sedimentos, la reducción de su cobertura vegetal y la disminución de la presencia de especies, especialmente aves, reptiles y crustáceos. En las zonas de manglar se generan equilibrios que permiten la retención de metales pesados en distintas formas químicas en el sedimento, al intervenir este equilibrio los metales retenidos en sus partículas pueden ser removilizados y hacerse biodisponibles para ser incorporados a la cadena trófica. Con el propósito de establecer la biodisponibilidad en el sedimento y la bioacumulación de metales pesados Pb, Hg, Cd y Zn en el mangle negro (*Avicennia germinans*), se analizaron sus contenidos en cinco puntos con diferente grado de cobertura de manglar y distintos tensores antrópicos. Los metales fueron extraídos por digestión ácida en muestras de sedimento superficial y raíces de mangle, y analizados por medio de Espectrometría de Absorción Atómica. En general, las mayores concentraciones de los metales estudiados se encontraron en formas no biodisponibles. Los metales acumulados en el sedimento y bioacumulados en el mangle siguen la secuencia de $Zn > Hg > Pb > Cd$. No obstante, las concentraciones de los metales encontradas en las fracciones móviles son muy bajas y no representan riesgo ambiental, pero podrían ser potencialmente movilizadas por cambios del potencial redox y pH del sedimento principalmente. Los sedimentos contienen altos niveles de nutrientes inorgánicos, lo cual sugiere que en la actualidad el delta tiene una alta cantidad de aportes y vertidos de residuos que denotan una elevada contaminación orgánica, que pone de manifiesto el impacto ambiental al que se encuentra expuesto.

C2B20112

Metabolismo transoceánico: consumo de oxígeno en murciélagos de España a nivel del mar y murciélagos del altiplano de Colombia

Marc Rios Oriol³, Joan Ramon Torrella³, Yaneth Muñoz-Saba², Edgar Cristancho-Mejía^{1*}

¹Grupo de Investigación en Adaptaciones a la Hipoxia y al Ejercicio UNAL, Departamento de Biología Área de Fisiología Animal y Celular, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

²Grupo de Investigación en Evolución y Ecología de Fauna Neotropical UNAL, Facultad de Ciencias, Instituto de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

³Grup de Fisiologia Adaptativa: exercici i Hipòxia UB, Departamento de Biología Celular, Fisiología e Inmunología, Universidad de Barcelona, Barcelona, España.

*Ponente: ecristancho@unal.edu.co

La tasa metabólica puede definirse como el calor producido o el oxígeno consumido (VO_2) por un animal por unidad de tiempo de acuerdo al estado fisiológico y al ambiente en el cual este se encuentre; es un concepto fundamental para evaluar los procesos vitales y las adaptaciones de los animales a su medio ambiente. El objetivo principal de este estudio fue el de comparar el VO_2 , como estimación del metabolismo basal, en dos poblaciones de murciélagos de diferentes altitudes y distribución geográfica, con la finalidad de entender los efectos de la oferta de oxígeno atmosférico sobre la tasa metabólica. Se capturaron en su entorno natural 10 individuos macho en diferentes estados de desarrollo de las especies *Carollia brevicaudum*, *Carollia perspicillata*, *Glossophaga soricina*, y *Myotis nigricans* en Moniquirá (Colombia, 1.650 msnm, 627 mm Hg) y 25 individuos (10 machos, 15 hembras) de la especie *Miniopterus schreibersii* en Garraf (España, 340 msnm, 730 mm Hg), en los cuales se midió el VO_2 en reposos y a temperatura ambiente de cada localidad (20 – 22°C) en un sistema cerrado y mediante el uso de oxímetro. Los resultados se muestran en la Tabla 1. No se encontró efecto de sexo sobre la Masa Corporal (MC) ni sobre el VO_2 en la especie ibérica. Las especies suramericanas tienen una MC 17,8% mayor (t-student, $p < 0,007$) que el promedio de los sexos ibéricos, pero su VO_2 es 40,0% y 44,4% significativamente menor que el de machos y de hembras respectivamente (t-student, $p < 0,001$). La diferencia en el VO_2 surge de una oferta de O_2 que es 14,1% mayor a 340m que a 1650m y permite que el metabolismo transcurra a mayor intensidad, sin embargo no da cuenta de las diferencias en VO_2 registradas. Debido al estado inicial de la investigación, la diferencia restante en el metabolismo posiblemente se debe a aspectos no considerados como el diferente aporte calórico de la dieta de las especies (frutas, insectos, nectar), así como el gasto calórico que implica el estado de desarrollo y la presencia de crías. Estos aspectos representan limitaciones, pero a la vez perspectivas y potenciales del estudio.

Tabla 1. Promedio $\pm$ desviación estándar de la masa corporal (MC) y del consumo de oxígeno (VO_2) en murciélagos de diferente origen altitudinal y sexo. Efecto de altitud mediante prueba t-Student con $p < 0,01$ o menor aa.

Origen/ altitud	Sexo	MC (g)	VO_2 (mL $O_2 \cdot g^{-1} \cdot h^{-1}$)
Moniquirá 1650m		15,2 $\pm$ 4,6 ^{aa}	6,9 $\pm$ 2,1 ^{aa}
Garraf 340m	Machos	12,5 $\pm$ 1,1	11,5 $\pm$ 3,6
	Hembras	13,0 $\pm$ 1,3	12,2 $\pm$ 2,7

Salud Humana y Animal

C2B20006

IL-6 promueve la proliferación, migración e invasión celular por activación de la vía JAK/STAT/SOCS en células MCF7

Juan José Castro¹, Derly J Diaz-Ruiz¹, María Claudia Sandoval¹, Adriana Umana-Perez¹

¹Grupo de investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia–Sede Bogotá, Bogotá D.C., Colombia.

*Ponente: jujcastroba@unal.edu.co

Introducción: La interleuquina 6 (IL-6) es una citoquina que induce la activación de la vía JAK/STAT/SOCS e influye en diversos procesos fisiológicos como la inflamación y diferenciación celular. Alteraciones en la señalización de esta vía se han vinculado con el crecimiento tumoral, angiogénesis, metástasis y resistencia a tratamientos terapéuticos en varios tipos de cáncer. **Objetivo:** Determinar el efecto de IL-6 en la expresión de los genes *c-MYC*, *STAT5b* y *SOCS3*, y evaluar su relación con la proliferación, migración e invasión celular en el modelo de cáncer de mama MCF7. **Métodos:** Las células MCF7 se estimularon con 50 pg/mL de IL-6 y se evaluaron sus efectos biológicos y la expresión génica. La proliferación se evaluó usando el ensayo MTT y conteo de núcleos; la migración e invasión celular se evaluaron a través de ensayos en cámara de Boyden; y los cambios en la expresión génica de *c-MYC*, *STAT5b* y *SOCS3* se midieron a través de PCR en tiempo real. **Resultados:** En presencia de IL-6 50pg/mL, las células MCF7 mostraron un aumento en la tasa proliferativa significativo a las 24 h; así mismo se observó un incremento de aproximadamente 3 veces en la invasión celular en comparación a la condición basal. En correlación con lo anterior, se observó un incremento significativo en respuesta a IL-6 en la expresión de los genes. **Discusión:** La citoquina IL-6 estimula procesos de proliferación, migración e invasión celular a dosis similares a la fisiológica, en concordancia con reportes previos en otros modelos de cáncer. El mismo estímulo mostró un aumento en la transcripción de genes que favorecen tanto la proliferación como la invasión celular. Estas observaciones sugieren que la ruta de señalización JAK/STAT/SOCS modula los efectos biológicos que conllevan a la progresión tumoral observados como resultado del estímulo de IL-6 en células derivadas de cáncer de mama.

C2B20007

Espectroscopia infrarroja para la determinación de la composición de urolitos en caninos

Valeria Ruiz Ramírez*, Marcela María Manrique Moreno

Grupo de Bioquímica Estructural de Macromoléculas, Instituto de Química, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquía, Medellín, Colombia.

*Ponente: valeria.ruizr@udea.edu.co

La urolitiasis es una patología que tiene lugar en el tracto urinario de diversos animales y es ocasionada por la cristalización de diferentes minerales en el riñón o la vejiga formando cálculos (urolitos). Los urolitos más comunes en los caninos están compuestos de estruvita y oxalato de calcio. Como respuesta a esta problemática, en esta investigación se desarrolló una base de datos a través de espectroscopia infrarroja (FTIR) de una amplia variedad de minerales y mezclas de estos con el objetivo de determinar la composición química de los urolitos. **Objetivo:** Desarrollar una base de datos de espectros de FTIR de los minerales presentes en urolitos de caninos que otorgue información sobre la composición de estos. **Metodología:** Las muestras se prepararon mediante la combinación de dos o tres de los siguientes reactivos: fosfato de amonio y magnesio, oxalato de calcio, ácido úrico, fosfato de calcio, carbonato de calcio, L-cistina, xantina, fosfato de calcio hidratado, ácido úrico y sílice. Cada muestra fue macerada y posteriormente analizada mediante FTIR usando un equipo Tensor II-Bruker. **Resultados:** Se obtuvieron más de 250 espectros en la base de datos de componentes de los minerales más frecuentes identificados en los urolitos de caninos. Posterior a la creación de la base de datos se analizaron muestras de urolitos obtenidos a través de procesos quirúrgicos en diferentes clínicas veterinarias. La comparación de los espectros de los urolitos evidencia el potencial de la base de datos al identificar diferentes composiciones de minerales. **Discusión:** Existe una dificultad al identificar la composición de los urolitos, etapa fundamental para determinar el cambio en la dieta de las mascotas. Actualmente, si se quiere conocer la composición de los urolitos, se recurre al envío de las muestras a Estados Unidos a través de las clínicas veterinarias, el proceso de identificación toma entre 6 y 8 meses y se corre el riesgo de que la muestra obtenida en una cirugía se extravíe y se pierda. La base de datos permitiría tener un análisis de la composición de los urolitos en un tiempo corto en Colombia.

C2B20010

Efecto de la doxorrubicina en la biogénesis de vesículas extracelulares por células de melanoma humano

Laura Fernanda Fernández-Fonseca^{1,3*}, Adriana Umaña-Pérez¹, Luis Alberto Gómez-Grosso^{2,3}, Susana Novoa-Herrán³

¹Grupo de Investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia. ²Facultad de Medicina. Universidad Nacional de Colombia. ³Grupo de Fisiología Molecular, Subdirección de Investigación Científica y Tecnológica, Instituto Nacional de Salud.

*Ponente: lffernandezf@unal.edu.co

Las Vesículas Extracelulares (VEs) son estructuras membranosas que se liberan al espacio extracelular y transportan moléculas bioactivas, incluyendo proteínas, lípidos y ácidos nucleicos, que pueden afectar a microambientes lejanos. El uso del quimioterapéutico Doxorrubicina (Doxo) puede inducir lesiones en órganos distantes al tumor, incluyendo corazón, pulmones, o riñones, siendo un reto su empleo. Las células cancerosas liberan VEs, incluyendo exosomas y ectosomas cuyo origen son los cuerpos multivesiculares (MVB) y la membrana plasmática, respectivamente, en especial al ser tratadas con Doxo, pudiendo mediar efectos cardiotóxicos. El objetivo fue determinar si el tratamiento con Doxo de células de melanoma humano A375, modifica la biogénesis de exosomas. Se utilizó el ensayo de Metil Tiazol Tetrazolim (MTT) para evaluar el efecto de la Doxo sobre el crecimiento de células de melanoma A375. La biogénesis de VEs se evaluó mediante la detección y análisis de la distribución intracelular de los marcadores de vesículas tipo exosoma CD9 y CD63 por inmunocitoquímica fluorescente; y mediante la visualización de vesículas ácidas con naranja de acridina; del aparato de Golgi y los MVB por tinción con la ceramida Bodipy-TR, en células vivas tratadas o no con Doxo 10 nM. Las células cultivadas por 48h previamente tratadas con Doxo (10nM, 96h) disminuyeron en número, sin evidenciarse muerte celular con respecto a las células tratadas con el vehículo (Factor de cambio: -1,7, $p < 0,0001$, $n=3$, comparadas con el control). Se observó una alta heterogeneidad celular en la cantidad y distribución de vesículas (ácidas, y CD9+ CD63+), localizándose tanto en la región perinuclear como cerca a la membrana plasmática. La cantidad de vesículas ácidas aumentó a los 15 minutos de tratamiento con Doxo 10nM, y se observó un mayor porcentaje de vesículas CD9+ y CD63+ en las células tratadas en comparación con el control, dependiente del tiempo. Los resultados sugieren que el tratamiento con Doxo 10nM por 96h reduce significativamente el ciclo celular de las células de melanoma humano A375 aún tras 48 horas de cultivo post tratamiento, e induce una mayor producción de MVB, lo que podría conducir a un aumento en la secreción de exosomas.

C2B20017

Estudio de proteínas con potencial efecto bloqueador de la interacción SARS-CoV2 RBD/hACE2

Sara M. Villada Troncoso^{1*}, Andrea Arévalo^{1,2}, Sandra Chingate², Angela Johana Espejo-Mojica¹, César Ramírez², Carlos Javier Alméciga-Díaz¹

¹Instituto de Errores Innatos del metabolismo, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá D.C., Colombia ²Laboratorio de Investigación en Ingeniería Celular y Molecular – LinCeMol, Instituto Distrital de Ciencia, Biotecnología e Innovación en Salud - IDCBIS, Bogotá D.C., Colombia.

*Ponente: saravilladat@javeriana.edu.co

El SARS-CoV 2 es el agente etiológico causante de la enfermedad conocida como COVID-19, declarada como pandemia a inicios del 2020. La alta mutagenicidad de este virus se ha demostrado por el continuo reporte de nuevas variantes patogénicas, lo que ha mostrado la importancia del diseño de nuevas opciones de tratamiento. Desde inicios de la pandemia, se ha reportado la interacción del receptor humano de la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2), presente en las células alveolares y otros tejidos, con la proteína superficial viral *Spike* (S), la cual permite la adhesión y fusión del virus con la célula humana. Con el objetivo de plantear una estrategia terapéutica basada en bloquear de la interacción entre estas dos proteínas, previamente se diseñaron tres péptidos que interactúan con el dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína S de SARS-CoV2 con mayor afinidad que el receptor ACE2. En este estudio se evaluó la producción recombinante y el efecto bloqueador *in-vitro* de los péptidos BP2, BP9 y BP11 mediante ensayos de neutralización con diferentes variantes del virus. Los péptidos obtenidos fueron producidos en la levadura *Komagataella phaffii* y purificados mediante cromatografía de afinidad. La interacción de los péptidos bloqueadores recombinantes con RBD se caracterizará empleando la técnica de resonancia superficial de plasmones. Con esta interacción establecida se realizará un ensayo de competencia basado en ELISA que permita establecer la concentración adecuada de péptidos recombinantes que bloqueen la interacción ACE2 y RBD. Las concentraciones efectivas de neutralización se evaluarán usando cPass SARS-CoV-2 Neutralization Antibody Detection Kit. Por último, lentivirus pseudotipados que expresan dos variantes de RBD serán usados para verificar la efectividad de bloqueo de los péptidos. La producción y caracterización de estos péptidos establecerá las bases para la generación de alternativas de tratamiento para COVID-19 y otras enfermedades infecciosas en nuestro país, aportando a la consolidación de una soberanía sanitaria en nuestro país.



Cambios de la eritropoyetina (EPO) y el factor de crecimiento vascular pulmonar (VEGF) y su relación con la aptitud física en enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC) posterior al programa de ejercicio 8-WVP

Wilder Villamil-Parra^{1*}, Erica Mancera-Soto², Joan Ramon Torrella³, Edgar Cristancho-Mejía¹

¹Departamento de biología – Facultad de ciencias - Universidad Nacional de Colombia - Bogotá, D.C. - Colombia. ORCID: 0000-0002-1717-1020. ²Departamento del movimiento humano – Facultad de Medicina – Universidad Nacional de Colombia - Bogotá, D.C. - Colombia. ORCID: 0000-0002-6628-3846. ³Departamento de biología celular, fisiología e inmunología - Facultad de biología - Universitat de Barcelona – Barcelona – Spain. ORCID: 0000-0001-6314-6523.

*Ponente: wavillamilp@unal.edu.co

La EPOC cursa con hipoxia crónica causada por los daños de la arquitectura alveolar, además de cuadros de hipoxia crónica intermitente por las exacerbaciones de síntomas respiratorios de esta enfermedad. Los cambios en la difusión y transporte de oxígeno (O₂) en la EPOC conllevan a cambios en las respuestas celulares de adaptación a la hipoxia. Determinar los niveles de EPO y VEGF en EPOC a gran altitud determinando los cambios presentados posterior a un programa de ejercicio físico. Se realizó el programa de ejercicio físico (8-WVP) a personas con diagnósticos de EPOC (COPD) y a personas sanas (CTRL). Se realizaron mediciones por medio de ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA) de EPO y VEGF antes y después del 8-WVP. Los niveles plasmáticos de las proteínas se correlacionaron con realizaron mediciones de hemograma, función pulmonar y prueba de ejercicio cardiopulmonar. En el grupo CTRL se presentó un aumento sostenido de los niveles de EPO con cambios significativos exclusivamente en la medición al reposo. En el grupo COPD se presentó un incremento de la EPO, siendo los significativos los momentos de reposo (aumentó 23% P=0.030) y de respuesta post-aguda (aumentó 40% P=0.050). Los pacientes con EPOC presentaron un aumento sostenido del VEGF en todos los momentos de medición posterior al programa de ejercicio, siendo significativos exclusivamente en la respuesta aguda al esfuerzo físico donde aumentó un 28% (P=0.050). En el grupo control se presentó una tendencia de aumento del VEGF, no obstante, la respuesta aguda y post-aguda fueron significativos. Encontramos que en condiciones de gran altitud y con EPOC estable, el ejercicio físico incrementa el VEGF en plasma sin que esto refleje un deterioro clínico de la persona. Encontramos que el ejercicio incrementó los niveles plasmáticos de VEGF correlacionándose positivamente con una mejor función pulmonar. Encontramos una diferencia significativa en el nivel plasmático de EPO entre los grupos de estudio, siendo significativamente más baja en personas con EPOC, lo cual, puede estar asociado a procesos de Anemia de Enfermedad Crónica asociada a la reducción de la producción endógena de eritropoyetina.

Repelente tópico de protección de contra la picada de *Aedes aegypti* diseñado mediante nanoemulsiones con internalización de biomoléculas de plantas nativas colombianas

Laura Marcela Pérez-Niño^{1,2*}, Jonny Edward Duque-Luna², Eduardo Ricci-Júnior³, Stelia Carolina Méndez-Sánchez¹

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales CINTROP, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

³Laboratório de Desenvolvimento Galênico LADEG, Universidad Federal de Río de Janeiro, Río de Janeiro, Brasil.

*Ponente: laura2218390@correo.uis.edu.co

Se ha informado que las sustancias sintéticas con actividad repelente, como la *N,N*-dietil-*m* toluamida (DEET), presentan efectos adversos. Por ello, se propone la búsqueda de alternativas de origen natural como los aceites esenciales y sus compuestos que tienen efecto repelente demostrado y además que son menos tóxicos. Sin embargo, los diferentes estudios publicados indican que su eficacia como repelente no es significativa como los de origen sintético. El objetivo del presente estudio fue desarrollar una nanoemulsión (NE) con efecto repelente prolongado contra *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) utilizando la mezcla de terpenos acetato de geranilo y nerolidol. Se utilizó un rango de valores de equilibrio hidrofílico- lipofílico (HLB) de 11 a 15 para la mezcla de tensoactivos (Tween 80 + Span 80) para sintetizar NEs empleando un procesador ultrasónico. Se midió el tamaño de partícula, el índice de polidispersidad (PdI) y potencial zeta de las NEs obtenidas y se evaluó su actividad repelente contra *Ae. aegypti* durante los primeros 15 minutos de cada hora con DEET como control positivo. La mejor NE se caracterizó por Microscopía Electrónica de Barrido (SEM) y pH, se estudió su estabilidad a largo plazo (5 meses), y su toxicidad en ratones hembra BALB/c. La NE que contenía Tween 80 al 14,3%, Span 80 al 5,7%, acetato de geranilo al 5% y nerolidol al 5% con un HLB de 12,1 mostró $5,33 \pm 0,58$ horas como tiempo máximo de protección al 100%. El tamaño de partícula obtenido fue de $58,99 \pm 0,55$ nm, PdI de $0,25 \pm 0,01$, pH de $3,59 \pm 0,02$ y potencial zeta de $-22,88 \pm 1,22$ mV. En la microscopía electrónica se evidenció que la morfología de las gotas de la nanoemulsión es esférica con aglomeraciones (Figura 1), además la NE brindó estabilidad a la mezcla de terpenos y en las pruebas de toxicidad de la NE se identificó que esta produjo irritación en la piel del ratón a la cuarta hora de su aplicación. En resumen, la encapsulación del acetato de geranilo y nerolidol en una NE prolongó la actividad repelente, mejorando el tiempo de protección de los compuestos de origen natural.

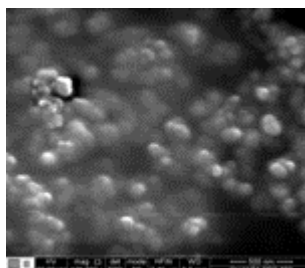


Figura 1. Imagen obtenida por microscopía electrónica de barrido: Nanoemulsión (120 000x) .

C2B20023

El carvacrol potencializa el efecto citotóxico del fármaco sorafenib, sobre células de hepatocarcinoma, a través de inhibición de la fosforilación oxidativa mitocondrial

Liseth T. Bohórquez-Calderón^{1*}, Luís C. Vesga¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez^{1,2}

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Grupo de Investigación en Compuestos Orgánicos de Interés Medicinal CODEIM, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: liseth2238066@correo.uis.edu.co

El cáncer es la segunda enfermedad que mayor número de muertes produce en el mundo, entre los diferentes tipos de cánceres el cáncer de hígado tiene una de las peores estadísticas, ya que en el 2020 fue el sexto cáncer con mayor incidencia y fue el tercero con mayor número de muertes, esto se debe a que los tratamientos actualmente empleados generan efectos secundarios y las células cancerígenas adquieren resistencia a ellos, por tal motivo, es necesario encontrar alternativas que mejoren las terapias convencionales. Con base en lo anterior, se planteó como objetivo identificar metabolitos de plantas medicinales que potencialicen el efecto anticancerígeno del fármaco sorafenib en la terapia contra el cáncer de hígado, teniendo como diana terapéutica la cadena respiratoria mitocondrial, debido a la importancia de este organelo en el metabolismo y en la inducción de muerte celular. Usando una base de datos de 187 metabolitos reportados con actividad anticancerígena, se realizó un cribado a través de docking molecular en el que se empleó la interfaz Maestro del paquete de Schrödinger Drug Discovery suite for molecular modeling (2020-4), y los complejo I y III de la cadena respiratoria mitocondrial. Se identificó al carvacrol, el ácido gálico y el timol como posibles inhibidores de la fosforilación oxidativa. A partir de esto se llevaron a cabo ensayos de citotoxicidad luego de 48 horas de tratamiento empleando el método del MTT, con diferentes concentraciones de estos metabolitos (0-400 μM) y el fármaco sorafenib (0-3,4 μM) sobre la línea celular HepG2, para identificar el CC_{50} de estos compuestos (CC_{50} : carvacrol: 344 μM , timol: 478 μM , ácido gálico: 143 μM y sorafenib: 2,9 μM). Luego se evaluó la citotoxicidad de diferentes concentraciones de mezclas metabolito fármaco, y se seleccionó la mezcla carvacrol-sorafenib como la mejor, ya que se obtuvo sinergismo en todas las concentraciones evaluadas (86 μM carvacrol/ 0,7 μM sorafenib; 172 μM carvacrol/ 1,4 μM sorafenib; 344 μM carvacrol/ 2,9 μM sorafenib). Finalmente, se realizaron ensayos de respiración celular exponiendo las células a la mezcla carvacrol sorafenib en una concentración 86 μM carvacrol/ 0,7 μM sorafenib durante 12 horas, obteniendo una disminución significativa de la respiración celular en condiciones basales ($56,9 \pm 7,1\%$), y en estado desacoplado luego de la adición de FCCP ($38,58 \pm 6,9\%$). Según los resultados obtenidos, es posible potencializar el efecto del fármaco sorafenib mezclándolo con carvacrol, ya que se obtuvo una citotoxicidad del 51% luego de 48 horas de tratamiento empleando las concentraciones de solo 86 μM carvacrol-0,74 μM sorafenib, además, se demostró que esta inhibición está relacionada con una disminución significativa de la respiración de células HepG2, posiblemente relacionada con inhibición de la fosforilación oxidativa mitocondrial.

C2B20033

Síntesis de nanopartículas de Ag, Cu y aleación Ag-Cu con propiedades antibacterianas

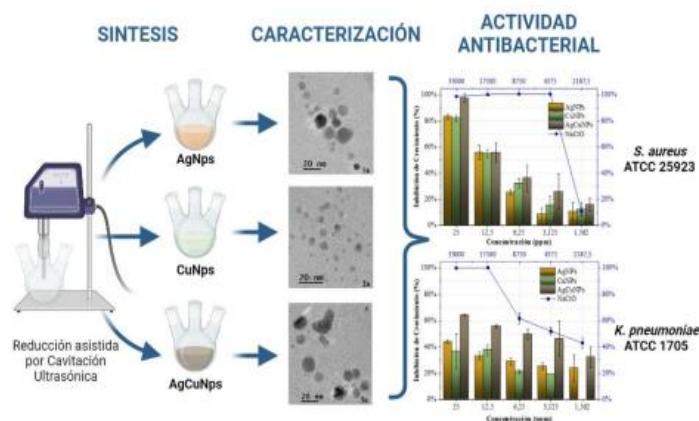
Cristian Ramírez^{1*}, Angélica Murillo², Daniel Llamosa², Javier Rincón²

¹Programa de Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia

²Grupo de Investigación Fundamental y Aplicada en Materiales – GIFAM, Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia.

*Ponente: ccramirez14@uan.edu.co

La creciente aparición de infecciones causadas por agentes patógenos multirresistentes es uno de los temas de salud más importantes a nivel global, puesto que ha encendido las alarmas para la comprensión, detección y prevención de la Resistencia Antimicrobiana (RAM) en todo el mundo, desarrollando medidas eficaces de higiene, prevención, uso óptimo y producción de nuevos agentes antimicrobianos. Es por esto que se han venido desarrollando nuevas estrategias antimicrobianas, investigaciones encaminadas al empleo de la nanotecnología para la producción de agentes microbicidas a través de la aplicación de nanopartículas metálicas preciosas y semipreciosas, mismas con amplia efectividad, baja toxicidad y con amplio espectro antimicrobiano. La presente investigación sintetizó nanopartículas de Ag, Cu y aleación de Ag-Cu por medio de una ruta húmeda asistida por cavitación ultrasónica, con tamaños promedios de partícula inferiores a 11 nm, caracterizadas y analizadas mediante técnicas analíticas como UV-VIS, DRX, TEM, EDX y HR TEM. La actividad antimicrobiana de las nanopartículas de Ag y Cu fue del 80%, mientras que para Ag-Cu se evidencio superior al 95% en la inhibición del crecimiento bacteriano para la cepa Gram positiva *Staphylococcus aureus* y en la cepa Gram negativa *Klebsiella pneumoniae* se evidenció una inhibición superior al 60% empleando el sistema nanoestructurado e inferior del 50% al implementar nanopartículas monometálicas de Ag y Cu en concentraciones de 25 ppm. Se logro determinar la sinergia existente en la aleación Ag-Cu debido a un aumento significativo en la actividad antibacteriana respecto a las nanopartículas Ag y Cu, reflejando un potencial uso como agente antimicrobiano de rápida obtención.



C2B20035

Desarrollo de un nanocompuesto $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2$ como potencial nanotransportador de fármacos para el tratamiento contra el glioblastoma multiforme

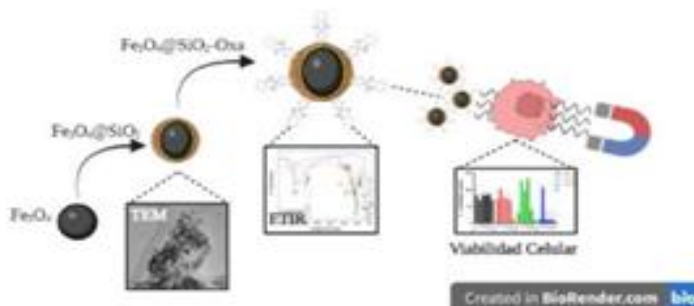
Daniel Llamosa¹, Mónica Losada-Barragán², José Montero^{3*}, Javier Rincon⁴

¹Grupo de Investigación Fundamental y Aplicada en Materiales-GIFAM, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia. ²Grupo de Investigación en Biología celular y Funcional e Ingeniería de Biomoléculas, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia.

³Programa de Bioquímica, Facultad de ciencias, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia. ⁴Grupo de Investigación en Ciencias Biológicas y Químicas-GIBIQs, Universidad Antonio Nariño,

*Ponente: jmontero88@uan.edu.co

Entre todos los tratamientos para el glioblastoma multiforme (GBM) la quimioterapia es el más extendido debido a los medicamentos contra el cáncer, que ayudan a reducir el tamaño del tumor. Desafortunadamente, estos medicamentos presentan varios problemas, como la resistencia de las células cancerosas y su baja especificidad. El uso de nanoportadores de estos fármacos es una estrategia novedosa que puede reducir las problemáticas presentes en los fármacos quimioterapéuticos y así obtener un tratamiento con una menor carga para el organismo. Esta investigación se propuso la síntesis de nanopartículas de Fe_3O_4 recubiertas con SiO_2 a través de la coprecipitación de sales de hierro asistida por cavitación ultrasónica, posteriormente se estudiaron sus características fisicoquímicas empleando técnicas como TEM-EDS, DRX, FTIR, VSM y UV-Vis y por último se evaluó la viabilidad celular mediante ensayos MTT en las líneas BHK-21 y T98G. Las imágenes de TEM mostraron que las nanopartículas de Fe_3O_4 , $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2$, y $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2\text{-Oxa}$, presentan morfologías esféricas con tamaños de 12, 13 y 14 nm respectivamente. Por DRX se determinó que la estructura cristalográfica de Fe_3O_4 , es una magnetita de espinela inversa, lo cual se confirmó mediante SAED y HRTEM. Mediante FTIR se confirmó la presencia del fármaco oxaliplatino, adicionalmente se determinó la absorbancia del fármaco en el nanocompuesto mediante UV-Vis. Con VSM se estableció que el Fe_3O_4 , $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2$, y $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2\text{-Oxa}$ presentaban propiedades superparamagneticas, con una magnetización de saturación de 30, 15, 10 emu/g respectivamente. Para la viabilidad celular se obtuvo que tanto el Fe_3O_4 , como $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2$ son biocompatibles con ambas líneas celulares y el $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2\text{-Oxa}$ presenta una citotoxicidad del 85% en comparación al fármaco solo, que fue del 50%.



C2B20041

Detección del potencial de metabolitos de aceites esenciales como arma insecticida empleando técnicas de alto rendimiento

Daniela Z. Angarita-Vergara^{1a*}, María F. Perez^{1a}, Luis C. Vesga¹, Jonny E. Duque², Stelia Carolina Mendez-Sanchez¹

^a Estos autores contribuyeron igualmente a este trabajo.

¹ Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología (GIBIM), Escuela de Química, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ² Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales – CINTROP, Departamento de Ciencias Básicas, Escuela de Medicina, Universidad Industrial de Santander, Parque Tecnológico y de Investigaciones Guatiguará Km 2 El Refugio, Piedecuesta, Colombia

*Ponente: danielaangarita58@gmail.com

Durante los últimos años, las epidemias de los virus del Zika, dengue y chikunguña han tenido un impacto significativo en la mayoría de las regiones tropicales donde está presente el vector *Aedes aegypti*; por ello, su efecto se ha convertido en una problemática de salud pública. En la actualidad, una solución efectiva para evitar el brote masivo del vector son los insecticidas sintéticos, causantes de problemas ambientales, de salud y resistencia en la especie. Por otro lado, la alternativa de insecticidas naturales es una solución menos agresiva con el ambiente, razón por la cual, este proyecto tuvo como objetivo la identificación de metabolitos naturales que sirvan para el control del vector *Aedes aegypti*, mediante técnicas *in silico*, teniendo como diana farmacológica la mitocondria y la acetilcolinesterasa, para su posterior evaluación *in vitro* e *in vivo*, de los compuestos promisorios. Inicialmente, se elaboró un modelo de homología para cada proteína de la cadena respiratoria mitocondrial y se eligió la estructura cristalina de la especie *Drosophila melanogaster* para la enzima AChE (1QON_1). Luego, se construyó una base de datos con metabolitos de plantas, a los cuales se les preparó su estructura química por medio de la herramienta LipPrep Schrödinger, Inc, y posteriormente se realizaron ensayos de docking molecular empleando Glide de la plataforma Schrödinger, con los modelos de cada enzima. Los mejores metabolitos fueron seleccionados teniendo en cuenta criterios como el docking score y la energía de afinidad. En la etapa *in vivo*, se evaluó el efecto tóxico de los metabolitos previamente seleccionados sobre las larvas (en estadios 3 y 4) luego de 24 y 48 horas de exposición, determinando así el CL50. Finalmente, a los compuestos seleccionados en las fases anteriores, se les analizó su efecto sobre el transporte de electrones a través de las proteínas de los complejos de la cadena respiratoria mitocondrial, así como el efecto en la actividad de la acetilcolinesterasa. Como resultado de esta metodología guiada, se obtuvieron compuestos con alta actividad larvicida, como el farnesol con una concentración letal de CL50 = 9,78 ppm y la xantona de CL50 = 3,5 ppm frente a *A. aegypti*. Esta actividad letal de los mejores compuestos se relacionó explícitamente con su efecto negativo sobre la cadena de transporte de electrones, específicamente en el complejo II (79,03% $\pm$ 10,34) y III (86,07% $\pm$ 8,18) para el farnesol y en el complejo II (72,65% $\pm$ 4,17) para la xantona, además de la alteración sináptica del impulso nervioso debido a la inhibición de la AChE.

C2B20043

Modulación del crecimiento tumoral y ambiente inflamatorio por PPAR- β y los ácidos octanoico y decanoico en la línea celular de glioblastoma T98G en condiciones de restricción de glucosa

Laura Vargas¹, Andrés Felipe Cuellar², Adriana Puerta³, Luz N. Correa³, Karina Vargas Sanchez²,
Mónica Losada-Barragán^{1*}

¹ Grupo de investigación de biología celular y funcional e ingeniería de biomoléculas, Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia. ² Laboratorio de Neurofisiología Celular, Grupo de Neurociencias Traslacional, Facultad de Medicina, Universidad de los Andes. ³ MITOTHERAPIES SAS

*Ponente: monica.losada@uan.edu.co

El glioblastoma es un tipo de tumor cerebral altamente invasivo que presenta una baja tasa de supervivencia. Debido a la ubicación del tumor su tratamiento suele ser poco efectivo y tener importantes efectos secundarios. Recientemente, se ha propuesto a la dieta cetogénica (KD) como una herramienta coadyuvante que podría tener efectos beneficiosos en el control de la actividad tumoral. La KD está conformada por un porcentaje elevado de grasas, bajo contenido de carbohidratos y adecuado aporte de proteínas. Uno de los principales componentes de la KD son los ácidos grasos, los cuales son ligandos naturales de los receptores PPAR. Los PPAR también actúan como factores de transcripción que regulan la expresión de genes que controlan la homeostasis metabólica. Por tanto, en este trabajo buscamos estudiar el papel del receptor PPAR- β en el crecimiento tumoral de la línea celular de glioblastoma T98G en condiciones de baja glucosa y presencia de los ácidos octanoico y decanoico como una primera aproximación al estudio de los efectos de una dieta cetogénica *in vitro*. Para esto, se realizó un silenciamiento génico del receptor PPAR β y se estudiaron sus efectos en la expresión de genes asociados con metabolismo y crecimiento tumoral en la línea T98G. Adicionalmente, se evaluó la secreción de moléculas proinflamatorias y la proliferación celular. Los cambios inducidos por PPAR- β sugieren una estrecha relación del receptor con los niveles de glucosa y una influencia en la modulación de la expresión de enzimas que participan en β -oxidación y ciclo de Krebs. La disminución de los niveles de glucosa y el silenciamiento del isotipo PPAR- β también generó una disminución en la expresión de genes tumorales asociada con los ácidos octanoico y decanoico, lo cual podría influenciar el desarrollo tumoral y ser factores por considerar en la KD. Notablemente, en medio bajo en glucosa se detectó un incremento en la secreción de citocinas proinflamatorias en las células interferidas para PPAR- β . Por tanto, nuestros resultados indican que PPAR- β regula el crecimiento tumoral, la producción de proteínas proinflamatorias en el microambiente tumoral, y destaca la importancia de la disminución de glucosa como factor potenciador del proceso inflamatorio.

C2B20044

Desarrollo de una metodología molecular para el diagnóstico de agentes hemotrópicos (*Anaplasma spp.* and *Babesia spp.*) en bovinos

Jahir O Vargas Dominguez^{1*}, Jaime A Cubides Cárdenas^{2,1}, Yolanda Gómez Vargas¹, Rodrigo Alfredo Martínez Sarmiento¹.

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria. ²Grupo de innovación e investigación en salud y bienestar animal, Centro de investigación Tibaitatá, AGROSAVIA, Mosquera, Colombia.

*Ponente: jvargas@agrosavia.co

Introducción: Colombia ha experimentado un notable crecimiento en el inventario de ganado bovino en los últimos años; sin embargo, a medida que aumenta la población bovina también incrementan los ectoparásitos asociados, como es el caso de las garrapatas, principalmente *Rhipicephalus microplus*, moscas hematófagas y los tábanos, los cuales pueden transmitir agentes infecciosos que ocasionan pérdidas anuales por más de 500 mil millones de pesos por anemias y muerte de los animales. La baja sensibilidad de las técnicas de rutina (frotis sanguíneo y técnica de Woo) conlleva la implementación de técnicas como la PCR que permite la identificación de las infecciones subclínicas cuando aún hay baja parasitemia en el hospedador. **Objetivo:** Estandarizar la técnica de extracción y PCR (Reacción en cadena de la polimerasa) para el diagnóstico de *Babesia spp.* y *Anaplasma spp.* **Metodología:** Para la estandarización de la técnica de diagnóstico se solicitó al Banco de Germoplasma de Microorganismos de AGROSAVIA los controles positivos, se realizó un nuevo diseño de primers dirigidos únicamente al diagnóstico del género del hemoparásito, para ello se empleó el software Online de Biosearch Technologies, procesando finalmente un número de 8 muestras por hemoparásito las cuales se evaluaron en gel de agarosa y se secuenciaron empleando el equipo ABI3500 con los software Data Collection y Sequencing Analysis. **Resultados y discusión:** Se obtuvo un ADN de buena calidad y concentración a partir de la combinación de metodologías (kit comercial e in house). Para la PCR la temperatura ideal de anillamiento de los primers fue entre 58°C/60 °C (Imagen 1), todos los productos de PCR fueron secuenciados obteniendo una cobertura e identidad mayor del 98% para los hemoparásitos y confirmando las especies evaluadas. **Conclusión:** El desarrollo de nuevas técnicas para el diagnóstico de hemoparásitos por técnicas moleculares permite obtener resultados de manera sensible y específica, lo cual es importante para generar tratamientos oportunos en las fases iniciales de la enfermedad, evitando procesos hemolíticos avanzados que impactan en la productividad de los animales; de igual forma, estos trabajos permiten describir de manera clara la ecoepidemiología de estos agentes hemotrópicos en los sistemas productivos de la ganadería bovina del país.

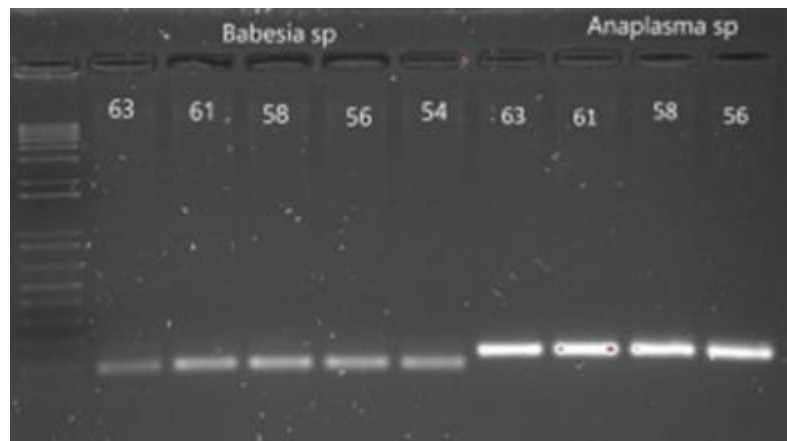


Figura 1. Validación de temperatura de anillamiento de los sets de primers diseñados para *Babesia spp.* y *Anaplasma*

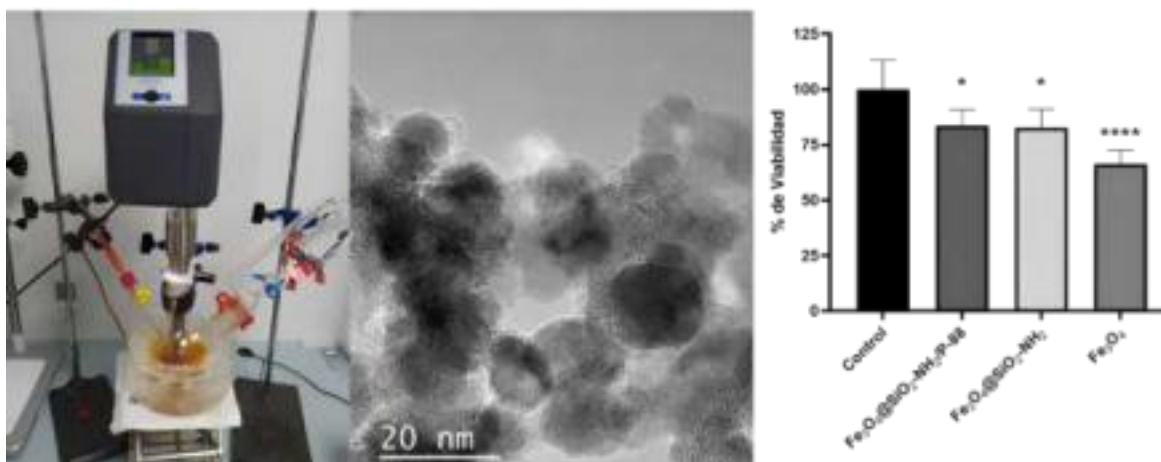
Nanopartículas de $\text{Fe}_3\text{O}_4@\text{SiO}_2\text{-NH}_2/\text{P-88}$ biomarcador de inflamación como potencial agente de contraste en resonancia

Brayan Stick Betin Bohórquez ^{1*}, Mónica Losada Barragán ^{1,2}, Daniel Llamosa Pérez ^{1,3}, Rolando Javier Rincón ^{1,4}

¹ Programa de Bioquímica. Facultad de Ciencias. Universidad Antonio Nariño. ² Grupo de Investigación Fundamental y Aplicada en Materiales - GIFAM. Universidad Antonio Nariño ³ Grupo de Investigación en Ciencias Biológicas y Químicas- GIBIQs. Universidad Antonio. ⁴ Grupo de Investigación en Biología Celular y Funcional e Ingeniería de Biomoléculas. Universidad Antonio Nariño

*Ponente: Bbetin96@uan.edu.co

Las lesiones cerebrales traumáticas leves (ILCT) son traumatismos producidos por caídas, golpes o accidentes de tránsito, estas son capaces de generar microinflamaciones sobre las células endoteliales de la barrera hematoencefálica, afectando su correcto funcionamiento y por consiguiente la homeostasis cerebral correcta del individuo. Debido a su reducido tamaño las ILCTs son imperceptibles mediante técnicas de diagnóstico no invasivo como la resonancia magnética convencional, por lo cual es indispensable el uso de agentes de contraste que posean características superparamagnéticas, tamaños reducidos y adicionalmente no afecten la viabilidad del tejido diana. El presente trabajo propuso un método de síntesis de un nanocompuesto de tamaño medio de 9 nm con núcleo superparamagnético de Fe_3O_4 de 7 nm, estructura cristalina de magnetita de espinela inversa recubierto con $\text{SiO}_2\text{-NH}_2$ mediante coprecipitación asistida por ultrasonidos. El nanocompuesto obtenido se caracterizó por DRX, TEM, FTIR, VSM y TGA estudiando sus principales características morfológicas, magnéticas y de estabilidad térmica. Adicionalmente se comprobó el anclaje de un péptido biomarcador de inflamaciones (P-88) (capaz de unirse a la proteína laminina β sobreexpresada en procesos inflamatorios), sobre la superficie nuestro nanocompuesto mediante un sistema biotina-estreptavidina-HRP. Por último, mediante ensayos MTT se obtuvo una viabilidad celular de 84% sobre células endoteliales del riñón de mono (línea celular VERO), para una potencial aplicación como agente de contraste dentro de la resonancia magnética para un diagnóstico temprano de las ILCTs.



C2B20049

Producción de un anticuerpo IgY contra péptidos antagonistas del receptor N-metil D-Aspartato (NMDA) como herramienta en la determinación de su permeabilidad en un modelo in vitro de barrera hematoencefálica

Damián A. Acosta-Viteri^{1*}, Edgar Antonio Reyes-Montaña¹, María-Angélica Calderón Peláez², Myriam L. Velandia-Romero², Jaime E. Castellanos², Nohora A. Vega-Castro¹, Ruth Garzón¹

¹Grupo de Investigación en Proteínas GRIP, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

²Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia

*Ponente: daaacostavi@unal.edu.co

El potencial de los productos naturales derivados de los venenos es enorme y su estudio se ha enfocado en la búsqueda de nuevos medicamentos y otros productos con potenciales aplicaciones biotecnológicas. En ese sentido, el diseño racional de péptidos a partir de toxinas por medio de herramientas de análisis computacional realizado en el Grupo de Investigación en Proteínas, nos han llevado a postular nuevos péptidos sintéticos con actividad antagonista, llamados los EAR. Estos han mostrado actividad in vitro sobre el receptor N-metil D-aspartato (rNMDA) en cultivos primarios de neuronas hipocámpales y en células HEK 293-T transfectadas con las subunidades de receptor. Dada la importancia del estudio de agentes neuroprotectores, y el efecto en la salud del sistema nervioso, es importante determinar su accesibilidad al blanco terapéutico. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue explorar la permeabilidad de la barrera hematoencefálica (BHE) a los EAR, usando un modelo murino in vitro. Inicialmente, se obtuvieron anticuerpos policlonales (IgY) en gallina contra cada uno de los EAR, los cuales se purificaron y caracterizaron por técnicas inmunoquímicas, obteniendo IgYs que permiten detectar hasta 0.001 µg de péptido por ensayo de ELISA. Posteriormente, con los EAR se evaluó la viabilidad celular y citotoxicidad en células de endotelio de cerebro de ratón, encontrando que los EAR no las afectaron. Adicionalmente, mediante mediciones de la resistencia eléctrica transendotelial, con diferentes cantidades de los EAR y a diferentes tiempos, mostrando que tampoco alteraron la integridad de la monocapa celular.

bioMOFs basados en ácidos fenólicos como sistemas de liberación controlada en el tratamiento contra cáncer de próstata y mama

Andrea Y. Garzón-Serrano,^{1,2*} Cesar A. Sierra,¹ Adriana Umaña-Pérez²

¹Grupo de Investigación en Macromoléculas, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Colombia.

²Grupo de investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia–Sede Bogotá, Bogotá D.C., Colombia.

*Ponente: aygarzons@unal.edu.co

En Colombia, una de las principales causas de muerte es el cáncer, siendo los de próstata y mama los más frecuentes. Los pacientes en tratamientos contra el cáncer deben enfrentarse a efectos secundarios relacionados con la falta de selectividad en la acción de los medicamentos. Una estrategia para dirigir el efecto farmacológico deseado es el desarrollo de sistemas de liberación controlada (DDS-*Drug Delivery Systems*), dentro de los cuales las redes metalorgánicas biológicas (bioMOFs) destacan por su compatibilidad con el organismo. Sin embargo, de los estudios con bioMOFs, poco se ha explorado el uso de ácidos fenólicos como ligando orgánico. En este trabajo se evaluó la citotoxicidad de dos bioMOFs basados en ácido gálico ($\text{Mg}(\text{H}_2\text{gal}) \cdot 2\text{H}_2\text{O}$), ácido protocatéquico (bioUNAL-1), y usando como centro metálico al magnesio. Se realizaron ensayos de MTT en líneas celulares derivadas de cáncer de mama (MCF-7 ATCC® HTB-22™) y próstata (DU145 ATCC® HTB-81™), y como control el cultivo primario no tumoral de fibroblasto humano. La inhibición celular causada por los compuestos se expresó como razón de cambio con respecto a la viabilidad del cultivo en crecimiento con suero fetal bovino (SFB). En la **Figura 1** se muestran los resultados de viabilidad a 24 y 48 h de las células al entrar en contacto con los bioMOFs. El comportamiento de los datos muestra que a 24 h los bioMOFs no afectan la viabilidad de los fibroblastos, sino que promueven un aumento en la actividad metabólica hasta en un 30% en la dosis de 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$. En el caso de las líneas tumorales, el material bioUNAL-1 muestra clara disminución en la actividad metabólica de los cultivos, comparado con $\text{Mg}(\text{H}_2\text{gal}) \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, el cual presenta dicho efecto solo en la línea DU-145. Por otro lado, a 48 h se evidencia que bioUNAL-1 causa proliferación en fibroblastos, contrario al efecto de $\text{Mg}(\text{H}_2\text{gal}) \cdot 2\text{H}_2\text{O}$. No obstante, sobre la línea MCF-7, el efecto del material bioUNAL-1 parece estabilizarse mientras se hace mayor en el material $\text{Mg}(\text{H}_2\text{gal}) \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ a dosis altas. Mientras que para DU-145 se observa disminución en la población celular en ambos materiales, a excepción de las concentraciones mayores a 25 mg/mL , lo cual puede explicarse por posible contaminación. Finalmente, al comparar los bioMOFs evaluados, se muestra que bioUNAL-1 sería un candidato prometedor para continuar en estudio como DDS ya que disminuye la población de células cancerosas (MCF-7 y DU-145) sin afectar el crecimiento de células normales.

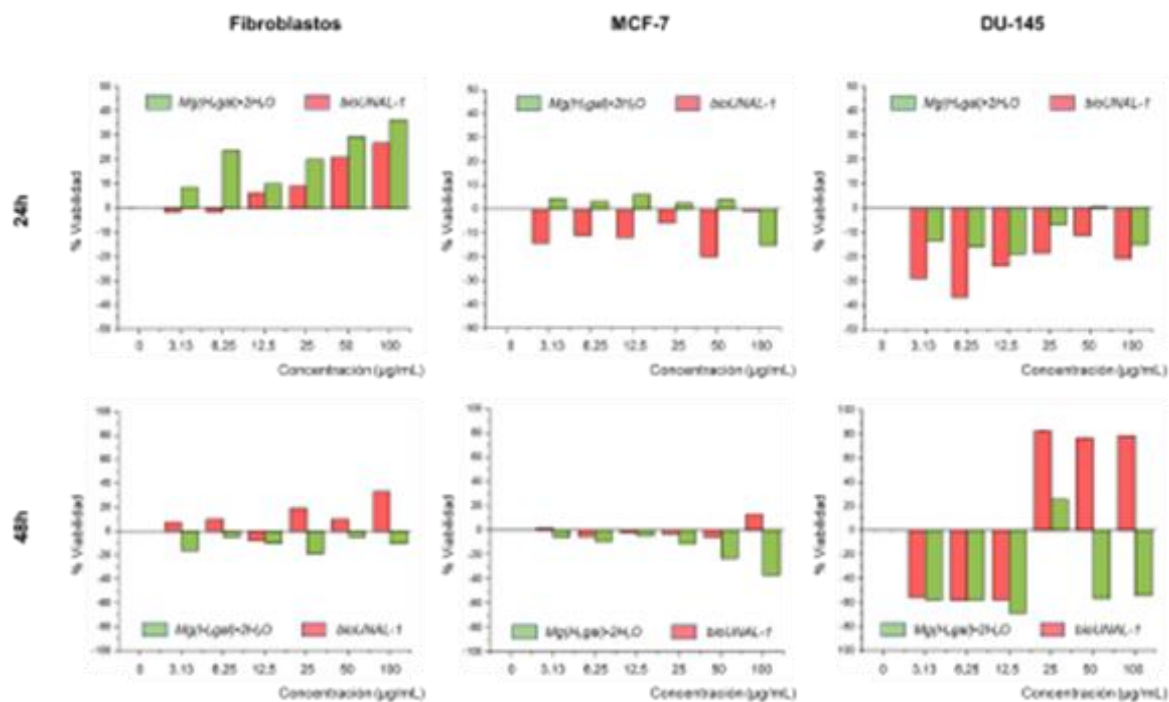


Figura 1. Curvas de dosis respuesta de líneas celulares tipo fibroblastos, MCF7 y DU145 a 24 y 48 h expuestas a bioMOFs evaluados.

Purificación de un anticuerpo IgY generado contra un péptido agonista (EAR-20) del receptor NMDA

Duberney Ardila-Fernández^{1*}, Edgar Antonio Reyes Montaña¹, Gonzalo J. Díaz², Nohora Vega¹, Ruth Garzón Fernandez¹

¹ Grupo de Investigación en proteínas (GRIP). Departamento de Química. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá. ² Laboratorio de Toxicología, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de Colombia - Sede Bogotá

*Ponente: dardilaf@unal.edu.co

El estudio de venenos animales se ha enfocado en la búsqueda de nuevos medicamentos y otros productos con potenciales aplicaciones biotecnológicas. En ese sentido, el diseño racional de péptidos a partir de Conantoquina G por medio de herramientas de análisis computacional, nos han llevado a postular un nuevo péptido sintético con actividad agonista, llamado EAR20. Teniendo en cuenta la posible aplicación terapéutica del péptido, el objetivo de este trabajo fue obtener un anticuerpo (IgY) policlonal para hacer la detección de EAR20. Una vez generadas las IgY, se realizó su purificación por cromatografía tiofílica y se llevó a cabo su caracterización por técnicas inmunoquímicas, ELISA y *Western Blotting*. Inicialmente, las gallinas (Hy-Line Brown) fueron inoculadas con el péptido y se seleccionaron los huevos en los días de postura, 5, 9, 15, 17, 22, 24, 28, 33, 38, 42 y 55 para llevar a cabo la extracción y evaluación del título en el tiempo. Los resultados nos permitieron obtener IgYs, las cuales por SDS PAGE mostraron las cadenas livianas y pesadas en cada paso de purificación, así como un mayor título en el extracto correspondiente al día 38 luego de realizar un refuerzo. Durante el proceso de purificación se conservó la actividad del anticuerpo, y se obtuvieron soluciones con una concentración de 1,74 mg/ml. Con 5mg totales de IgY se detectó 1 µg del péptido EAR 20 por ensayo de ELISA.

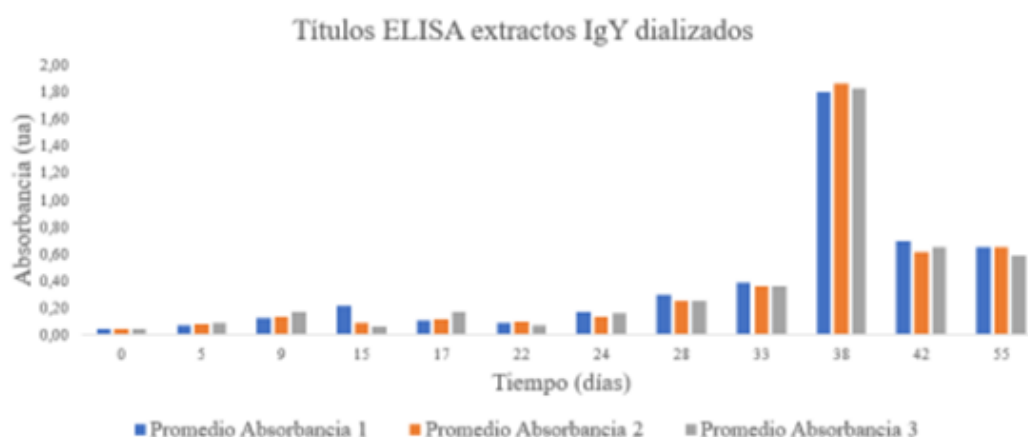


Figura 1. Ensayo de ELISA para las IgYs obtenidas luego de la precipitación del extracto inicial con sulfato de amonio 0-60%. Se observa respuesta secundaria en el día 38 y primaria a partir del día 28. Para cada una de las determinaciones se realizaron triplicados en el tiempo, las cuales corresponden con cada una de las absorbancias.

C2B20060

Evaluación de la actividad acaricida de derivados cumarínicos contra la garrapata *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*.

Carlos Eduardo Rodríguez^{1*}, Néstor J Pulido¹, Melisa D Munevar¹, Sergio Ulloa¹

¹Grupo de investigación Bioquímica y Nutrición Animal GIBNA, Facultad de ciencias agropecuarias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia.

*Ponente: carlos.rodriguez@uptc.edu.co

Introducción: El control de *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. (*R. (B.) microplus*) en los sistemas de producción, especialmente en el ganado bovino, se ha llevado a cabo principalmente mediante productos de síntesis química que debido a su constante e inadecuado uso han perdido eficacia, provocando resistencias y trayendo consigo importantes consecuencias relacionadas con el incremento de los costes de producción. **Objetivo:** Investigar la actividad acaricida de un grupo de derivados de α -cumarinas obtenidos por reacción de Pechmann utilizando metodologías eco-compatibles, evaluando la supervivencia de garrapatas adultas de *R. (B.) microplus* al contacto con estos compuestos. **Metodología:** Dentro de esta investigación se evaluó el comportamiento acaricida de doce cumarínicos (Cd) sintetizados mediante la metodología de Pechmann; utilizando la técnica de inmersión de adultos sobre hembras engordadas de *R. (B.) microplus*, los resultados obtenidos se analizaron mediante el modelo de riesgo proporcional o regresión de Cox y el estimador de supervivencia de Kaplan Meier. **Resultados y discusión:** El comportamiento de la supervivencia de *R. (B.) microplus* disminuyó a medida que se incrementó la concentración de cada Cd; sin embargo, fue posible apreciar una respuesta horticola para algunos de los Cd evaluados; esto se relaciona con variaciones en el grupo funcional y su ubicación dentro de la estructura. La mayor reducción en la supervivencia se obtuvo utilizando C2 (5,7-dihidroxi-4-metilcumarina), C4 (5- hidrox-3,4,7-trimetilcumarina) y C11 (7-cinamiloxi-4-metilcumarina), los cuales presentaron valores de supervivencia iguales o cercanos al 0%. Por otro lado, se reporta el comportamiento resistente frente al organofosforado etión. Los Cds biosintetizados podrían eventualmente actuar como acaricida para el control de garrapatas, así como una alternativa al uso de acaricidas tradicionales como los organofosforados.

C2B20063

Desarrollo de células que expresan un receptor antígeno quimérico (CAR) específico para la proteína integrina $\alpha\beta6$

Daniela Perdomo Joven ¹, Mauricio Urquiza Martínez^{1*}

¹Grupo de investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia–Sede Bogotá, Bogotá D.C., Colombia.

*Ponente: murquizam@unal.edu.co

La inmunoterapia se ha establecido como una estrategia prometedora para el tratamiento del cáncer al fortalecer el sistema inmunológico. Una modalidad terapéutica en desarrollo es el uso de receptores de antígeno quimérico (CAR) expresados en células del sistema inmune para identificar y eliminar selectivamente células tumorales. Sin embargo, la eficacia de esta terapia en tumores sólidos es aún un desafío debido al microambiente inmunosupresor.

En este estudio, se propuso generar CAR *cells* específicas para la integrina $\alpha\beta6$, una proteína altamente expresada en diversos tumores sólidos, incluyendo el hepático, endometrial y pancreático, cuya expresión está asociada con una menor supervivencia en pacientes debido a su papel en la proliferación y metástasis celular. Esto fue realizado mediante la modificación de un plásmido existente (pSLCAR-CD19-BBz) por medio de la inclusión de la secuencia del péptido 11435 de unión a la integrina $\alpha\beta6$.

Se llevó a cabo la amplificación y purificación del plásmido original para su evaluación. Además, se obtuvieron células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) y se transfectaron los linfocitos utilizando el plásmido purificado, estas células se co-cultivaron con linfocitos sin transfectar en un ratio E:T de 10:1 en tres momentos diferentes: 0 horas, 4 horas y 24 horas. Para caracterizar las células *in vitro*, se amplificaron los genes relacionados con muerte celular (TNF- α , IL12B y NFK β) mediante PCR en tiempo real. Además, se llevaron a cabo estudios *in silico* para evaluar la estructura propuesta del anticuerpo con afinidad a la integrina $\alpha\beta6$, mediante docking molecular con la estructura reportada de la proteína en el PDB 4UM9.

Los resultados en los co-cultivos indicaron una respuesta positiva de las células transfectadas en la expresión de genes involucrados en la respuesta inmunitaria. Los estudios *in silico* permitieron diseñar modelos de la estructura propuesta para el anticuerpo con afinidad a la integrina $\alpha\beta6$, basados en la interacción de los aminoácidos de contacto.

C2B20072

Evaluación de la susceptibilidad de los virus del chikungunya, zika y dengue en cultivos celulares derivados de insectos y mamíferos

Andrés F. Cuéllar-Quimbaya^{1*}, Ana Luisa Muñoz¹, Yoelis Yopez-Perez², Ingrid D Jiménez C³, Nidya Alexandra Segura³, Anny Karely Rodríguez¹, Felio Bello⁴, Mónica Losada Barragán¹

¹Grupo de investigación de biología celular y funcional e ingeniería de biomoléculas, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia.

²Programa de doctorado en Ciencias Biomédicas y Biológicas, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. ³Grupo de Investigación en Ciencias Biomédicas, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia. ⁴Facultad de Ciencias Agrarias y Ganaderas, programa de medicina veterinaria, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia.

*Ponente: acuellar32@uan.edu.co

Los virus del chikungunya (CHIKV), Zika (ZIKV) y dengue (DENV) son patógenos emergentes y reemergentes transmitidos por mosquitos que han causado epidemias de gran escala en países tropicales como Colombia. Esto ha generado un problema al sistema de salud ya que la infección de CHIKV, ZIKV y DENV generan síntomas similares y no existe un agente terapéutico efectivo contra estos tres virus. Por tanto, es necesario el desarrollo de metodologías *in vitro* que potencien la investigación de posibles nuevos agentes terapéuticos contra estos patógenos. Este estudio buscó evaluar la susceptibilidad de dos líneas celulares de mamífero y tres líneas celulares de insecto a un aislado clínico de CHIKV, ZIKV y DENV de circulación en Colombia, por medio de ensayos de placa y RT-qPCR. Los resultados revelaron que las líneas celulares de mamífero (Vero y BHK-21) son susceptibles a los aislados colombianos de CHIKV, ZIKV y DENV, resaltando que las células BHK-21 son más susceptibles para CHIKV, y para el caso de ZIKV y DENV las células Vero fue más permisiva a la infección. En adición, en las líneas celulares de insecto, las células derivadas de *Aedes aegypti* fueron significativamente más permisivas para el aislado de CHIKV y ZIKV que para las líneas de originadas de *Aedes albopictus* (C6/36) y *Lutzomyia longipalpis* (LULO). En contraste, para el caso del DENV, la línea celular C6/36 presentó mayor susceptibilidad con respecto a la línea aislada de *Aedes aegypti* mientras que para la línea LULO no es susceptible a la infección por este patógeno. Los resultados obtenidos señalan que la línea celular BHK-21 es el sustrato celular más idóneo para el estudio de CHIKV en células de mamífero y la línea celular derivada de *Ae. aegypti* para estudio de CHIKV y ZIKV, mientras que para DENV la línea ideal es C6/36 en modelo de insecto *in vitro*. Los modelos celulares sugeridos son útiles para optimizar y abordar estudios de actividades antivirales de posibles nuevas terapias y de mecanismos de acción contra la infección causada por cualquiera de estos tres agentes infecciosos.



C2B20075

Producción y caracterización de pseudovirus de variantes del SARS-Cov-2

Silvia Jiménez Camacho^{1,2*}, Sara Catalina Nieto^{1,2}, Laura Fernanda Fernández Fonseca¹, Mauricio Urquiza^{1,2}

¹Grupo de investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia–Sede Bogotá, Bogotá D.C., Colombia. ²Semillero de Bioquímica, Biofísica y Biología Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

*Ponente: snjimenezca@unal.edu.co

El COVID-19 es una enfermedad causada por la infección del virus SARS-Cov-2, cuya evolución ha cambiado la forma en cómo este interactúa con el receptor ACE-2 en la célula humana, así como el mecanismo de interacción con diferentes anticuerpos. Este proyecto pretendió la producción de diferentes tipos de viriones del SARS-Cov-2 (original, variantes alpha, beta y delta), y para ello se utilizó el sistema lentiviral con tres plásmidos y la producción de este en células HEK-293T (ATCC CRL-3216), dicho sistema es importante para la detección de anticuerpos neutralizantes, lo que permite estudiar los mecanismos de infección y posible diseño de nuevos medicamentos. Para la producción de nanopartículas pseudovirales se utilizó el sistema lentiviral a partir de tres plásmidos, un vector de empaquetamiento, otro vector con EGFP para marcar las nanopartículas y el plásmido que contiene la proteína spike del virus. Esta transfección se hizo en células HEK-293T, de las cuales los sobrenadantes fueron recogidos y concentrados. Posteriormente se evaluó su actividad mediante fluorescencia y ensayos de invasión a células transfectadas con el receptor ACE2. Adicionalmente se confirmó la transfección mediante microscopía de fluorescencia y por medio de DLS se determinó un tamaño de partícula de alrededor de 100 nm, además se halló que estas nanopartículas efectivamente invaden las células HEK-293T transfectadas con el receptor ACE2 específicamente, usando técnicas de electroforesis y microscopía. Este sistema lentiviral ha sido utilizado para realizar el ensayo de invasión e inhibición, así como también en el futuro se piensa usarlas para determinar los títulos de anticuerpos neutralizantes en pacientes vacunados.

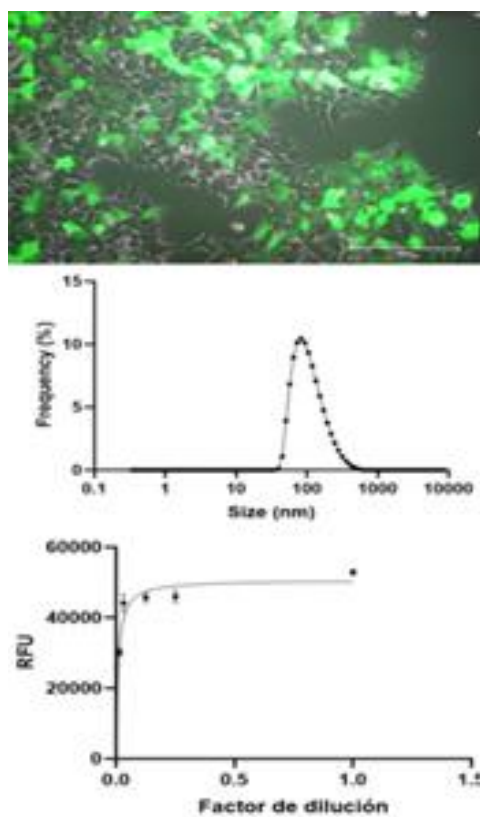


Figura 1. Microscopía de fluorescencia: transfección de las células HEK293T. DLS y evaluación de la infección mediante fluorescencia.

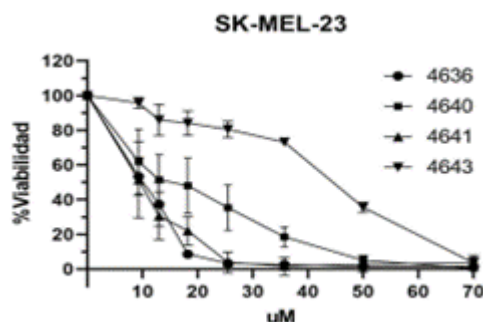
Péptido sintético antimicrobiano que induce la apoptosis de líneas celulares de cáncer

Daniela A. Sinisterra-Tovar^{1,2*}, Mauricio Urquiza^{1,2}, Erika Diaz Sana^{1,2}, Natalia Reyes Triviño³, Fanny Guzman⁴

¹ Grupo de Investigación en Hormonas, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ² Semillero de Bioquímica, Biofísica y Biología Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ³ Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias, Departamento de Química, Bogotá, Colombia. ⁴ Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

* Ponente: dsinisterrat@unal.edu.co

Introducción: Ha sido ampliamente demostrado que algunos péptidos antimicrobianos (AMPs) catiónicos helicoidales inducen a la apoptosis de células de cáncer. En la base de datos de AMPs están reportados alrededor de 3286 y de estos aproximadamente 259 presentan actividad antitumoral. Esto se atribuye a su interacción con la membrana cargada negativamente de las células cancerosas, al igual que las bacterias y a diferencia de las células normales que son zwitteriónicas. **Objetivo:** Determinar el efecto de péptidos sintéticos antimicrobianos en la viabilidad de líneas celulares de cáncer. **Metodología:** Se diseñaron siete péptidos catiónicos a partir de un péptido helical antimicrobiano, cambiando su secuencia, buscando mejorar la helicidad del original, usando el programa AGADIR, los cuales fueron probados mediante dinámica molecular. Estos fueron sintetizados, purificados por HPLC y caracterizados por masas y dicromismo circular. Se realizaron varios ensayos biológicos entre ellos la hemólisis, el efecto en la viabilidad por ensayo de MTT de células normales, y contra líneas celulares tumorales de diferente origen (Cáncer de pulmón, de seno, de cuello uterino y melanoma de piel), y mediante estudios moleculares la activación de genes involucrados en supervivencia, proliferación y apoptosis. **Resultados y discusión:** Los péptidos sintetizados y purificados forman una hélice anfipática, como se demostró por computacionalmente por dinámica molecular y experimentalmente por dicromismo circular. Aun así, solo seis de estos siete péptidos muestran una hélice estable, y el restante el cual fue modificado para que pierda la hélice rápidamente, se usa como control. En los ensayos biológicos especialmente dos de estos péptidos han mostrado que son capaces de inhibir específicamente el crecimiento de líneas celulares tumorales con un IC₅₀ alrededor de 10 μ M, y que a estas concentraciones no causan hemólisis ni inducen apoptosis de líneas celulares normales (fibroblastos humanos).



Las células de melanoma SK-MEL-23 se incubaron con los péptidos a concentraciones entre 0-70 μ M

por 24h.

C2B20078

Evaluación del efecto de *scaffold* de fibrina y suplementos séricos, sobre la proliferación de células madre mesenquimales (MSC) y diferenciación a osteoblastos *in vitro*

Isabel Cristina Cataño^{1,3*}, Neil Vásquez^{1,3}, Sandra Alfonso², Laura Mira^{1,3}

¹Grupo de investigación Biotecnología Animal, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

²Grupo de investigación Crecimiento y Desarrollo Cráneo Facial, Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá.

³Semillero de investigación Biotecnología del cáncer, Medicina regenerativa e Inmunología BICARI, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

*Ponente: icatano@unal.edu.co

La medicina regenerativa ha ganado prominencia en el campo de la regeneración de tejidos cráneo-faciales, y el uso de *scaffolds* de diferentes materiales como colágeno, gelatina, quitosan, ácido láctico (PLA), ácido glicólico (PLGA), Policaprolactona (PCL), alginato, fibrina, entre otros, se ha convertido en una estrategia prometedora. La fibrina es un *scaffold* autólogo que cuenta con los requerimientos específicos para ser un biomaterial de regeneración craneomaxilofacial: es biocompatible, osteoconductor, osteoinductor, con potencial biológico que puede optimizar el tiempo de cicatrización ósea. En este estudio se evaluó *in vitro* un *scaffold* de fibrina usando como suplemento sérico suero fetal bovino (FBS) y plasma rico en factores de crecimiento (PRGF) humano con el fin de proponer una estrategia libre de suero, sobre la proliferación de células madre mesenquimales de cordón umbilical humano (hUCMSC) y su potencial de diferenciación a osteoblasto. El *scaffold* se obtuvo mediante la polimerización de plasma autólogo (APRF) de tres donantes sanos hombres menores de 35 años. El suplemento de PRGF se obtuvo a partir de un pool de plasma rico en plaquetas de estos tres donantes, realizando lisis plaquetaria mediante choques térmicos. Se evaluó la capacidad proliferativa de las hUCMSC para cada paciente usando FBS, PRGF y el *scaffold* mediante la técnica de MTT a las 24, 48 y 72 horas. La diferenciación de las hUCMSC a células osteoprogenitoras se indujo durante 21 días y se evaluó mediante la tinción de Von Kossa. Las hUCMSC mostraron capacidad para adherirse al *scaffold* y proliferar en el *scaffold* autólogo de cada paciente sin diferencias significativas entre ellos a 24 y 72 horas de cultivo, sin embargo, sí se observó diferencia significativa a las 48 horas de cultivo. Luego de 21 días de inducción a osteodiferenciación se observó la capacidad de las hUCMSC de formar depósitos de calcio mediante la tinción de Von Kossa. Se concluye que el *scaffold* (APRF) propuesto, los suplementos PRGF o SFB permiten la proliferación de las hUCMSC sin afectar el potencial de diferenciación a células osteoprogenitoras.

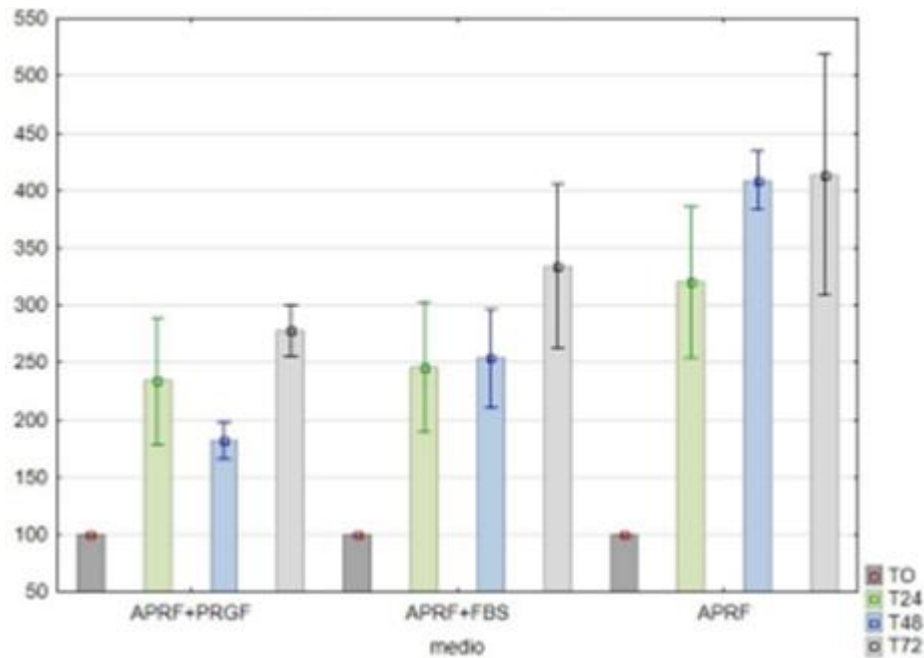


Figura 1. Cinética de proliferación de células madre mesenquimales de cordón umbilical humano (hUCMSC) en el *scaffold* (APRF) sin suplemento o con suplementos (FBS y PRGF) a 24, 48 y 72 horas de cultivo. La proliferación fue normalizada con respecto a la cantidad sembrada inicialmente (T0) como porcentaje de células vivas.

C2B20090

Péptidos helicales derivados de la proteína ACE2 inhiben la invasión de pseudovirus de SARS Cov-2 a las células humanas

Silvia Jiménez Camacho^{1,2*}, Sara Catalina Nieto^{1,2}, Laura Fernanda Fernández Fonseca¹, Mauricio Urquiza^{1,2}, Fanny Guzmán³

¹Grupo de Investigación en Hormonas, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ²Semillero de investigación en Bioquímica, Biofísica y Biología Celular BBBC, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ³Pontificia Universidad Católica de Valparaíso

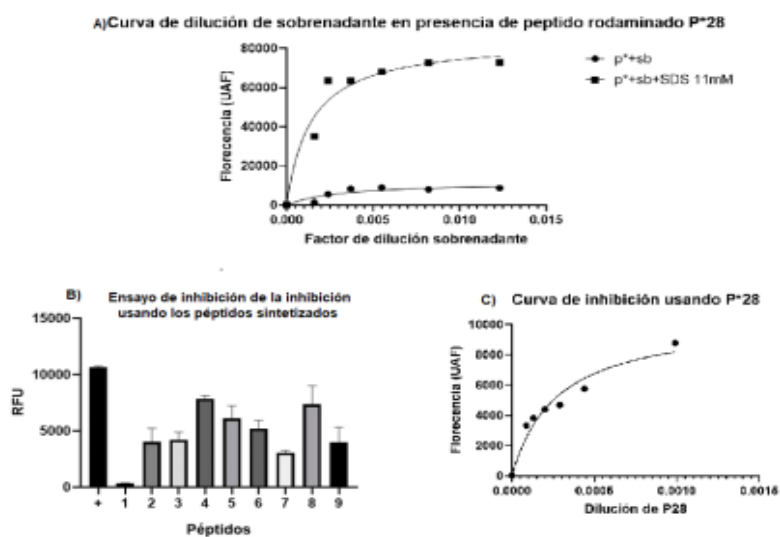
*Ponente: snjimenezc@unal.edu.co

Como se mostró en trabajos presentados a este congreso se generaron unos péptidos helicales estables cuya estructura es basada en la región de contacto de la proteína ACE2 de la célula humana, en la cual ocurre el proceso de infección del virus SARS-Cov-2 mediante la proteína Spike. Aquellos péptidos que presentaron mayor estabilidad mediante métodos computacionales fueron sintetizados químicamente y se realizó la caracterización por espectrometría de masas, HPLC y dicroísmo en la que se encontró que presentan una estructura alfa helical. Estos fueron marcados en el amino terminal con rodamina con el propósito de realizar ensayos de fluorescencia con nanopartículas pseudovirales del virus SARS-Cov-2 que expresan la proteína verde fluorescente. La interacción entre estas dos fue evaluada a través del fenómeno de “quenching”, en el cual la intensidad de fluorescencia del péptido rodaminado disminuye al encontrarse en presencia de la nanopartícula pseudoviral. Adicionalmente estos péptidos mostraron inhibición de la invasión del pseudovirus a células HEK-293T (ATCC CRL-3216) transfectadas con un plásmido que codifica para la proteína ACE2, así como la determinación de las constantes aparentes de afinidad utilizando el anticuerpo de unión a la proteína ACE2 en la región de contacto. Estos péptidos son muy importantes para el diseño racional de moléculas capaces de inhibir la infección del SARS-Cov-2 a las células humanas, así como para el estudio de anticuerpos monoclonales y policlonales dirigidos a este virus.

Las secuencias de los péptidos sintetizados están en proceso de protección propiedad intelectual, motivo por el cual no son compartidas en este documento.

Tabla 1. Características biofísicas de los péptidos sintetizados basados en la proteína ACE

#Péptido	N° PEPTIDO	N° A.A	P.M	% Helicidad D.C	AGADIR (%)
1	4607	21	2507,94	86,69	1,41
2	4608	22	2607,19	79,49	10,37
3	4627	21	2543,02	80,05	3,08
4	Ac-4628	20	2513,96	84,10	17,64
5	4629	21	2636,03	63,68	2,98
6	Ac-4630	21	2543,07	80,40	23,07
7	4631	21	2619,17	84,35	21,45
8	4633	21	2661,20	77,47	21,40
9	Ac-4634	21	2720,19	77,47	12,63
10	4635	21	2393,77	49,33	0,26



Modulación de factores de virulencia y el biofilm de *Staphylococcus aureus* por proteínas con dominio *com_YlbF* (Qrp, YlbF, YmcA)

Zayda Lorena Corredor-Rozo^{1*}, Ricaurte Alejandro Marquez-Ortiz¹, Deisy Abril-Riaño¹,
Natasha Vanegas-Gomez^{1,2}, Javier Escobar-Perez¹

¹Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá D.C., Colombia. ²The i3 institute, Faculty of Science University of Technology, Sydney 2007, Australia.

*Ponente: zcorredor@unbosque.edu.co

Staphylococcus aureus es una de las bacterias, capaz de formar biopelículas, en condiciones ácidas produciendo un agregado celular por proteínas de adhesión, o por estrés osmótico por el operón *icaABDC* para el polisacárido de adhesión intracelular (PIA/PNAG). En *Bacillus subtilis*, se ha reportado que las proteínas YlbF y YmcA (con dominio *com_YlbF*) inhiben la esporulación, la competencia y la formación de biopelículas al afectar la actividad de la ribonucleasa RNasa Y. Este estudio determinó la participación de las proteínas Qrp/YheA, YmcA, YlbF en la modulación de la formación de biofilm y virulencia en *Staphylococcus aureus*. Para ello se evaluó el impacto de la delección de los genes *qrp/yheA*, *ymcA* y *ylbF* en la formación de biopelículas en condiciones ácidas o estrés osmótico, producción de PIA/PNAG por inmunodetección y la capacidad hemolítica en células sanguíneas de cordero. Además, se realizó un análisis comparativo global transcripcional (RNAseq), una evaluación del cambio en la activación de promotores asociados a factores de virulencia y el efecto virulento de los genes *qrp/yheA*, *ymcA* y *ylbF* en *Galleria mellonella*. La delección de estos genes en *S. aureus* produjo una disminución en la formación de biopelículas en condiciones ácidas; una disminución de su capacidad hemolítica y una ligera disminución en la producción de PIA/PNAG. El análisis transcripcional global indicó una desregulación de varios genes asociados a la patogenia de la cepa triple mutante, destacando la disminución de la expresión del gen *agrA* (quorum sensing system), de las hemolisinas delta, alfa y gamma, *sdrC*, *eap/map* (proteínas de adhesión) y los genes que codifican para serin-proteasas y proteínas de polisacárido capsular. También se observó una disminución en la activación del promotor de gamma hemolisina, así como una atenuación de la virulencia en el modelo de *Galleria mellonella*, manteniendo la supervivencia de las larvas en un 80% y su estado de salud. Se identificó esta nueva familia de proteínas con el dominio *com_YlbF*, no esenciales para la supervivencia de la bacteria, pero involucradas en la regulación de genes relacionados con la formación de biopelículas y virulencia en *S. aureus* posiblemente asociado a la afectación de la actividad de RNasa Y.



Posters

Agricultura y Vegetal

C2B20116

Aproximándonos a la validación de genes candidatos de resistencia a la bacteriosis vascular de la yuca

Johana Carolina Soto-Sedano¹, Camilo Ernesto López¹, Emili Ishikawa García^{1*}

¹Manihot Biotec, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Ponente: eishikawag@unal.edu.co

La yuca (*Manihot esculenta* Crantz) es la cuarta fuente de carbohidratos a nivel mundial y se considera un cultivo esencial para la seguridad alimentaria en países del trópico. Su producción se ve afectada por diversas enfermedades, de las cuales la bacteriosis vascular de la yuca (CBB por *Cassava Bacterial Blight*) es una de las más limitantes. El uso de materiales vegetales resistentes se considera la estrategia más útil frente a la CBB. Sin embargo, las bases genéticas de dicha resistencia no son del todo conocidas y de los 150 genes candidatos relacionados con este rasgo, sólo dos han sido plenamente validados. De acuerdo con esto, nuestro enfoque de trabajo consistió en la identificación de variantes alélicas en los genes candidatos *Manes.08G041100* y *Manes.13G039400*, que codifican para proteínas defensina y subtilisina, respectivamente y fueron obtenidos a través de mapeo de loci de rasgos cuantitativos (QTL). Además, se evaluó la expresión génica de estos genes en materiales con respuestas contrastantes frente a la inoculación por *Xanthomonas phaseoli* pv. *manihotis* (Xpm), agente causal de la CBB. La fenotipificación bajo condiciones *in vitro* permitió describir la respuesta a la infección por Xpm cepa 681 en 10 cultivares de yuca de diferentes orígenes. Se identificaron seis SNPs en las secuencias de los genes candidatos, los cuales no estuvieron asociados con la respuesta a la infección de los cultivares. No obstante, se demostró que la expresión génica de los genes candidatos, a las 50 horas post inoculación, es significativamente mayor en el cultivar con menor progresión de síntomas asociados a la enfermedad. En conjunto, nuestros resultados contribuyen al entendimiento de las bases moleculares de la interacción *Xanthomonas*-yuca y nos aproxima a la validación de genes candidatos de resistencia a CBB.

C2B20132

Avances en el desarrollo de un esquema diagnóstico para determinar especies del género *Fusarium* asociadas al cultivo del arroz en Colombia

Tatiana Andrea Torres Galvis^{1*}, Carolina Isabel Cuellar Cuestas², Olga Lucia Higuera²,
Ibbonne Aydeé García Romero¹

¹Grupo de Bioprocesos y Bioprospección, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

²Grupo de Investigación en arroz, FEDEARROZ - Fondo Nacional del Arroz (FNA), Bogotá, Colombia

*Ponente: ttorresg@unal.edu.co

El arroz es relevante mundial y nacionalmente por ser uno de los cereales más consumidos, proporcionando seguridad alimentaria. Entre las enfermedades fúngicas que presenta esta gramínea se hallan las causadas por las especies de *Fusarium*, que generan síntomas como marchitamiento, pudriciones en la raíz, manchado, deformación del grano y vaneamiento. En los últimos años en Colombia se ha incrementado la recuperación de aislamientos de *Fusarium* spp. a partir de lesiones de plantas de arroz colectadas en plantaciones comerciales; sin embargo, se desconoce si éstos son causantes primarios de enfermedades que aún no se han reportado en el país. En este trabajo se pretende establecer un esquema diagnóstico para *Fusarium* spp. hasta el nivel de especie, que posibilite diseñar pruebas de patogenicidad específicas en plantas de arroz. Se estudió una colección de 54 aislamientos de *Fusarium* spp. obtenidos de plantas que presentaron diferentes lesiones en cultivos comerciales de arroz colombianos, durante el periodo 2014 - 2022. Se realizó la identificación morfológica mediante el análisis macro y microscópico de cultivos puros crecidos en PDA. Los aislamientos se identificaron hasta especie a través de análisis de secuencia de los genes TEF-1 α e Histona 3, adicionalmente se evaluó la variabilidad genotípica con RFLP-IGS (enzimas *Ava* I, *Alu* I y *Rsa* I); finalmente se estableció la presencia de los genes *Fum1* y *Fum21*. Según la morfología, se encontraron 5 grupos. El análisis de secuencia evidenció que el 81% de los aislados correspondieron a las especies *F. proliferatum* y *F. verticillioides*, los cuales se reportan asociados a enfermedades en arroz como Bakanae y Pudrición de la vaina. Asimismo, el análisis de variabilidad genética mostró que el grupo de *F. verticillioides* presentó mayor polimorfismo frente a *F. proliferatum*. En las dos especies se detectaron los genes *Fum1* y *Fum21*, asociados a la producción de las micotoxinas del tipo fumonisinas, las cuales podrían influir en la inocuidad del grano. Estos resultados permitirán definir una ruta para la ejecución de los postulados de Koch según la especie identificada, un protocolo de diagnóstico integral de *Fusarium* en el país y la toma de decisiones relacionadas al manejo fitosanitario del cultivo.

C2B20150

Efecto de la aplicación foliar de tiamina en algunos parámetros fisiológicos y moleculares asociados con la inducción de resistencia al marchitamiento vascular del clavel (*Dianthus caryophyllus* L)

Jose Miguel Esquivel^{1*}, Luz Marina Melgarejo², Harold D Ardila¹

¹Grupo de investigación Actividades Metabólicas Vegetales, Departamento de Química – Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

²Grupo de investigación Fisiología del estrés y biodiversidad en plantas y microorganismos, Departamento de Biología – Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

* Ponente: jesquivelp@unal.edu.co

La constante búsqueda de alternativas para el manejo de enfermedades y plagas en cultivos de importancia económica ha dirigido la atención de las investigaciones hacia enfoques más amigables con el medio ambiente. Esto implica un cambio en los enfoques convencionales que emplean sustancias químicas que son tóxicas tanto para el medio ambiente como para los agricultores. En este contexto, se han buscado opciones de bajo impacto ambiental y fácil disponibilidad para el control del marchitamiento vascular causado por el patógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *dianthi* en el clavel (*Dianthus caryophyllus*). En el presente estudio se determinó el efecto que presenta la aspersión foliar de un inductor de resistencia como la tiamina, sobre la fluorescencia de la clorofila a y la conductancia estomática, junto con índices de incidencia y severidad, en la variedad Myzuki que ha sido reportada como una variedad de bajos niveles de resistencia al patógeno. Se encontró que este tratamiento aumentó la capacidad de respuesta al patógeno y generó disminución de la progresión de la enfermedad durante al menos 8 semanas, así como una respuesta diferencial de los diferentes parámetros fisiológicos evaluados. El análisis de expresión de genes usando qRT-PCR, permitió determinar que este tratamiento genera la modulación de genes relacionados con el fenómeno de resistencia sistémica adquirida o SAR, como son los codificantes para proteínas de dominio 14-3-3, quinasas de la familia Snf1 y el receptor de péptidos NPR1.

C2B20153

Caracterización bioquímica de la savia de diferentes cultivares de palma de aceite: Una perspectiva fitosanitaria

Jenny Liset Rodríguez^{1*}, Álvaro Rincón², Iván Ayala-Díaz¹, Nolver Arias², Hernán Mauricio Romero^{1,3}

¹Programa de Biología y mejoramiento, Centro de Investigación en Palma de Aceite CENIPALMA

²Programa de Agronomía, Corporación centro de investigación en palma de aceite ³Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

*Ponente: jlrodriguez@cenipalma.org

Uno de los problemas fitosanitarios que afectan el cultivo de la palma de aceite en Colombia es la Pestalotiopsis. En Colombia, la severidad de la enfermedad, causada principalmente por el hongo *Pestalotia palmarum* (Cooke), está asociada con la presencia del insecto *Leptopharsa gibbicularina* (Homoptera:Tingidae), que ocasiona lesiones en las hojas al alimentarse de la savia de palma de aceite. Para el control de este insecto se han investigado diferentes estrategias de manejo. Cenipalma ha llevado a cabo investigaciones enfocadas en entender la relación entre el hábito alimenticio del insecto con la incidencia y severidad de la enfermedad. Teniendo en cuenta que *Leptopharsa gibbicularina* se alimenta de la savia de la hoja, se quiso caracterizar bioquímicamente este fluido extraído de hojas de diferentes genotipos de palma de aceite *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera* e híbridos OxG. Para ello, se planteó como objetivo analizar el contenido de azúcares y antioxidantes, como polifenoles y flavonoides, presente en las muestras de savia. Como resultados se encontró que los genotipos de *E. guineensis* (cultivares Delí x Avros, Delí x Yangambi, Delí x La Mé y Delí x Nigeria) presentaron contenidos de azúcares más altos siendo mayoritarios en Delí x Avros, mientras que los genotipos de *E. oleifera* e híbrido OxG mostraron una menor concentración con valores similares entre ellos. En cuanto a la presencia de polifenoles se observaron concentraciones altas en los cultivares de *E. guineensis* en especial en Delí x La Mé, seguido de los híbridos OxG, mayormente en Coari x La Mé y finalmente los cultivares de *E. oleifera* presentaron contenidos bajos. Estos comportamientos son comparables con la susceptibilidad y tolerancia observada en campo puesto que los cultivares Deli x La Mé y Coari x La Mé son los más susceptibles. Estos resultados obtenidos son un punto de partida para entender y diseñar estrategias de manejo fitosanitario más eficaces y sostenibles.

C2B20154

Tecnología NIR en la predicción del contenido de fitoquímicos presentes en el aceite de palma *Elaeis guineensis* Jacq

Jenny Liset Rodríguez^{1*}, Iván Ayala-Díaz¹, Andrés Tupaz¹, Arley Caicedo¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹Programa de Biología y Mejoramiento, Corporación Centro de Investigación en Palma de aceite - CENIPALMA

²Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá

*Ponente: jlrodriguez@cenipalma.org

El aceite de palma es un aceite versátil con usos en la industria de alimentos, cosméticos, productos de limpieza, alimentación animal, nutracéuticos, entre otros. La espectroscopia de infrarrojo cercano (NIR) se presenta como una tecnología rápida, de bajo costo, confiable y amigable con el medio ambiente para la evaluación de parámetros de calidad y cantidad de aceite, en un sinnúmero de escenarios, como, por ejemplo, la nutrición diferencial, el punto óptimo de cosecha o en el mejoramiento genético como una herramienta de fenotipaje de alta eficiencia para la caracterización de progenies y recursos genéticos de la palma de aceite.

En el presente trabajo se generaron modelos de predicción de variables de calidad del aceite crudo de palma (CPO) como el contenido de ácidos grasos libres (%AGL), los ácidos grasos mayoritarios como el C16:0, C18:1 y C18:2, provitamina A como B-caroteno y el contenido total de vitamina E. Para ello, se extrajo aceite de frutos de palma de diferentes cultivares de *E. guineensis*, previamente esterilizados para inactivar la actividad lipásica responsable de generar acidez en el aceite. Los aceites obtenidos se analizaron por un equipo NIR, marca Büchi, y paralelamente fueron medidos los valores de referencia de las variables a predecir mediante técnicas volumétricas y cromatográficas (como GC y HPLC).

Los modelos de predicción construidos presentaron coeficientes de determinación con valores superiores a 0,9 para el caso de los ácidos grasos y valores superiores a 0,7 para variables como %AGL y B-caroteno. Para el contenido de vitamina E los modelos mostraron baja capacidad predictiva debido a que el coeficiente de determinación fue inferior a 0,6, debido posiblemente a que estos fitoquímicos son considerados compuestos lábiles y adicionalmente pueden presentar variabilidad en las muestras analizadas, incluso la sensibilidad del método de referencia influye en el desempeño del modelo. En general, en este estudio se demuestra que la tecnología NIR presenta un gran potencial como herramienta para agilizar procesos de investigación y mejoramiento genético de genotipos de la palma de aceite *E. guineensis*.

Biología sintética

C2B20052

Identificación y evaluación *in silico* de péptidos derivados de especies de la biodiversidad colombiana con potencial antimicrobiano y antiviral

Andrea Mesa Gómez^{1*}, Sergio Orduz Peralta¹

¹Grupo de Biología Funcional, Escuela de Biociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Medellín, Colombia.

*Ponente: anmesago@unal.edu.co

La resistencia a los antibióticos y la poca eficiencia de los antivirales es un problema actual para la salud pública mundial que crece a gran escala. El SARS-CoV-2, agente etiológico de la COVID-19, ha provocado 6.9 millones de muertes según la Organización Mundial de la Salud. Aunque en la actualidad existen vacunas que han disminuido la gravedad de la enfermedad, la aparición de nuevas variantes clasificadas de interés como linajes de Omicron, lo mantienen como prioridad de estudio. Por lo que se ha explorado el uso de péptidos antimicrobianos (AMPs) con potencial antiviral como una alternativa. Los AMPs son compuestos policatiónicos cortos, lo que les permite tener mejor área de contacto con la proteína blanco del virus; además tienen alta especificidad, selectividad, afinidad y baja probabilidad de generar resistencia. Por otro lado, se estima que Colombia tiene alrededor de 56.724 especies diferentes, haciéndolas una fuente de péptidos con actividad biológica. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue buscar péptidos antivirales en proteomas de especies de la biodiversidad colombiana, para determinar su afinidad por la proteína S del SARS-CoV-2 mediante acoplamiento molecular. Se buscaron péptidos con propiedades características de los AMPs en 35 proteomas utilizando PepMultiFinder 2.0, identificando 29'124.627 péptidos, que se filtraron con predictores de actividad biológica (AMPClass, CAMP-R3, AmpScanner, AVPpred y DBAAPS), seleccionando los péptidos con predicciones mayores al 95% de ser antivirales; por último, se realizó un análisis de acoplamiento molecular con la proteína S del SARS-CoV-2 (PDB: 7TF8) con las herramientas CASB dock, pepATTRACT 2.0 y HPEPDOCK, obteniendo puntajes de acoplamiento favorables en la mayoría de los péptidos, lo que indica que se tienen predicciones con alta precisión y distancias favorables para la interacción farmacófora. Se obtuvo un listado de 10 péptidos con potencial antiviral contra la proteína S de SARS-CoV-2. Este trabajo permitió establecer una metodología de identificación de péptidos con alto potencial antiviral, para en posteriores estudios llevar a cabo la validación *in vitro*.

Biotecnología y microorganismos

C2B20009

Inmovilización de la enzima serratiopeptidasa en nanopartículas de óxido de titanio

Santiago Vásquez-Giraldo¹, Jhon Jairo Melchor-Moncada¹, Augusto Zuluaga-Vélez¹, Lina M Orozco², Enrique Aguilar¹, Luz Angela Veloza², Juan Carlos Sepúlveda-Arias^{1*}

¹ Grupo infección e inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia.

² Grupo Polifenoles, Facultad de Tecnologías, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia.

*Ponente: jcsepulv@utp.edu.co

Introducción: La serratiopeptidasa es una enzima proteolítica producida por la bacteria *Serratia marcescens* que presenta propiedades anti-inflamatorias, antimicrobianas y fibrinolíticas. Este tipo de enzimas es susceptible a la auto-proteólisis y puede presentar variaciones en su actividad en función del pH. Por lo tanto, se ha propuesto la inmovilización como una estrategia para aumentar la estabilidad enzimática. **Objetivo:** Producir materiales nanocompuestos basados en óxido de titanio y serratiopeptidasa con actividad proteolítica y antibacteriana. **Metodología:** Para obtener la enzima serratiopeptidasa, se llevó a cabo una fermentación a partir de un aislado C8 de *Serratia marcescens* obtenido de un híbrido de gusano de seda colombiano Píamo II (*Bombyx mori*). Posteriormente, se purificó por cromatografía de intercambio aniónico débil y por exclusión molecular usando un sistema FPLC. Las nanopartículas de óxido de titanio comerciales fueron carboxiladas con ácido cloroacético en autoclave y utilizadas para la inmovilización de serratiopeptidasa mediante estrategia EDC/NHS en diferentes unidades de pH. Finalmente, fue evaluada la estabilidad, la actividad proteolítica y antibacteriana de los materiales nanocompuestos, empleando como control la enzima serratiopeptidasa libre. **Resultados:** Se evidenció que los valores de pH cercanos al punto isoeléctrico mejoraron la concentración de proteína y la actividad proteolítica de la enzima inmovilizada en nanopartículas de óxido de titanio. Además, se ha identificado la presencia de proteínas en los materiales a través de la banda amida I detectada en el espectro FT-IR. También, se determinó una actividad proteolítica de 800-1100 U/mL mediante el ensayo de azocaseína. Se observó una mayor estabilidad de la enzima inmovilizada con respecto a la libre a 4°C, 25°C y 37°C. Finalmente, no se presentaron diferencias significativas en el crecimiento de *E. coli* cuando se emplearon los materiales nanocompuestos y la enzima libre. **Discusión:** A partir de los análisis realizados, se demostró la inmovilización estable de la serratiopeptidasa sobre nanopartículas de óxido de titanio, por lo que se pudo obtener un material promisorio para aplicaciones biomédicas y biotecnológicas.

Biosensor electroquímico para la medición de IL-5 en suero, una aproximación al diagnóstico de los síndromes hipereosinofílico y Churg-Strauss

David José Pérez^{1,2}, Edwin Bairon Patiño G^{1*}

¹Grupo de Bioquímica Estructural de Macromoléculas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

²Grupo de Nano ingeniería Tandem Max Planck, Complejo Ruta N, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

*Ponente: edwin.patino@udea.edu.co

Introducción: La eosinofilia es la condición en la cual hay una cantidad anormalmente alta de eosinófilos. El síndrome hipereosinofílico (SHE) y el síndrome de Churg-Strauss (SCS), se caracterizan por ser patologías multisistémicas, por presentar un gran número de eosinófilos y elevados niveles de IL-5. La IL-5 es el factor principal de activación de los eosinófilos y su activación es por la interacción específica de la IL-5 con la cadena alfa del receptor en superficie (IL-5R α). Los dispositivos basados en biosensores se han ido introduciendo en el área de diagnóstico clínico como alternativas a la instrumentación estándar de laboratorio. **Objetivo:** desarrollar un biosensor sensible y robusto para la detección de IL-5 en suero de forma fácil, económica y cerca del paciente. **Metodología:** se modificó el cDNA del hIL-5R α con una cola de histidina por mutagénesis sitio dirigida. Luego, se produjo y purificó de forma recombinante la hIL-5 y el hIL5-R α en nuestro laboratorio. Por medio de la metodología del poliol, se sintetizaron nanopartículas de Ni que se electrodepositaron en un electrodo serigrafiado comercial. Luego, el hIL-5R α purificado con la cola de His, se ancló en la superficie del electrodo serigrafiado con las nanopartículas. Los cambios electroquímicos generados en la superficie electródica por interacción del IL-5R α con la IL-5 se utilizaron para cuantificar la concentración de IL-5 de forma directa o mediante un ensayo competitivo con IL-5 marcada con HRP. **Resultados:** Los resultados de secuenciamiento mostraron que las 6 His fueron fijadas en la región del carboxiterminal del hIL-5R α . El hIL-5R α /His expresado en la cepa *E. coli* BL21 se purificó por columnas de afinidad tales como CNBr/hIL-5 o columna de Ni. En paralelo se hizo electrodeposición de níquel metálico en el electrodo serigrafiado a través de técnicas galvanostáticas, seguido de la oxidación por voltametría cíclica en PB 10X. Posteriormente, se inmovilizó el hIL-5R α por medio de la interacción de la cola de His y el níquel electrodepositado. Los cambios en la impedancia demostraron la interacción del IL-5R α y la IL-5 en el biosensor. **Discusión:** Los resultados de espectroscopía de impedancia electroquímica sugieren la detección de la IL-5 por el biosensor.

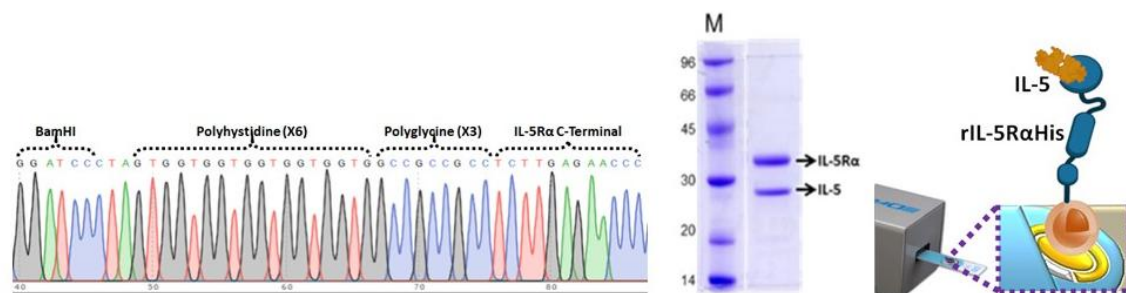


Figura 1. Representación de los procedimientos para la construcción del Biosensor electroquímico. Secuenciación para introducir las 6 histidinas (Izq), SDS-PAGE de la purificación de la rhIL-5 y el rhIL-5Rα (centro), diagrama de cómo está siendo ensamblado en biosensor (Der).

Desarrollo y evaluación *in vitro* de un prototipo de *scaffold* de matriz polimérica con adición de partículas magnéticas, funcionalizado con proteínas morfogenéticas BMP-2 producido por manufactura aditiva para regeneración ósea

Maricela Zuluaga¹, Angela Victoria Gaita², Claudia Patricia Ossa², Yeison Alejandro Orozco³, Claudia P García³, Edwin Bairon Patiño G^{1*}

¹Grupo de Bioquímica Estructural de Macromoléculas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ²Grupo de Investigación en Biomateriales, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ³Grupo Materiales Cerámicos y Vítreos, Facultad Ciencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, Medellín, Colombia.

*Ponente: edwin.patino@udea.edu.co

Introducción: La pérdida de tejido óseo por accidentes, osteoporosis y/o enfermedades dentales genera incapacidad en las personas que no solo impacta la calidad de vida, si no que genera un aislamiento en la familia y la comunidad. La proteína BMP-2 regula la remodelación del nuevo tejido óseo, formación de cartílago y formación y vascularización del hueso. La aplicación de BMP-2 exógena induce una regeneración de tejido óseo más rápido. Una aplicación potencial en ingeniería de tejido óseo es utilizar scaffolds con partículas magnéticas conjugadas con BMP-2. **Objetivo:** Desarrollar scaffolds de resina fotopolimerizable con propiedades magnéticas funcionalizados con BMP-2, con aplicación en ingeniería de tejido óseo. **Metodología:** Las partículas magnéticas se obtuvieron de magnetita a partir de subproductos de minería aluvial o por síntesis química. Para la proteína BMP-2 recombinante se utilizó el plásmido pET-28/BMP-2 y la cepa de *E. coli* BL21. Luego de la inducción con IPTG, la proteína se renaturalizó, y luego se purificó por columna de Heparina. Los scaffolds 3D se fabricaron por estereolitografía utilizando una resina líquida y diferentes concentraciones de las partículas magnéticas de las dos fuentes. La funcionalización de los scaffolds con la proteína BMP-2 se realizó por uniones físicas que se presentan al añadir la solución de BMP2 sobre la superficie del scaffolds. **Resultados:** Después de la renaturalización, la formación de un dímero de 26 kDa visualizado en un SDS-PAGE, y la producción de fosfatasa alcalina (ALP) en células C2C12 inducidas con el dímero, demostrando que BMP-2 está activa. Los scaffolds se sintetizaron sin y con 1% de partículas magnéticas (Figura 1). En el ensayo de estabilidad los scaffolds conservaron su forma y no se observó pérdida de masa. Los scaffolds fueron conjugados con la BMP-2 a 500 ng/mL. **Discusión:** La BMP-2 presentó su forma activa. La funcionalidad de BMP-2 se comprobó cuantificando la actividad de la fosfatasa alcalina en C2C12. Los scaffold con 1 % de partículas magnéticas son resistentes a degradación. La medición de las concentraciones de BMP-2 inicial y final, muestra que la proteína se está adhiriendo al scaffold. La proliferación y la mineralización celular con scaffolds funcionalizados serán abordados próximamente.

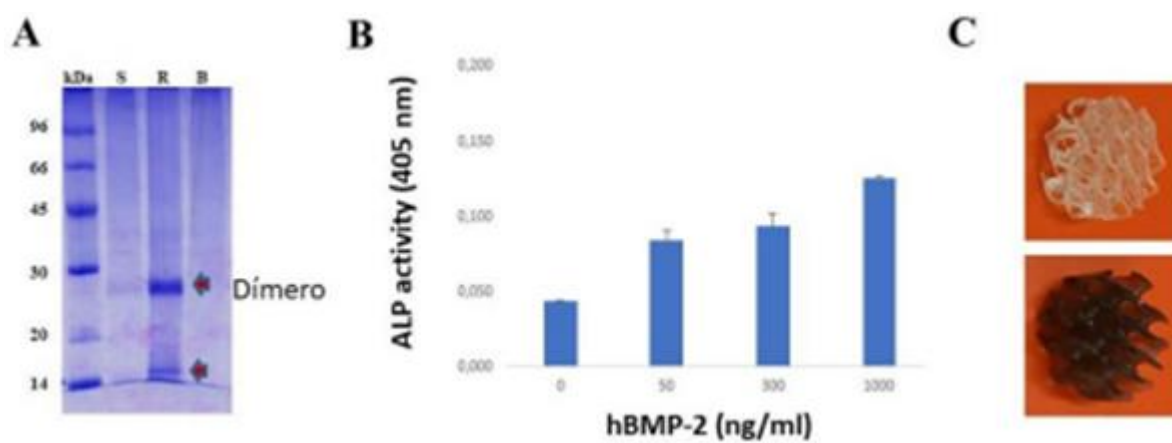


Figura 1. Aplicación en ingeniería de tejido óseo. A: purificación de rhBMP-2; B: actividad de rhBMP 2 en células C2C12; C: síntesis de scaffolds con o sin 1% de partículas magnéticas.

Producción de N₂O por bacterias desnitrificantes aisladas del humedal Santa María del Lago

Maribeb Castro González^{1*}, Verónica Molina Trincado²

¹Grupo de Investigación HIDROBIA, Universidad Militar Nueva Granada, Cajicá, Colombia,

²Laboratorio Observatorio de Ecología Microbiana-HUB Ambiental UPLA, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile

*Ponente: maribeb.castro@unimilitar.edu.co

El humedal Santa María del lago hace parte del complejo de ecosistemas urbanos con categoría de protección RAMSAR y se caracteriza por su biodiversidad, estado de conservación, variabilidad espacio temporal en su estado trófico, concentración de nutrientes y metales pesados, producción de N₂O a través de procesos de nitrificación y desnitrificación y diversidad de la comunidad bacteriana presente en los sedimentos. Con base en dichos estudios el objetivo de esta investigación fue aislar morfotipos desnitrificantes por técnicas de cultivo tradicional para analizar el potencial de producción de N₂O en experimentos de cultivo individual en caldo nitrato y posterior cuantificación del gas por cromatografía de gases con detector de captura de electrones y además determinar la presencia de los genes de reductasa de óxido nitroso (*nosZ*) y reductasa de nitrito (*nirS*) con protocolos de PCR estandarizados para dichos genes funcionales.

Los resultados mostraron que la mayoría de los morfotipos desnitrificantes fueron bacilos gram positivos, con capacidad de reducción de nitratos. Se determinó que los 5 morfotipos produjeron N₂O a tasas de entre 3,3 -1836 nM/hora y que dicha producción no estaba asociada con la presencia de genes capaces de realizar la reducción de N₂O a N₂. En tres de los morfotipos (M43JC, M41JC y M51JC) se detectaron los genes *nosZ* y *nirS* y en los dos morfotipos restantes (M63JC y M61JC) solo se detectó el gen *nirS*.

En conclusión, se observó que las bacterias desnitrificantes aisladas de sedimentos del HSML tienen un alto potencial de generación de este gas de efecto invernadero, aunque posean los genes para evitar dicha emisión. Por lo cual se requiere ampliar estos estudios para determinar cuáles son las variables ambientales que regulan dicho proceso para establecer medidas de mitigación ante los efectos negativos del cambio climático sobre estas áreas. Producto derivado del proyecto CIAS 3752 financiado por la Vicerrectoría de investigaciones de la Universidad Militar Nueva Granada Vigencia 2022.

C2B20038

Determinación de la actividad lipolítica en cepas de *Bacillus cereus* previamente aisladas de alimentos

Valentina Castro^{1*}, Mariana Arango¹, Laura Castañeda-Sandoval¹, Jennifer Sánchez ¹

¹Grupo de Microbiología molecular. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia UdeA, Calle 70 No. 52-21, Medellín, Colombia.

*Ponente: jennifer.sanchez@udea.edu.co

Introducción: *Bacillus cereus* es una bacteria Gram positiva importante a nivel biotecnológico por su capacidad para producir enzimas lipasas, las cuales catalizan la hidrólisis de sustratos de triacilglicerol de cadena larga y pueden ser utilizadas en diferentes industrias. **Objetivos:** Determinar la actividad lipolítica en cepas de *Bacillus cereus* previamente aisladas de alimentos y optimizar un protocolo de PCR para amplificar los genes codificantes de lipasas en *B. cereus*. **Metodología:** Se determinó la actividad lipasa en 300 cepas de *B. cereus* previamente aisladas de alimentos, en medio de cultivo sólido suplementado con tributirina 1 %. Aquellas cepas que presentaron un halo traslúcido alrededor de la colonia fueron clasificadas como positivas para la actividad lipasa y se estableció cuáles de ellas tenían una mayor actividad de acuerdo con la medición del diámetro del halo en milímetros. Posteriormente, se realizó un análisis bioinformático en búsqueda de los genes codificantes para enzimas tipo lipasa en los genomas de las cepas de referencia ATCC 14579 y ATCC 10987 depositados en GenBank y se diseñaron cebadores específicos para su posterior amplificación a través de PCR. **Resultados:** De 300 cepas de *B. cereus* evaluadas en el medio sólido con tributirina 1 %, 245 cepas fueron positivas para la actividad lipasa y 48 tuvieron un halo mayor al evidenciado en la cepa de referencia ATCC 14579 (Halo de 6,25mm). Se identificaron cinco genes codificantes de lipasas en las cepas de referencia y se logró la amplificación de estos, de la siguiente manera: *Lipasa1581* (755 pb), *Lipasa1242* (550 pb), *GDSL-esterasa780* (431 pb), *Lipasa723* (235 pb), *Carboxylesterasa741* (322 pb). **Discusión:** La determinación de la actividad lipasa en las cepas de *B. cereus* demuestra el potencial que tienen dichas cepas para la producción de estas enzimas y alienta a posteriores investigaciones con el fin de caracterizarlas y demostrar su utilidad en la industria. Adicionalmente, contar con una técnica de PCR optimizada para la detección de los genes codificantes de lipasas, permite su posterior utilización en las cepas de *B. cereus* de este estudio y de otras cepas o especies relacionadas que puedan contener estos genes aprovechables para la industria.

Análisis de la variabilidad antigénica en *Plasmodium vivax*: búsqueda de potenciales candidatos a vacuna

Laura Hernández-Zambrano^{1,2 *}, Sindy Buitrago-Puentes^{1,2}, Diego Garzón-Ospina^{1,2}

¹Grupo de investigación en Genética y Biología Molecular (GEBIMOL), Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia

²PGAME - Population Genetics and Molecular Evolution, Fundación Scient, Tunja, Colombia.

*Ponente: laura.hernandez13@uptc.edu.co

Para la generación de vacunas antimalaricas es imprescindible el estudio de la diversidad genética de cada uno de los antígenos. La diversidad nucleotídica (π) es una medida utilizada para evaluar la variabilidad genética en una población, esta no depende del tamaño muestral sino de la frecuencia de los polimorfismos. A medida que los parásitos se van desarrollando, pasan por diferentes etapas en el ciclo de vida, en las cuales se expresan proteínas con diferentes mutaciones y recombinaciones que influyen en la respuesta inmune. El alto nivel de polimorfismo en los antígenos diana restringe las respuestas inmunitarias específicas y disminuye la eficacia de las vacunas de subunidades. En *P. vivax* se ha reportado un genoma altamente polimórfico, incluso con una mayor cantidad de polimorfismos de único nucleótido que en *P. falciparum*. En este trabajo se postularon los antígenos que presentan menor diversidad nucleotídica y por lo tanto podrían ser buenos candidatos para ser incluidos en una futura vacuna antimalaria. Se recolectaron datos de π de 50 antígenos postulados en la literatura en diferentes bases de datos como ScienceDirect, Scopus, Springer, Web of science, PubMed. Se realizó una selección y filtrado de los antígenos según su país de procedencia. Con estos datos filtrados se ejecutó un análisis gráfico de cada antígeno alrededor del mundo y en los países en los cuales se habían estudiado más de cuatro antígenos, con el objetivo de analizar cuales presentaban menor diversidad en el mundo. Encontramos que los genes con menor diversidad π a nivel global fueron *pvspect1*, *pvplp1*, *pvspatr* y *pv12*. En Colombia se evaluaron 21 antígenos de los cuales *msp-10*, *msp-7A*, *pv12*, *msp7L* y *pvrn4* presentaron los menores valores para π . En Brasil 4 antígenos encontrando a *pvCelTos* y *pvCyRPA*. Para Tailandia 8 antígenos postulando a *pvmmsp-3a*, *pvCelTos* y *pv48/45*. Para Papua Nueva Guinea *pvebp*, *pvrpb2b* y *pvCelTos*. Finalmente postulamos los siguientes antígenos candidatos (*pvspect1*, *pvplp1*, *pvspatr* y *pv12*) para incluir en una vacuna con el fin de evitar respuestas inmunes alelo-específicas y destacamos la importancia del estudio de antígenos como *pvCelTos*, en más países para evaluar su diversidad alrededor del mundo.

C2B20054

Seguimiento al proceso de colonización de *Phytophthora palmivora* en genotipos de palma de aceite

María C. Rodríguez Cruz¹, Leonardo Araque¹, Carmenza Montoya^{1*}, Andrés Tupáz¹,
Rodrigo Ávila¹, Iván Ayala¹, Hernán Romero^{1,2}

¹ Área de Biotecnología. Programa de Biología y Mejoramiento. Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite - CENIPALMA. Bogotá, Colombia. ² Departamento de biología, Universidad Nacional de Colombia

*Ponente: cmontoya@cenipalma.org

La Pudrición del Cogollo (PC) es una enfermedad afecta gran parte de los cultivos de palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq) en Colombia, es el limitante fitosanitario de mayor impacto para esta agroindustria y el agente causal es el oomiceto *Phytophthora palmivora*. Con el propósito de establecer una metodología en laboratorio para la identificación temprana de genotipos de palma resistentes o susceptibles a la PC, se escogió la metodología de inoculación *ex situ* para realizar la detección de estructuras y determinar la respuesta de *P. palmivora* en nueve genotipos previamente evaluados en campo por su respuesta a la enfermedad. Haciendo uso de un aislamiento de *P. palmivora* transformado genéticamente con la proteína de fluorescencia verde (GFP) se realizó el seguimiento al proceso de colonización mediante microscopía. Se evaluaron nueve genotipos a los cuales se les inoculó con un aislamiento transformado, sin transformar y un testigo (sin inocular). Se obtuvieron 27 tratamientos (9x3) evaluados en diez repeticiones, con conteos de tres folíolos a las 72 horas post inoculación. Al final se realizaron 270 observaciones. Para cada repetición se utilizaron palmas diferentes para generar variabilidad y confirmar si esta metodología era la adecuada para seleccionar genotipos con posible resistencia. Posterior a las 72 horas de inoculación se realizó la medición del avance de la lesión y la observación microscópica de estructuras viables y no viables. Esta última mediante la observación microscópica de fluorescencia usando tinción con yoduro de propidio y la microscopia en campo claro usando tinción de azul de tripano. Se concluyó que a 72 horas post inoculación, en cuatro genotipos se cuantificó mayor área de fluorescencia que corresponde, al avance de la infección, mientras que en los otros cinco genotipos ocurrió lo contrario. Adicionalmente se observó mayor generación de esporangios y de estructuras en los tejidos de los cinco genotipos con mayor susceptibilidad. En los cuatro genotipos menos susceptibles se observó una disminución en el área de colonización, así como el estancamiento en el crecimiento y producción de estructuras del patógeno. Este trabajo enmarca el desarrollo de metodologías en laboratorio para tamizaje a gran escala de genotipos resistentes/susceptibles a *P. palmivora*.

C2B20055

De hongos y plásticos: Revelando los secretos de la biodegradación de LDPE por cepas nativas de *Fusarium*

Silvia Juliana Corrales-Murillo^{1*}, William Hidalgo¹, Sergio Marchant², Clara Inés Sánchez³,
María Andrea Reyes-Reyes⁴, Genis Andrés Castillo-Villamizar⁴

¹Grupo de Investigación en Compuestos Orgánicos de Interés Medicinal CODEIM, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia. ²Grupo de Investigación en Biotecnología Industrial y Biología Molecular, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia. ³Centro de Estudios e Investigaciones Ambientales (CEIAM), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ⁴Corporación para la investigación de la Corrosión, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: silviacorralesm20@gmail.com

Cada año se producen más de 300 millones de toneladas de plásticos en el mundo, de los cuales solo una pequeña fracción se recicla o se elimina adecuadamente. En Colombia, el 92% de los residuos sólidos acaban en rellenos sanitarios y solo el 1% se recicla o composta. En el departamento de Santander, el relleno sanitario El Carrasco recibe el 75% de los residuos sólidos del departamento, siendo alrededor de 16 toneladas mensuales captadas por Bucaramanga, de las cuales solo el 9% se aprovecha. La acumulación de estos desechos genera efectos negativos en los ecosistemas, afectando la fauna, la flora y la salud humana. Un enfoque prometedor para abordar la contaminación por plásticos es la biodegradación mediante microorganismos. Sin embargo, se sabe relativamente poco sobre los procesos metabólicos que conducen a la biodegradación de plásticos como el polietileno de baja densidad (LPDE), empleado en bolsas plásticas, envases de alimentos y juguetes. La presente investigación tuvo como objetivo la identificación de marcadores metabólicos en la biodegradación de LDPE por hongos nativos del género *Fusarium*, en este caso *F. oxysporum* FOCIC01. Para alcanzar este objetivo, se llevaron a cabo experimentos durante un período de 30 días, utilizando un medio basal de sales junto con controles positivos y negativos. Se emplearon diversas técnicas analíticas para evaluar la degradación, incluyendo microscopía electrónica de barrido (SEM) para observar el biofilm formado en la superficie del LDPE después del contacto con el microorganismo, y espectroscopía infrarroja de transformada de Fourier (FTIR) para analizar los cambios en el material tras el proceso de degradación. Además, se extrajeron metabolitos mediante un método de separación líquido-líquido y se analizó la fase orgánica mediante cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (GC-MS). Asimismo, se aplicó una técnica basada en metabolómica cuyo análisis estadístico de datos por métodos uni y multivariados permitieron identificar marcadores metabólicos asociados con la biodegradación de LDPE por FOCIC01. Como resultado de esta investigación, se lograron identificar compuestos específicos generados durante el proceso de degradación lo que contribuirá al fortalecimiento de la biodegradación de plásticos

Evaluación de efectores de *Phytophthora palmivora* en la interacción con palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq)

María C. Rodríguez Cruz¹, Fernán Santiago Mejía-Alvarado^{1*}, Leonardo Araque¹, David Botero¹, Andrés Tupaz¹, Iván Ayala¹, Carmenza Montoya¹, Hernán Romero^{1,2}

¹ Área de Biotecnología. Programa de Biología y Mejoramiento. Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite - CENIPALMA. Bogotá, Colombia.

² Departamento de biología, Universidad Nacional de Colombia

*Ponente: fmejia@cenipalma.org

Los efectores son moléculas que facilitan el proceso de colonización de un patógeno en la planta y el estudio de estos en numerosos patosistemas se ha llevado a cabo *in vivo* utilizando técnicas de expresión transitoria en el tejido vegetal. Considerando que el agente causal de la Pudrición del Cogollo es el oomiceto *Phytophthora palmivora*, se plantea que la caracterización de sus proteínas efectoras y la inserción artificial de proteínas de virulencia en palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq), permitirá observar las respuestas que indiquen resistencia o susceptibilidad ante *P. palmivora*. Para cumplir con lo anterior, se desarrolló una metodología de expresión transitoria de proteínas de virulencia de *P. palmivora* en hojas de palma de aceite mediante biobalística.

Para los ensayos de transformación se utilizó un cultivar susceptible y uno posiblemente resistente para evaluar 12 efectores de *P. palmivora*. Se procedió con el bombardeo de tres combinaciones: i) Efector de interés vs EV (vector vacío), ii) BAX (inductor de muerte celular programada) vs EV y iii) Efector + BAX vs Ev + BAX. Para la evaluación de 12 efectores, se realizaron 15 réplicas para cada combinación de co-bombardeo por efector, correspondientes en total a 405 disparos para cada cultivar. Al finalizar la transformación por biobalística se realizó la tinción con buffer GUS para visualizar el precipitado de color azul que indica el éxito de la transformación genética con el plásmido de interés. Los resultados principales indican que el cultivar posiblemente resistente mostró resistencia a nueve efectores, mientras que el cultivar susceptible mostró resistencia a seis efectores. Se evidenció que cinco efectores encienden la defensa de la planta en ambos cultivares, por el contrario, dos efectores lograron suprimir la defensa de la planta en ambos cultivares. Por otro lado, algunos efectores suprimen la defensa solo en el cultivar susceptible pero no en el resistente, y solo un efector la suprime en el cultivar posiblemente resistente pero no en el susceptible. Con estos resultados se espera generar un catálogo de al menos 30 efectores para caracterizar de forma temprana cultivares de palma de aceite frente a su respuesta a *P. palmivora*.

C2B20073

Identificación fenotípica y molecular de bacterias ácido-lácticas aisladas de leche materna de mujeres de Antioquia, Colombia

Laura Bolívar Parra^{1*}, Cristina Úsuga-Monroy², María Elena Márquez Fernández¹, Olga Inés Montoya Campuzano¹

¹ Grupo de Investigación Probióticos y Bioprospección, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Medellín, Colombia.

² Grupo de Investigación GINVER, Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington, sede Medellín, Medellín, Colombia.

*Ponente: lbolivarp@unal.edu.co

La leche humana (LM) es un alimento altamente nutritivo, contiene nutrientes esenciales y componentes activos biológicos esenciales para el correcto desarrollo de los infantes. La LM tiene una microbiota propia, la cual es importante para el desarrollo y composición inicial de la microbiota intestinal del recién nacido, actuando como un importante mecanismo de defensa del organismo frente a enfermedades, además, es fuente importante de bacterias ácido lácticas (BAL) de interés en la salud humana. A pesar de que se han identificado diversas especies de BAL a partir de LM y se han realizaron estudios sobre su potencial probiótico en diversos países; en Colombia, hasta la fecha no hay reportes. El objetivo de este estudio fue identificar BAL provenientes de LM de mujeres del oriente del departamento de Antioquia, Colombia. Para el desarrollo de este proyecto se tomaron muestras de LM de 20 madres que se encontraban en el primer trimestre de lactancia, seleccionadas a conveniencia. De la LM fueron aisladas bacterias que se purificaron y seleccionaron mediante pruebas bioquímicas por VITEK® 2. Se extrajo ADN por medio de un kit comercial y se realizó PCR del gen 16S rRNA. Los productos obtenidos fueron secuenciados a través de una empresa comercial y se usó el software MEGA versión-11.0 para analizar, alinear y comparar los datos con secuencias externas extraídas de GenBank y SILVA ribosomal RNA database. Se crearon árboles filogenéticos basados en el método de neighbor-joining utilizando el modelo K2+G con un bootstrap de 1000 repeticiones. Se aislaron 1284 colonias, de las cuales 151 se identificaron a nivel fenotípico y molecular, encontrando los géneros *Enterococcus*, *Ligilactobacillus*, *Limosilactobacillus*, *Pediococcus* y *Streptococcus*. El 32% de las cepas identificadas a nivel de género por filogenia concordó con la identificación fenotípica. Este estudio permitió encontrar cepas de LM pertenecientes a distintos géneros de BAL por dos métodos de identificación, mostrando la importancia de la LM de mujeres antioqueñas como una fuente buena y segura para el aislamiento de BAL que en futuros estudios pueda ser evaluado su potencial probiótico, para ser adicionadas en alimentos mejorando la salud intestinal de los lactantes y adultos.

C2B20092

Tratamiento de aguas residuales en Colombia y sistemas bioelectroquímicos-BES, usos y perspectiva

Fabián Andrés Bustos Murillo^{1*}, Hernán Mauricio Rivera Escobar^{2*}

¹ Universidad Distrital Francisco José de caldas, Facultad Tecnológica, Bogotá D.C., Colombia

² Departamento de Estudios Interdisciplinarios-IDEAD, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia

*Ponente: hmauricio@ut.edu.co

Los Sistemas Bioelectroquímicos (BES) hacen parte de un sistema de tratamiento enfocado en el uso de bacterias exoelectroquímicas con la capacidad de degradar carga orgánica y transferir los electrones resultantes hacia una celda electroquímica, esto para recuperar energía representada en corriente eléctrica o combustibles con alto poder calorífico. Estos microorganismos son quimiorganótrofos, con la capacidad de metabolizar la carga orgánica presente en el agua residual, debido a la presencia de proteínas (12-30 %), carbohidratos (6-16 %) y lípidos (19-80 %); además, poseen proteínas similares a la familia citocromo C, con una estructura grupo hemo, que facilita los procesos redox en la membrana citoplasmática, cuentan con filamentos “Pili” en los que ha mostrado una capacidad de transferir los electrones resultantes de los procesos redox. El objetivo de este manuscrito es documentar sobre la capacidad de los organismos exoelectrogénicos en condiciones operativas al interior de un biorreactor, así como, los avances reportados frente al uso de los BES. Para esto, se presenta el fundamento bioquímico, microbiológico y electroquímico de los microorganismos que interactúan en un sistema BES; para finalmente, documentar sobre los usos de la tecnología BES en la depuración de contaminantes, sus limitantes y ventajas como alternativa en el tratamiento de las aguas residuales en Colombia. Con respecto al montaje de la celda, se requieren reacciones espontáneas que favorezcan el flujo de electrones oxidados del ánodo hacia el cátodo a través de un circuito eléctrico, el cual, reduce el compuesto que se encuentra en solución y como resultado, genera corriente eléctrica producto de la transferencia de electrones. Frente a los sistemas convencionales de tratamiento de agua residuales, los BES muestran mejoras en eficiencia en la depuración de contaminantes, sumado a la capacidad de obtener energía renovable como resultado del proceso metabólico. Los BES en sus diferentes configuraciones, promueven el aprovechamiento de energía en la degradación de compuestos, mostrando una eficiencia en remoción superior al 83,33%. Sin embargo, se requiere más investigación y desarrollo en la caracterización de lodos y aguas residuales ingresadas a BES, junto con las condiciones de temperatura y pH; ya que estas aún son desconocidas y necesarias para el diseño, implementación y operación de estos sistemas.

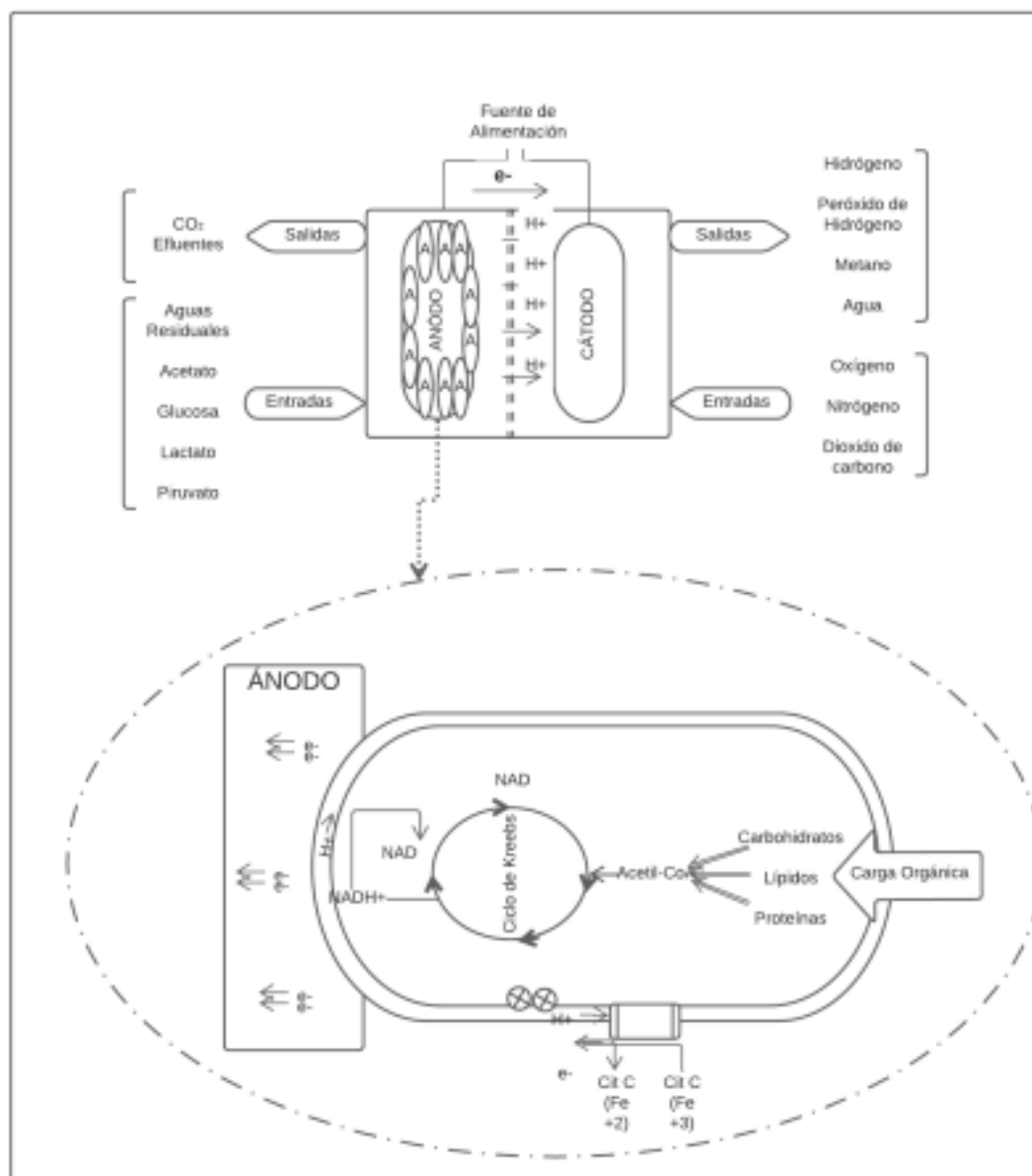


Figura 1. Representación de los sistemas bioelectroquímicos - BES en sus diferentes configuraciones, de acuerdo con el sustrato en el ánodo y cátodo y sus posibles productos resultantes del proceso (European Commission, 2013; Hamelers et al., 2010; Kadier et al., 2020).

C2B20111

Caracterización genética y perfil de sensibilidad a metales en aislados de *Pseudomonas mendocina* provenientes de lixiviados

Laura Burbano¹, Carlos Aranaga², Aura Falco^{1*}

¹Universidad Santiago de Cali, Grupo de Investigación en Microbiología, Industria y Ambiente (GIMIA), Facultad de Ciencias Básicas, Cali 760035, Colombia. ²Universidad Santiago de Cali, Grupo de Investigación en Química y Biotecnología (QUIBIO), Facultad de Ciencias Básicas, Cali 760035, Colombia

*Ponente: aura.falco00@usc.edu.co

Pseudomonas mendocina es un bacilo Gram negativo capaz de crecer en lixiviados, los cuales se caracterizan por tener cargas altas de materia orgánica y de contaminantes que ejercen una presión selectiva a favor de las bacterias que poseen determinantes de resistencia a antimicrobianos, lo que las convierte en candidatos para evaluar su potencial biorremediador. Debido a ello, en este trabajo, se realizó la caracterización genética que incluye la genotipificación de los aislados de *P. mendocina* provenientes de una planta de tratamiento de lixiviados, a través de la amplificación por PCR de las secuencias repetidas extragénicas palindrómicas (rep-PCR). Además, se determinó la presencia de ADN plasmídico y si éste era transferible por conjugación y, finalmente, se determinó el perfil de sensibilidad a metales pesados. Se demostró que algunos aislados están relacionados genéticamente, que portan plásmidos conjugativos y que crecen a diferentes concentraciones de metales.

C2B20114

Desarrollo de un modelo para estimación de incertidumbre en métodos basados en inmunoensayo - ELISA indirecto

Gustavo Adolfo Garzón Fajardo^{1*}, Andrés Felipe León¹, Jhon Emerson Leguizamón¹, Sergio Luis Dávila¹

Grupo de Investigación en Metrología Química y Biología (GIMQB), Instituto Nacional de Metrología de Colombia.

*Ponente: guagarzonfa@unal.edu.co

Los métodos de medición basados en inmunoensayos son ampliamente utilizados para el tamizaje, detección, seguimiento y control de enfermedades de diferentes tipos en las áreas clínica y agropecuaria, entre otras. Los resultados obtenidos a partir de este tipo de técnicas son empleados en la toma de decisiones con implicaciones en términos de salud pública y seguridad alimentaria, entre otras, por lo que, asegurar la validez de los resultados de estas mediciones es fundamental para los laboratorios que emplean este tipo de técnicas. En este contexto, la incertidumbre de la medición cobra gran relevancia al ser un valor no negativo que caracteriza la dispersión de los valores dados en una medición, provee información cuantitativa de la calidad del resultado de medición obtenido. Desde el Instituto Nacional de Metrología se presenta un modelo *Bottom-up*, el modelo matemático construido puesto a prueba con un método para la detección y cuantificación de la proteína *Spike* de SARS-CoV 2, permitiendo caracterizar los intervalos de medición en términos de su incertidumbre de medición.

C2B20118

Valorization of plant waste from urban marketplaces: bacterial cellulase production and pectin extraction

Walter Pérez Mora^{1*}, Jaquelin Mojica Gómez¹, Etna Milena Sánchez¹

¹Grupo de investigación en procesos industriales - Neurona, Centro de gestión Industrial, Regional Distrito Capital, SENA

*Ponente: whperez@sena.edu.co

The generation of organic waste and inadequate collection and disposal processes lead to negative environmental impacts. In this context, marketplaces are significant generators of vegetable waste with substantial utilization potential. This study aimed to utilize vegetable waste, generated in a marketplace, as substrates in bacterial cellulase production, subsequently employed for pectin extraction. For cellulase production, vegetable waste generated at El Restrepo District Market in Bogotá was collected. The waste was washed, chopped, dehydrated, and stored at -80°C. Cellulose content (36.81%) was determined through consecutive acid and alkali hydrolysis. This result guided formulation of a substrate with 1% cellulose as the carbon source. Fermentation of the substrate occurred in a 3L Bioflo fermenter, inoculated with a bacterial strain C6M2, previously isolated from the marketplace waste (48h, 37°C, 450rpm). Enzyme activity, reducing sugars, residual cellulase, and bacterial concentration were evaluated at various time points. Maximum production was achieved at 30h of fermentation (activity 17.01 U/mL). Generated enzymes were filtered and preserved for pectin extraction from diverse waste types. For pectin extraction, waste was sampled and categorized on-site in the same marketplace. Enzymatic extraction was performed in an orbital shaker at 200rpm for 24h and 37°C. Yield percentage (0.8% to 8.6%) and degree of esterification (33% to 70%), assessed via infrared spectroscopy, served as measurement and comparison variables. Fruit waste and fruit peels proved the best sources for pectin extraction. Results suggest that marketplace-generated waste can be harnessed for industrial purposes (e.g., cost-effective substrates in bacterial cellulase production and pectin extraction). This approach could contribute to waste valorization and reduce its environmental impact.

C2B20119

Bacterias probióticas para corales: una estrategia contra el declive de la salud coralina

Diana Lorena Gutiérrez Samacá^{1*}, Jordan Steven Ruiz-Toquica¹, Andrés Franco Herrera¹

¹Área Académica de Ciencias Naturales y Ambientales. Universidad de Bogotá Jorge Tadeo Lozano

*Ponente: dianal.gutierrez@utadeo.edu.co

La formulación de probióticos personalizados es esencial para proporcionar una solución alternativa que potencie la respuesta de los corales al estrés ambiental, y mejore su salud y la persistencia de los arrecifes coralinos bajo el escenario del cambio climático, es decir, el aumento de la temperatura del agua que ocasiona estrés oxidativo en los corales, el brote de enfermedades, y la baja disponibilidad de nutrientes para las algas simbiotas. El presente trabajo evaluó el potencial probiótico de las bacterias nativas del coral urbano *Madracis auretenra* en la bahía de Santa Marta, Colombia, a través del tamizaje funcional de la capacidad antioxidante (a través de la prueba catalasa y la producción de pigmentos); la capacidad de inhibir y regular patógenos del coral (por medio de la actividad antagónica y disruptiva del Quorum Sensing); y la capacidad de secuestrar el hierro (a través de la producción de sideróforos). Un total de 32 aislados bacterianos (de 132 evaluados) mostraron más de tres de estas actividades, y se seleccionaron para pruebas cuantitativas y análisis posteriores. Se excluyeron los aislados que mostraron baja actividad, lento crecimiento, morfología similar, y relación filogenética cercana a patógenos de corales. Un consorcio de siete cepas bacterianas afiliadas a los géneros *Bacillus*, *Vibrio*, *Priestia*, *Exiguobacterium* y *Fictibacillus* (>98 % de identidad vía 16S ARNr), se ensambló a una concentración final de 10^7 UFC mL⁻¹ y se probó que las cepas no se inhibían entre sí. Este estudio propone este consorcio personalizado como candidato a probiótico con características que son benéficas para los corales, especialmente bajo el escenario del cambio climático. Esperamos probar esta fórmula probiótica en experimentos controlados para evaluar su viabilidad con fines de conservación y restauración coralina.

C2B20123

Microbiota analysis and LAMP-PCR detection of *Mycobacterium bovis* in raw milk from animals with bovine tuberculosis suspicion from Sumapaz region, Colombia

Laura Gómez¹, Camila Lota¹, Edgar Díaz¹, Alejandro Sierra^{1,2}, Danna Camelo^{1,3}, Diego A. Abril⁴, Vilma Moreno⁴, Nelson Arenas^{4,5}, Carlos Y. Soto^{1*}

¹ Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular de las Micobacterias BBMM, Facultad de Química, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ² Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Sao Paulo, São Paulo, Brasil.

³ Departamento de Biología, Universidad de Georgetown, Washington DC, EE. UU. ⁴ Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cundinamarca, Diagonal 18 No. 20-29, Fusagasugá, Colombia. ⁵ Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño, Bogotá, Colombia.

*Ponente: clota@unal.edu.co

Bovine tuberculosis (BTB) is a highly prevalent zoonotic disease that produces health risks for animals, farmers, and consumers, as well as significant economic losses. The diagnosis of BTB is based on immunological intradermal reaction and microbiological tests that despite their low specificity, sensitivity, and speed of results, are the current choice of small and medium-sized livestock producers. In the present work, we aimed to identify the microbiota associated with samples of raw milk or derivatives, obtained from small livestock production centers with suspected cases of BTB and other potential pathogens. The milk samples were aseptically collected in small livestock production centers from Fusagasugá (Cundinamarca, Colombia). Total DNA was extracted from samples using a method based on phenol-chloroform extraction and columns of silica, also standardized in this work. The presence of species of *Enterobacteriaceae* family and *M. bovis* was initially detected by conventional PCR based on the 16S rRNA gene. In addition, the presence of *M. bovis* was also detected by a Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) PCR based on the region of difference 12 (RD12) of the *M. tuberculosis* complex. Positive PCR amplification for *Enterobacteriaceae* and *M. bovis* was obtained from samples. However, samples positive for *M. bovis* were specifically detected by the LAMP-PCR test with a limit of detection was 50 fg of genomic DNA. Genotyping methods are currently required to overcome the limitations of conventional methods and to reinforce the control of tuberculosis and other infectious diseases in the field of food safety and the livestock industry.

C2B20128

Análisis de la biodiversidad bacteriana de aguas residuales de curtiembres de Calarcá-Quindío, Colombia

Nelson Enrique Arenas Suarez^{1*}, Fabiana María Lora², Nelsy Loango Chamorro², Laura Inés Cuervo Soto¹

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño. Bogotá, Colombia.

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías. Universidad de Quindío, Armenia, Quindío.

*Ponente: narenas69@uan.edu.co

Introducción: Las curtidurías generan grandes volúmenes de aguas residuales que contienen diversas sustancias químicas, incluidos metales pesados, compuestos orgánicos y sustancias tóxicas como cromo, sulfuros y amoníaco que podrían tener efectos nocivos para la vida y los ecosistemas acuáticos. Así, la industria del curtido en Colombia enfrenta importantes desafíos relacionados con la contaminación de los ríos. **Objetivo:** Identificar la biodiversidad microbiana presente en aguas residuales de la industria de curtiembres de Calarcá-Quindío, Colombia. **Metodología:** Se identificaron las plantas de curtiembres en proximidad con el río Quindío en el municipio de Calarcá y se colectaron muestras de aguas residuales, las cuales fueron procesadas para extracción de ADN genómico total con el kit DNeasy Powerlyzer Powersoil (QIAGEN). Se obtuvieron las secuencias crudas de los genes ARNr 16S mediante secuenciación profunda en la plataforma MiSeq de Illumina y curadas en la plataforma MOTHUR. Se realizó la secuenciación genómica tipo WGS usando librerías Truseq Nano DNA (350) y la plataforma Illumina NovaSeq lecturas pareadas de 150 pb de una cepa aislada con tolerancia a cromo. **Resultados:** Se logró obtener altas concentraciones de ADN total entre 324-368 ng/μL con una relación 260/280 de 1,88. Se observó una diversidad de acuerdo al índice de Shannon entre 2,7-2,8. A nivel de filo se identificó Bacteroidota, Desulfobacterota, Firmicutes y Synergistota; y a nivel de familia se observaron mayores abundancias de *Clostridiaceae*, *Peptostreptococcaceae*, *Rikenellaceae* y *Synergistaceae*. Se identificó a nivel de género principalmente *Acetoanaerobium*, *Proteiniclasticum* y otros organismos no cultivables. Se analizó el genoma completo de una cepa de *Enterobacter hormaechei* que presenta tolerancia a altas concentraciones de Cr hexavalente (Cr VI), con reducciones del 93.2% en concentraciones de 100 ppm. **Discusión:** Se identificó una cepa bacteriana que habita en el estómago de rumiantes y se asocia posiblemente a procesos de biorremediación de residuos químicos generados en curtiembres. Los resultados indican que los niveles de polución en este tipo de aguas podrían provocar el enriquecimiento de especies patógenas que pueden afectar el ecosistema, la cadena alimentaria e incluso la salud humana.

C2B20129

Caracterización de comunidades microbianas aisladas en la desembocadura del río Bogotá en Girardot-Cundinamarca, Colombia

Camilo Torres Trujillo¹, Nelson Enrique Arenas Suarez¹, María Aldaya², Laura Inés Cuervo Soto^{1*}

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño. Bogotá, Colombia. ² Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cundinamarca. Girardot, Cundinamarca.

*Ponente: laurys65@uan.edu.co

Introducción: El procesamiento de pieles de animales en plantas de curtiembres genera material residual que es eliminado junto a las aguas residuales y podría generar un impacto ecológico desconocido en los cuerpos de agua de Colombia. **Objetivo:** Identificar la biodiversidad microbiana presente en aguas residuales de la desembocadura del río Bogotá por metagenómica en Girardot, Colombia. **Metodología:** Se obtuvieron muestras por triplicado de aguas residuales de Girardot en un punto cerca a la desembocadura del río Bogotá a las que se les realizaron análisis fisicoquímicos. Se cultivaron muestras de agua en diluciones seriadas en medio agar nutritivo y se seleccionaron con base a tolerancia a Cr, Co, Ni y Cd. Se aisló ADN genómico total con el kit de QIAGEN, DNeasy Powerlyzer Powersoil Kit. Se realizó un análisis de diversidad por la técnica de metagenómica basada en los genes ARNr 16S en la plataforma Illumina. Se realizaron análisis bioinformáticos en la plataforma MOTHUR que fueron comparados en la base de datos MG-RAST. **Resultados:** Las muestras exhibieron una demanda química de oxígeno (DQO) de 334 mg/L, oxígeno disuelto entre 61-74 %, pH promedio 7.7 y nitratos en promedio 101 mg/L. Se obtuvieron bajas concentraciones de ADN total entre 19-26 ng/μL con una relación 260/280 de 1,9. Se identificó una diversidad de 4,5 en todas las muestras basada en el índice de Shannon. En el análisis taxonómico a nivel de filo se identificaron mayores abundancias de Proteobacteria, Firmicutes y Choloroflexi; y a nivel de familia se observó una mayor abundancia de *Moraxellaceae*, *Rhodobacteraceae* y *Weeksellaceae*. A nivel de género se identificó *Acinetobacter*, *Rhodobacteraceae* sp y otros sin identificar. Se evaluó una cepa (B18) de *Exiguobacterium sibiricum* que presentó tolerancia a metales pesados en medio mínimo suplementado con Cr (2 mg/L) y Cd, Ni y Co (5 mg/L). **Discusión:** Ciertas especies bacterianas identificadas en aguas residuales se distinguen por su amplia capacidad para sobrevivir en diferentes ambientes naturales, artificiales y de importancia clínica. También, ciertos grupos taxonómicos podrían ser tolerantes a ambientes con polución generada por residuos tóxicos derivados de la actividad doméstica e industrial.

C2B20130

Búsqueda *in silico* de nuevos compuestos con potencial actividad anti-*Toxoplasma gondii*

Alejandro Zamora Vélez^{1*}, Néstor Iván Cardona¹, Ailan Farid Arenas¹, Jorge Enrique Gómez Maín¹

¹Grupo de Investigación en Parasitología Molecular (GEPAMOL), Facultad de Ciencias de la Salud, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia.

* Ponente: oazamorav@uqvirtual.edu.co

Introducción: El tratamiento para la toxoplasmosis se basa actualmente en un esquema de pirimetamina/sulfadiazina que apunta al bloqueo específico de la síntesis de ácidos nucleicos y, por lo tanto, detiene el crecimiento del parásito. Sin embargo, este tratamiento genera graves efectos adversos provocando la necesidad de reducir las dosis o discontinuar la terapia. Por lo tanto, el objetivo del presente estudio fue evaluar el potencial efecto anti-*Toxoplasma gondii* de moléculas predichas *in silico* en un modelo *in vitro*. **Metodología:** Para los experimentos *in silico*, elaboramos dos estrategias para la búsqueda de blancos: 1. Consistió en realizar un filtro en ToxoDB (www.toxodb.org) con la herramienta “my strategies”. Luego, se descargaron las estructuras 3D de proteínas en formato PDB y se seleccionaron aquellos blancos que tuvieran al menos un sitio de interacción predicho por las herramientas “PockDrug”, “BiteNet” y “BioLip” y se seleccionaron aquellos con puntajes más altos. Luego, se realizará un tamizado virtual con la plataforma “Virtual Screening Drug Discovery” de “Texas Advance Computing Center”. 2. Luego, se seleccionaron por homología, moléculas que pudiesen interactuar con blancos de *Toxoplasma gondii* a través de reposicionamiento de medicamentos utilizando el paquete Blaster v1.0.4. de R y las secuencias proteicas de ToxoDB y de ChEMBL (www.ebi.ac.uk/chembl/). En ambas estrategias, las moléculas “hit” serán seleccionadas según el puntaje del acoplamiento o “docking” molecular. **Resultados y discusión:** Se seleccionaron 2 blancos mediante la primera estrategia: Lisina ARNt Ligasa y Actina ACT1, los cuales son conservados y únicos en apicomplejos, esenciales según el puntaje fenotípico y con funciones no quinasas. Por otro lado, se identificó 1 blanco con la segunda estrategia: proteína quinasa asociada al ciclo celular CDK, putativa, no perteneciente a mamíferos y con una identidad mayor a 0.6 y con 20.

C2B20131

Diversidad bacteriana presente en aguas residuales de curtiembres de Bogotá, Colombia

Andrés Felipe Alarcón Vargas^{1*}, Nelson Enrique Arenas Suarez¹, Laura Inés Cuervo Soto¹

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Antonio Nariño. Bogotá, Colombia.

*Ponente: aalarcon67@uan.edu.co

Introducción: La curtiduría es la industria que transforma el cuero crudo o las pieles en productos con un valor comercial significativo. Sin embargo, el proceso de estos materiales requiere el uso de compuestos químicos, lo cual representa un problema emergente en Colombia por la polución de contaminantes como metales pesados y compuestos orgánicos recalcitrantes. **Objetivo:** Caracterizar a través de metagenómica las comunidades microbianas presentes en aguas efluentes de plantas de curtiembres de Bogotá, Colombia. **Metodología:** Se tomaron muestras de aguas residuales de una curtiembre en Bogotá, las cuales fueron procesadas para extracción de ADN genómico usando el kit DNeasy Powerlyzer Powersoil (QIAGEN). Se realizó un secuenciamiento profundo en la plataforma MiSeq de Illumina basado en las secuencias de los genes ribosomales 16S. Los análisis bioinformáticos se realizaron en la plataforma MOTHUR. Se realizó la secuenciación de un genoma completo de una cepa aislada con tolerancia intrínseca a cromo en la plataforma Illumina NovaSeq con librerías Truseq Nano-DNA (350) con lecturas pareadas de 150 pb. **Resultados:** La concentración de ADN fue baja entre 64 y 70 ng/μL, con una relación 260/280 de 1,89. Se observó una diversidad de acuerdo al índice de Shannon entre 2,5-2,7. A nivel de filo predominaron los Proteobacterias y Firmicutes; y a nivel de familia se observó una mayor abundancia de *Carnobacteriaceae*, Family_XI, *Moraxellaceae* y otros grupos en menor proporción. La identificación a nivel de género permitió identificar principalmente *Atopostipes*, *Psychrobacter* y *Rhodobacteraceae* sp. Se obtuvo el genoma completo de una cepa de *Bacillus infantis* que posee la capacidad de tolerar altas concentraciones de metales pesados como Cr. **Discusión:** La diversidad microbiana se asocia principalmente a microbiota presente en suelo, materia orgánica en descomposición, microbiomas de animales a nivel de piel e intestino. La presencia de estas especies también podría estar relacionada a la capacidad que estas comunidades tienen para degradar materia orgánica y asimilar compuestos inorgánicos, y sugiere que miembros de esos grupos taxonómicos participan en procesos de putrefacción y fermentación.

Generación de una herramienta inmunológica para la detección de biomarcadores: estudiando el potencial de la Irisina como indicador fisiológico

LE Riascos-Orjuela^{1*}, GJ Díaz-González², MH Ramírez- Hernández¹

¹ Laboratorio de Investigaciones básicas en bioquímica (LIBBIQ), Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ² Laboratorio de Toxicología, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Ponente: leriascoso@unal.edu.co

Recientemente en células musculares se identificó la irisina, una nueva proteína altamente conservada en mamíferos, que se ha relacionado con varios de los beneficios atribuidos a la actividad física. La irisina, se genera y se secreta a partir del extremo N-terminal de una proteína de membrana (Proteína 5 que contiene el dominio de fibronectina tipo III o FNDC5). Debido a los efectos positivos que se han otorgado a la FNDC5/Irisina, esta proteína se convierte en un potencial biomarcador que podría brindar información sobre el estado de salud de las personas. **Objetivo:** Diseñar una herramienta inmunológica para la detección de la Irisina. **Metodología:** A partir del plásmido pCR-blunt-TOPO-FNDC5 adquirido a través de Addgene, se subclonó la región codificante de la FNDC5 murina en el sistema pET-SUMO. Posteriormente, se realizó la expresión de la proteína en las cepas BL21DE3Star y BL21 Rosetta del sistema heterólogo *E. coli*. A partir de la expresión en BL21 Rosetta, la proteína fue purificada desde cuerpos de inclusión. Contando con la proteína recombinante 6xHis-SUMO-FNDC5, se llevó a cabo el proceso de inmunización de una gallina Lohmann-Brown. Las IgYs presentes en los huevos y sueros recolectados a lo largo del esquema de inoculación se evaluaron para determinar su capacidad de reconocimiento del antígeno mediante ensayos de ELISA o *western blot*. **Resultados y discusión:** La expresión de la proteína 6xHis-SUMO-FNDC5 se evaluó inicialmente en la cepa BL21DE3Star de *E. coli*. Sin embargo, no se logró expresión en este caso, lo cual se atribuyó a la presencia de codones raros para *E. coli*, teniendo en cuenta el origen mamífero del inserto clonado. Por lo tanto, se optó por realizar la expresión en el sistema BL21 Rosetta, una cepa que suple varios codones atípicos en el sistema bacteriano. En este caso, se logró la expresión de la proteína, encontrándola en forma de cuerpos de inclusión. Producto del proceso de purificación, se lograron obtener aproximadamente 3mg de proteína. Las IgYs presentes en los sueros colectados se evaluaron confirmando la respuesta inmune del animal. Adicionalmente, se aislaron anticuerpos desde las yemas de los huevos corroborando su capacidad de reconocimiento del antígeno, constituyendo esta como la primera etapa para el diseño de un sistema de detección de la irisina. **Financiación y agradecimientos:** Este trabajo se financió gracias el proyecto código 51246 del Ministerio del Deporte y la División de Investigación Sede Bogotá - Universidad Nacional (DIB) “En búsqueda de alternativas nacionales con valor agregado para la detección del dopaje: Generación de herramientas moleculares e inmunológicas para la detección de eritropoyetina”.

C2B20140

Variación genómica en cepas de *S. alvi* asociadas a la microbiota de *Apis mellifera*

Ana María Forero Barrero^{1*}, Maryam Chaib De Mares¹

¹Grupo de Investigación en Biología Molecular, Teórica y Evolutiva, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Ponente: anforerob@unal.edu.co

La comunidad microbiana intestinal de la abeja melífera, así como en otros animales, cumple funciones vitales para el bienestar de las abejas. Se sabe que las especies asociadas a la comunidad bacteriana intestinal han evolucionado al interior de la abeja, conformando un grupo pequeño de especies bien definidas. Aquí, utilizamos los proteomas de seis cepas de una de las especies asociadas a la microbiota intestinal de *Apis mellifera*, *Snodgrassella alvi*, para estudiar la variación dentro de éstas. El análisis reveló patrones de diversificación en función de las familias de genes expandidos y contraídos a partir de las anotaciones funcionales, en donde se observó la expansión y contracción de un gen que codifica un mismo componente celular en las cepas N-S4 y wkB9, respectivamente, para procesos relacionados con el espacio periplasmático, que resulta de importancia dada las funciones y localización de estas bacterias en el intestino de la abeja. Del mismo modo la cepa ESL0196 logra alejarse del resto de cepas al encontrarse familias de genes importantes que se contraen en esta que no se observan en otras cepas, para funciones como la respuesta a antibiótico y la regulación negativa del proceso biosintético de metabolitos secundarios. Y finalmente la diferenciación entre las cepas A-1-12 y wkB9 respecto a la integración de genoma viral en el ADN del hospedero, importante en la relación simbiótica con la abeja. Por otro lado, el análisis del índice de sustitución de codones mostró que en general las proteínas presentan una tasa de evolución similar entre todas; en contraste, los valores promediados para cada cepa muestran a A-1-12 con un valor ω por debajo del resto, con la posibilidad de acercarse a la selección negativa purificadora.

C2B20142

Cinética de la formación de biofilm de cepas de *S. aureus* en placas de poliestireno para la evaluación de antimicrobianos

Sara M. Rueda^{1,2,*}, Willy Colán^{1,3}, Jennifer Ruiz-Duran^{1,2}, Claudia C. Ortiz^{1,2}

¹ Grupo de investigación en bioquímica y microbiología, Universidad Industrial de Santander, Colombia ² Escuela de microbiología, Facultad de Salud, Universidad industrial de Santander, Colombia ³ Escuela de Química, Facultad de Ciencias, Universidad industrial de Santander, Colombia

* Ponente: saramarisolrueda@gmail.com

El *Biofilm* constituye una comunidad compleja de microorganismos en estado sésil, que se encuentra adherida a una superficie y recubierta por una matriz extracelular polimérica, que confiere tolerancia bacteriana y resistencia a los antibióticos mediante distintos mecanismos. *Staphylococcus aureus* es uno de los patógenos nosocomiales más asociados a la formación de biofilm en tejidos y dispositivos médicos, con una alta resistencia a los tratamientos convencionales. Para el estudio de la eficacia de *compuestos antimicrobianos*, es importante comprender los mecanismos de formación del *biofilm* de y contar con métodos confiables y reproducibles para su cuantificación. El objetivo de esta investigación fue determinar la cinética de formación de *biofilm* de diferentes cepas de *S. aureus*. La formación de *biofilm* se realizó utilizando TSB suplementado con glucosa utilizando microplacas de poliestireno de 96 pozos, en condiciones estáticas a 37°C, con muestreos cada 12 h durante 6 d. Se utilizó el método semicuantitativo de Cristal Violeta para la determinación de biomasa total y recuento de UFC/cm² para la estimación de células viables adheridas. Adicionalmente, se cuantificaron la proteína total y el ADN extracelular como indicadores de la composición del *biofilm*. Los resultados indican que las cepas resistentes presentaron mayor formación de *biofilm* en menos tiempo (*S. aureus* ATCC 29213 y CMPUJ015), que las cepas sensibles antibióticos. *S. aureus* ATCC 43300 presentó absorbancias del CV cercanas a 1 (595 nm) a las 36 h, este *biofilm*, sin embargo, se empezó a dispersar antes de las 48 h de incubación. Las demás cepas presentaron un biofilm con biomasa, concentración de proteína y ADN similar entre las 36 - 48 h, indicando un estado maduro del *biofilm* durante el cual se puede evaluar el efecto de antimicrobianos. Finalmente, entre las 48-60 h se presentó la dispersión del *biofilm* en todas las cepas de *S. aureus*, debido a la disminución de nutrientes.

C2B20143

Caracterización del microbioma bacteriano de aguas residuales en la ciudad de Valledupar, para el seguimiento epidemiológico y potencial uso biotecnológico

Sara Sofía Cotes Ospino^{1*}, Jahir Escalante Tinoco¹, Keile Bruges Pineda², Martha C. Bustos-López², Jair Alexander Téllez Meneses¹, Ibeth Cristina Romero Calderón¹

¹ Grupo de investigación Zajuna jwa samu "Semilla del conocimiento" del Cesar, Escuela de Pregrado, Dirección académica. Universidad Nacional de Colombia sede De La Paz, La Paz, Colombia.

² Laboratorio de Ingeniería Ambiental, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

*Ponente: scotes@unal.edu.co

Las aguas residuales juegan un papel importante en la diseminación de bacterias y genes de resistencia a antibiótica (AMR), principalmente debido a la presión selectiva de residuos antibióticos que pueden propagarse en ecosistemas naturales y en zonas de actividad antropogénica. Actualmente, no existen medidas para reducir efectivamente los contaminantes emergentes microbianos y antibióticos en cuerpos de aguas y tampoco existe suficiente información o supervisión sobre la presencia de esos contaminantes a nivel ambiental, lo que limita la comprensión de los procesos evolutivos y ecológicos que conducen a la aparición, propagación y transferencia de genes de resistencia entre humanos, animales y el medio ambiente. En la presente investigación, se busca analizar el microbioma y el resistoma bacteriano en muestras de aguas residuales en la ciudad de Valledupar con relevancia en salud y con potencial en biotecnología, mediante estudios microbiológicos como la filtración por membrana, el cultivo y el aislamiento en medios selectivos y diferenciales, y la determinación del número más probable, así como el estudio de parámetros fisicoquímicos, la determinación de antibióticos, el análisis de datos metagenómicos y de genómica comparativa. Los resultados preliminares han permitido determinar la presencia de coliformes totales, fecales con valores de NMP/100 mL entre 9.2×10^5 y 9.2×10^7 y otras enterobacterias. Al realizar el aislamiento, se observa que los diferentes morfotipos presentan resistencia a varios antibióticos de 5 clases distintas: β -lactámicos, macrólidos, glicopéptidos, quinolonas y aminoglucósidos con valores de halos de inhibición variando entre 0 mm y 14,67 mm, lo cual sugiere la ocurrencia de bacterias con fenotipos de multidrogoresistencia y potencialmente de genes de resistencia. En cuanto a los parámetros fisicoquímicos, se observó variación de algunos parámetros fisicoquímicos evaluados, como por ejemplo DBO, DQO. La presencia de marcadores de resistencia se pretende realizar a partir de datos de genómica comparativa y confirmados por PCR en tiempo real. Asimismo, se proyecta obtener la identificación taxonómica para su monitoreo y exploración del potencial uso biotecnológico.

C2B20157

Estudio preliminar de la localización subcelular de la primera proteína residente del comportamiento exportador de proteínas, de *Plasmodium falciparum*, PfHSP70-2

Daniel Alejandro Cubillos^{1,2}, Sebastián Villamizar^{*1, 2}, Miguel Ángel Escobar^{1,2}, Ekaterina Guayacan^{1,2}, Andrés Felipe Ochoa^{2,3}, Gladys Thalía Cortés^{3,4}

¹ Estudiantes de la Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia. ² Médico Residente, Universidad Nacional de Colombia. ³ Grupo de investigación, Biología Celular, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia. ⁴ Profesora Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia

*Ponente: svillamizarc@unal.edu.co

Plasmodium falciparum es la especie más significativa en la propagación de la malaria, una enfermedad de alcance global. En el estudio de esta enfermedad, se han identificado proteínas localizadas en el Compartimento exportador de proteínas, denominado PEC o dominio del retículo endoplasmático reconocidas por anticuerpos monoclonales que nuestro grupo generó, entre ellos el anticuerpo monoclonal, AcM 7, utilizado en este trabajo. PfHSP70-2 es la primera proteína residente del PEC, se identifica como el homólogo de HSP70-2, PfHSP70-2 y no se ha encontrado por fuera del parásito en eritrocitos infectados, se desconoce si se exporta hacia fuera del parásito. El foco de este trabajo fue explorar la localización subcelular de Pf68 kDa, y conocer la inmunoreactividad de los remanentes membranales producto de la salida de los merozoitos de su célula hospedera, el eritrocito. Se partió de cultivos continuos de *Plasmodium falciparum* altamente sincrónicos y en diferentes estadios que incluyó merozoitos en proceso de salida del eritrocito. Se realizaron dos tipos de ensayos: el primero de ellos, la fluorescencia indirecta, y el segundo, inmuno electrón microscopía. Los anticuerpos primarios anti-HSP70-2 y anti- cleft de Maurer se detectaron mediante conjugados fluorescentes Alexa fluor y oro coloidal para microscopía electrónica. Se ubicó PfHSP70-2 en la región periférica o sub-membranal de merozoitos jóvenes en procesos de división. Por primera vez se logró detectar mediante microscopía electrónica, inmunoreacción del AcM 7 con PfHSP70-2, y también se observó inmunorreactividad del AcM 7 con remanentes membranales después de la salida del parásito por microscopía confocal. Estos resultados indican que PfHSP70-2 es posiblemente transportado hacia la periferia después de su paso por el comportamiento exportador de proteínas y que su presencia en remanentes vesiculares permite proponer una potencial antigenicidad de las vesículas extracelulares procedentes de eritrocitos infectados y que proteínas como PfHSP70-2 en los remanentes vesiculares pueden ser potenciales moléculas implicadas en la modulación de la respuesta inmune y la fisiopatología de la malaria. Continuar este estudio posibilitará un mayor entendimiento del retículo endoplasmático de *Plasmodium spp.*, potencialmente conduciendo a futuro al desarrollo de innovadoras estrategias terapéuticas para combatir la malaria.

Aislamiento e identificación molecular de cepas de *Listeria monocytogenes* obtenidas de productos lácteos

Suzette Juárez Contreras^{1*}, Francisco Héctor Chamorro Ramírez², Jaime Bustos Martínez³, Dulce María González López⁴, Aida Hamdan Partida⁵, José Fernando González Sánchez⁶

¹Maestría en Ciencias Agropecuarias. Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, Ciudad de México, México.
^{2,4,6}Laboratorio Veterinario de Ciencia de la Carne y Salud Pública. Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, Ciudad de México, México. ^{3,5}Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular. Departamento de Atención a la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, Ciudad de México, México.

*Ponente: sjcontreras.sc@gmail.com

Listeria monocytogenes (*Lm*) es un patógeno de importancia en salud pública por causar listeriosis, afectando a embarazadas, ancianos, niños e individuos inmunocomprometidos, provocando meningitis, infecciones materno-fetales y muerte. Los brotes mundiales se asocian con la ingesta de productos lácteos artesanales. El objetivo fue aislar e identificar cepas de *Lm* a partir de productos lácteos artesanales. Se analizaron 26 muestras: leche cruda (2); queso panela (6), ranchero (6), Oaxaca (10), y helado (2). Como cepas control se utilizó *Lm* ATCC 7644 y *Lm* aislada de lomo. Se realizó un enriquecimiento de muestras y se resembró en Medio Selectivo Oxford; las colonias presuntivas se resembraron en Medio ASTEL y se realizaron pruebas microscópicas y bioquímicas. Se realizó identificación molecular por PCR identificando el gen 16S rRNA, *inlA*, *inlB* y *luxS*. Los productos de PCR se secuenciaron y las secuencias se alinearon en Nucleotide BLAST del National Center for Biotechnology Information (NCBI). Se obtuvieron 19/26 aislamientos presuntivos que se observaron como colonias circulares de 1-2 mm, negras y halo negro. De estos, 7/19 se observaron como bacilos cortos Gram positivos, característico de *Lm*. Siete cepas (cuatro de helado (*Lm*1, *Lm*2, *Lm*3, *Lm*4) y tres de queso ranchero (*Lm*5, *Lm*6, *Lm*7)) cumplieron con las características bioquímicas de *Lm*. La alineación en el BLAST mostró altos porcentajes de identidad a *Lm* con el gen 16S rRNA. Las cepas positivas al gen *inlA* fueron *Lm*1, *Lm*3, *Lm*4, *Lm*5, *Lm*6, *Lm*7. Mientras que al gen *inlB*, *Lm* de lomo, *Lm*4, *Lm*5, *Lm*6 y *Lm*7. En cuanto al gen *luxS*, las positivas fueron *Lm* ATCC 7644, *Lm* de lomo, *Lm*4, *Lm*5, *Lm*6 y *Lm*7. El BLAST mostró altos porcentajes de identidad del *inlA*, *inlB* y *luxS* como genes específicos de *Lm*. Los genes *inlA* e *inlB* codifican Internalinas de virulencia de la listeriosis y en adhesión de biofilms; el *luxS* participa en el *quorum sensing* para formar biofilms, virulencia y luminiscencia. Los productos lácteos artesanales de venta directa al consumidor pueden estar contaminados con *Lm*; se obtuvieron siete cepas de *Lm* a partir de queso ranchero y helado, y la mayoría tuvo los tres genes de interés.

Figura 1. Aislamientos presuntivos de *Lm* en medio selectivo, obtenido de productos lácteos. Se aprecian las colonias (rojo) y el halo negro por hidrólisis de esculina (azul).



Evaluación de actividad antifúngica de microorganismos activos frente a *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae*

Katheryn Michell Camargo Jiménez^{*1}, Jana Pérez García¹, María Camila Cabezas¹, Carolina Chegwin Angarita¹, Harold Duban Ardila Barrantes¹, Leonardo Castellanos Hernandez¹, Mónica Ávila Murillo¹, Fredy Ramos¹, Wilman Delgado¹, Luz Marina Melgarejo², Juan Carlos Serrato³, Mary Montaña Castañeda⁴, Sergio Urrego Restrepo⁵, Omar Saldarriaga⁵, Juan Pablo Yasmo⁵

¹Departamento de Química. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá ²Departamento de Biología. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá ³Departamento de Ingeniería Química y Ambiental. Facultad de Ingeniería. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá ⁴Universidad Nacional de Colombia, Sede Orinoquía ⁵Aitia Biotech SAS

*Ponente: kmcamargoji@unal.edu.co

La fusariosis, es una enfermedad en el cultivo de especies comerciales del género *Passiflora* causada por el hongo fitopatógeno *Fusarium oxysporum* f.sp *passiflorae*, la cual causa una severa limitación en la producción de frutos y una reducción en la longevidad del cultivo^{1,2}. Como método de control se utilizan fungicidas sintéticos que son tóxicos y generan resistencia en el hongo, por lo que se hace necesaria la búsqueda de nuevas alternativas para su control³. Teniendo en cuenta esto, la presente investigación pretende encontrar agentes biológicos que permitan controlar a *F. oxysporum* f.sp *passiflorae* partiendo del enfrentamiento entre este patógeno con hongos endófitos, macromicetos y bacterias. Para ello, se realizaron enfrentamientos duales en PDA (Agar de Papa Dextrosa) con las cepas de endófitos (UN67, 86, 82, 314, 94, 123, 73 y 70), las cepas de macromicetos hongos macromicetos (QHM1-10) y bacterias de origen marino (PNM-216, 102, 9, 200, 172, 208, 123b, 201, 210 y 115), con un periodo de incubación a 28 °C durante 7 días, evaluando interacciones del tipo antagonista, inhibición por volátiles y generación de metabolitos en la interacción⁴. Dentro de los resultados se resalta que los microorganismos endófitos 67 y 314 son los que presentan los mejores efectos presentando efectos de antibiosis y generación de metabolitos en la interacción. una interacción co-cultivo. Con los macromicetos, se resalta los resultados obtenidos con 6 (*Ganoderma multipilum*), quien presenta interacción de co cultivo con el hongo patógeno. En cuanto a bacterias de origen marino, se destaca el enfrentamiento de *F. oxysporum* con 208 a través de una interacción de inhibición por volátiles. Esto permite concluir que dichos organismos pueden ser agentes biológicos con potenciales como fungicidas abriendo la puerta a alternativas para el control de *F. oxysporum*. Finalmente, se concluye que los microorganismos que presentan mejor actividad biológica frente al hongo patógeno son las bacterias de origen marino, reduciendo su crecimiento en un 50% en comparación con el control negativo. Este trabajo fue financiado por el proyecto “Alianza estratégica para el fortalecimiento de la cadena productiva de pasifloras y aguacate en Arauca fase I: control biológico y caracterización química” de la Dirección Nacional de Investigación y laboratorios y las Facultades de Ciencias e Ingeniería de la Universidad Nacional de Colombia en alianza con la empresa Aitia Biotech SAS.

Ciencias ómicas y bioinformática

C2B20011

Estudio de reactividad DFT en sitio activo reducido del complejo entre lacasa DLAC y oxitetraciclina

Sergio Jiménez-Meza^{1*}, Nadia Gavilán², Germán Barriga-González¹

¹Laboratorio Macedonia, Departamento de Química, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación (UMCE), Santiago, Chile. ²Unidad de Espectrometría de Masas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

*Ponente: sergio.jimenez2017@umce.cl

En el contexto de la industria salmonera chilena, el control de enfermedades bacterianas mediante el uso de antibióticos como la oxitetraciclina (OTC) es fundamental, pero debido a las grandes dosis administradas y a su baja metabolización en la población salmónida en producción, ésta se libera en su forma activa, provocando un impacto ambiental severo sobre aguas y suelos del entorno de estas industrias. El presente estudio propone la caracterización de reactividad para un complejo conformado por la oxitetraciclina y la enzima lacasa Dlac proveniente del hongo *Cerrena sp.*, la cual posee propiedades biorremediadores para la oxitetraciclina. Objetivo: Estudiar el efecto en la reactividad de oxitetraciclina y el complejo Dlac oxitetraciclina. La metodología está estructurada en cuatro secciones: I) Optimización de geometrías moleculares dentro del marco de la Teoría de los Funcionales de la Densidad (DFT), aplicando el funcional híbrido WB97XD y el conjunto de base 6-31+G(d,p). II) La determinación de interacciones intermoleculares del complejo enzima-ligando mediante docking molecular, aplicando Autodock4 como herramienta, considerando un medio en vacío para el estudio. Las interacciones resultantes del docking molecular se visualizaron por medio de DiscoveryStudio 2021. III) Construcción del sitio activo reducido, el cual se reestructuró a partir de las interacciones extraídas del docking molecular y discriminando los residuos de enzima, según su cercanía al ligando. IV) Se procede con el estudio de reactividad sobre el antibiótico y el complejo enzima-ligando, empleando el descriptor dual de reactividad, sobre la base teórica de aproximación de orbitales moleculares de frontera (FMOA). Según las aplicaciones teóricas, fueron obtenidas distintas propiedades de la oxitetraciclina como ligando y del complejo enzima-ligando, donde se encuentra la cuantificación de los índices globales y locales de reactividad, identificando estas zonas respecto a la probabilidad de ataques nucleofílicos y electrofílicos intramoleculares para la oxitetraciclina e intermoleculares para el complejo Dlac-OTC.

C2B20016

Un acercamiento *in silico* de la selectividad de la colistina (polimixina E) a nivel intermolecular de los modelos de membrana de *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* mediante dinámica molecular (DM)

Yesid Armando Aristizábal Salazar^{1*}, José F. Oñate Gárzon¹, Yamil Lizcano Martínez¹

¹Grupo de investigación en Química y Biotecnología (QUIBIO), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali, Cali, Colombia.

*Ponente: yesid.aristizabal00@usc.edu.co

El aumento del uso de antibióticos ha favorecido la aparición de cepas multidrogo-resistentes, siendo una de las problemáticas de salud pública de mayor impacto en el mundo. La búsqueda y el desarrollo de nuevos agentes antimicrobianos es una de las prioridades para organizaciones de salud y gobiernos en el mundo. El avance tecnológico, junto con el creciente aumento de la capacidad de procesamiento de computadores de fácil acceso en el mercado, posibilita el uso de dinámica molecular computacional, como propuesta de análisis y predicción *in silico* del comportamiento de los antibióticos en la interacción con modelos de membrana bacteriano, cuyos resultados permiten dilucidar la selectividad de agentes antibacterianos en su acción frente a las bacterias. Con el objetivo de reducir costos de producción en ensayos y reducir los tiempos en investigación, en espera de confirmar la efectividad tanto para sistemas *in vitro* como en ensayos clínicos (*in vivo*), sobre los antibióticos en desarrollo.

En este trabajo se usaron simulaciones en dinámica molecular para evaluar la selectividad en los mecanismos de interacción intermolecular de los monómeros de aminoácido presentes en la estructura de un polipéptido catiónico con actividad antibacteriana (Colistina) usando modelos de membrana bacteriano de *E. coli* (Gram negativa) y *S. aureus* (Gram-positivo).

Se utilizaron paquetes de software especializado para la preparación de los modelos bacterianos en conjunto con la colistina, y posterior ejecución de simulaciones de dinámica molecular. Los resultados a nivel de interacción péptido membrana, mostraron mayor interacción péptido-membrana frente a *E. coli* y su total ineficacia en *S. aureus*, además el perfilamiento de cada residuo de aminoácido frente a la estabilidad y selectividad, en cuanto a la composición y distribución de los diferentes tipos de fosfolípidos presentes en los modelos de membrana bacterianos.

Estudios como este, permiten evaluar la efectividad de fármacos nuevos antes de las pruebas en laboratorio, facilitando el desarrollo de nuevos antibióticos, amortizando los costos y paralelizando las investigaciones frente a otras problemáticas que pudieran surgir en los diferentes ámbitos de investigación.

C2B20024

Identificación de metabolitos secundarios de plantas medicinales con posible actividad antiviral frente a la proteasa principal MPRO del SARS-COV-2

Jeimmy J Alvarez-Jácome¹, Luis C Vesga¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez^{1,2*}

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Grupo de Investigación en Compuestos Orgánicos de Interés Medicinal CODEIM, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: jeimmy2171468@correo.uis.edu.co

El COVID-19 es una enfermedad infecciosa causada por el virus SARS-CoV-2, el cual surgió a finales de 2019 y desde entonces se han reportado más de 766 millones de contagios, por lo que rápidamente se buscó un tratamiento para combatir su enfermedad; actualmente existen varias vacunas en circulación y tratamientos antivirales, pero aun así se registran miles de casos actualmente, por lo que se continúa en la búsqueda de fármacos antivirales que ayuden a tratar los síntomas generados por este virus. El SARS-CoV-2 está conformado por cuatro proteínas estructurales y 16 proteínas no estructurales, estas últimas cumplen un rol fundamental en la replicación del virus, donde la proteasa principal, Mpro, se encarga de escindir el polipéptido para producir las proteínas maduras del virus, por lo que se ha sugerido como diana de interés en el diseño de fármacos, siendo objetivo en este estudio. En este trabajo se buscó identificar metabolitos de plantas capaces de inhibir la Mpro, siendo los fitocompuestos una opción viable en el desarrollo de fármacos. Para esto, se realizó la preparación de proteínas y ligandos buscando su conformación energética más estable empleando la suit drug Discovery de Schrödinger. Posteriormente se llevó a cabo el acoplamiento entre las proteínas diana y cerca de 4000 metabolitos, con el fin de encontrar los metabolitos con mejor perfil de interacción para la proteasa y finalmente estudiar la estabilidad del sistema mediante dinámica molecular empleando la herramienta Desmond con moléculas de agua TIP3P a 310K mediante tres trayectorias aleatorias de simulaciones de dinámica molecular de 200ns. Nuestro estudio sugiere al Cleistanthina B, con una puntuación de acoplamiento (DS) de -7.731 y energía de unión (ΔG) de -92.55 Kcal/mol como posible inhibidor al presentar interacciones de tipo puentes de hidrógeno con el residuo His41 de la díada catalítica, junto con otros aminoácidos del sitio de unión como Thr25, Thr26, Gly 143 y Gln189. Mediante simulaciones de dinámica molecular se estudió la estabilidad de unión del complejo Mpro-Cleistanthina B encontrando que este presenta afinidad y estabilidad durante el tiempo de simulación, además de la formación de interacciones del tipo puente de hidrógeno con residuos como His41, Cys44, Glu166 y Gln189, a su vez presenta interacciones hidrofóbicas con los residuos Met49, Met165 y Pro168, finalmente interacciones de puente de hidrógeno mediado por agua con los residuos Thr26, Asn142, Gly143, Glu166 y Gln189, siendo estos residuos importantes en la inactivación de la enzima y la afinidad del sustrato.

C2B20040

Caracterización bioinformática de los genes que codifican para los receptores FcγR en primates no humanos

Laura Hernández-Zambrano^{1,2 *}, Sindy Buitrago-Puentes^{1,2}, Diego Garzón-Ospina^{1,2}

¹Grupo de investigación en Genética y Biología Molecular (GEBIMOL), Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia

²PGAME - Population Genetics and Molecular Evolution, Fundación Scient, Tunja, Colombia.

*Ponente: laura.hernandez13@uptc.edu.co

La IgG es una inmunoglobulina producida por linfocitos B en respuesta a agentes patógenos. Dependiendo de la subclase de Ig (IgG1, IgG2, IgG3 y IgG4) se ejecutan diferentes funciones efectoras. Estas funciones dependen de la interacción con receptores FcγR. Previos estudios mostraron que la IgG se ha expandido diferencialmente entre los primates, sin embargo, la información sobre la estructura y evolución de los receptores de esta inmunoglobulina es limitada. En este trabajo se analizaron 11 genomas de *Platirrinos* y 5 de *Catarrinos* para describir la estructura y evolución del receptor FcγRI, determinando la estructura intrón-exon de cada gen y sus relaciones filogenéticas. Se observó una expansión del gen que codifica el receptor FcγRI, así la historia evolutiva de este gen es diferente entre los primates. *Platirrinos* y *Cercopitécidos* son usados como modelos animales en investigación biomédica. Dado que la IgG es la inmunoglobulina clave en vacunación, las marcadas diferencias entre humanos, *Platirrinos* y *Cercopitécidos* en esta Ig y su receptor sugiere que las respuestas protectoras o las funciones efectoras podrían no ser iguales. Esto supone un mensaje de precaución para investigadores biomédicos y abre cuestionamientos sobre si los resultados de inmunogenicidad que involucran *Platirrinos* o *Cercopitécidos* pueden ser totalmente extrapolados a los humanos dadas las marcadas diferencias en IgG y ahora vista en uno de sus receptores.

C2B20046

Modelamiento metabólico para el entendimiento de la patogenicidad de *Phytophthora palmivora* en palma de aceite (*Elaeis guineensis*)

Luisa María Mejía Sequera^{1,3*}, David Botero Rozo¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹ Grupo de Biología y Mejoramiento, Centro de Investigaciones en Palma de Aceite-CENIPALMA, Colombia. ² Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ³ Departamento de Química, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia

*Ponente: lmmejias @unal.edu.co

La palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq.) es un cultivo de gran importancia económica debido a la producción de aceite derivado de su fruto. Uno de los factores más limitantes en el cultivo de palma de aceite es la pudrición de cogollo (PC), una enfermedad causada por el oomicete hemibiótrofo *Phytophthora palmivora*, el cual afecta al cultivo de palma desde 1964. Desde 2008, la Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite (Cenipalma) ha liderado los esfuerzos de investigación para dilucidar los diferentes mecanismos involucrados en la infección. En este estudio se busca generar una reconstrucción metabólica de *P. palmivora* para expandir el conocimiento de las relaciones patógeno-palma y así contribuir al pronóstico del comportamiento de la pudrición de cogollo en palma de aceite. Para obtener la reconstrucción metabólica se usó el genoma de *P. palmivora* publicado en la base de datos NCBI (*Phytophthora Palmivora* (ID 66939)). La reconstrucción fue generada usando el software *Pathway Tools*. Se integraron al modelo datos de RNA-seq de *P. palmivora* en interacción con *E. guineensis* en fase de biotrofia y necrotrofia. La anotación del genoma y la reconstrucción preliminar del modelo metabólico indican que este organismo tiene 201.782 genes asociados a 1.517 reacciones distribuidas en 149 rutas metabólicas y 1.854 metabolitos. A partir de estos resultados y junto con el análisis de fluxes metabólicos a través de la red (*flux balance analysis*) se busca establecer una función objetivo que permita establecer una relación entre el fenotipo de patogenicidad, perfiles de expresión génica y variantes genotípicas asociadas a la infección.

C2B20053

Anotación funcional de genes en términos GO usando clasificación por aprendizaje profundo basado en grafos de redes neuronales

Leonardo Araque^{1*}, David Botero Roza¹, Hernán Mauricio Romero^{1,2}

¹ Corporación Centro de Investigación en Palma de Aceite-CENIPALMA. ² Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia-Sede Bogotá

* Ponente: laraque@cenipalma.org

Existen bases de datos de secuencias de proteínas pero que no cuentan con una anotación funcional asociada que le permita a los biólogos ó investigadores plantear hipótesis sobre el comportamiento de rutas metabólicas, generalmente marcadas por la expresión de los genes objeto de estudio. Con el reciente incremento en la facilidad de técnicas de secuenciación de alto rendimiento (RNASeq, PacBIO, etc), está aumentando la diferencia entre las secuencias conocidas y las que no.

El presente trabajo es una propuesta de anotación automática de genes en términos GO, clasificando los grafos acíclicos direccionados de las ontologías de genes (DAGs) para asignar la mejor anotación del término GO para la secuencia objetivo, por un modelo de red neuronal basada en grafos.

El presente trabajo evalúa metodologías tradicionales como BLAST, BLAST2GO, con modelos basados en aprendizaje profundo como DeepGO, y modelos basados en grafos como DeepGOA, y una nueva aproximación que usa una configuración de red neuronal basada en grafos y diferentes modelos de embeddings. El modelo basado en grafos se implementó en la librería para modelos basados en grafos de Pytorch en la estructura GraphGym, la cual permite evaluar los hiperparámetros del modelo.

En este trabajo se entrenó un modelo genérico asociado a 90 organismos: incluyendo 42.715 términos GO, donde 28.647 están asociados a proceso biológico, 10.161 asociados a función molecular y 3.907 asociadas a componente celular. Como también, se entrenó un modelo con información filogenéticamente cercana a *Phytophthora palmivora*, el cual es un organismo de alto interés en este estudio, incluyendo únicamente términos GO para *Phytophthora sojae*. El presente trabajo, presenta una metodología que le permite al investigador, decidir las bases de datos de términos GO que entrenan el modelo según la aproximación filogenética del organismo objetivo ó una aproximación genérica basada en las mejores anotaciones de las bases de datos públicas, para diferenciar el conocimiento o vacío de las secuencias de proteínas del organismo objetivo. El modelo de red neuronal entrenado está basado en grafos orientando al investigador en el mejor DAG y mejor término GO asociado a sus secuencias de consulta.

Identificación del Sesquipinsapol B como posible inhibidor de la glucoproteína spike del SARS-CoV-2

Camilo A. Ruiz-Hernández¹, Jeimmy J. Alvarez-Jácome^{1*}, Luis C. Vesga¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez^{1,2}

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Grupo de Investigación en Compuestos Orgánicos de Interés Medicinal CODEIM, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: trabajosc2b2@uis.edu.co

El SARS-CoV-2 es un virus que surgió a finales del año 2019 el cual genera una enfermedad denominada COVID-19. Hoy en día, esta enfermedad ha causado más de 650 millones de contagios alrededor del mundo y continúa siendo un problema de salud global con la aparición de nuevas variantes del virus. A pesar del descubrimiento de las vacunas y fármacos con respuesta frente al virus, aún no se ha establecido ningún tratamiento para el manejo permanente de la enfermedad. En consecuencia, se estableció este proyecto de investigación con el que se buscó la identificación de metabolitos secundarios de plantas como posibles inhibidores de la glucoproteína spike del virus del SARS-CoV-2. Para alcanzar este objetivo, se realizó un screening virtual a una base de datos de 4000 metabolitos aproximadamente para analizar sus interacciones aminoacídicas, docking score y cálculo de energía de afinidad. Luego se preparó la estructura de la glucoproteína spike y los metabolitos a pH 7,2 eliminando sus átomos superpuestos con el uso del módulo Protein Preparation Wizard. Para el refinamiento de las estructuras, se empleó un campo de fuerza OPLS4 minimizando las estructuras a la pose de menor energía con el módulo LigPrep. El screening virtual se realizó a través de Glide en una caja de 20 Å centrada en las coordenadas -36,652; 29,8116; 4,1656. Nuestros resultados indican que la tagatofuranosa, el leucopelargonidin, la d-galactosa y el sesquipinsapol B se proponen como posibles inhibidores de la glucoproteína spike. De acuerdo con el mejor perfil de interacción, el sesquipinsapol B se analizó a través de dinámica molecular empleando la herramienta Desmond. El sistema fue equilibrado mediante un ensamblaje NPT con el uso de modelo de solvatación TIP3P. Además, fue sometido a un proceso de minimización con valores de temperatura y presión de 310 K y 1.01325 bar. Los estudios de dinámica molecular se realizaron por triplicado a 200ns en trayectorias aleatorias. Los resultados obtenidos sugieren que el sesquipinsapol B contiene el mejor posible perfil de inhibición con respecto a la glucoproteína spike. En consecuencia, sus interacciones mediadas por puente de hidrogeno, sus interacciones hidrofóbicas, sus interacciones mediadas por puentes de agua y sus interacciones de tipo π - π con residuos aminoacídicos críticos como E484, N487, Y489 bloquea canales de comunicación y reconocimiento aminoacídico para evitar la interacción con la célula hospedera. De acuerdo con los resultados obtenidos, se determinó que el sesquipinsapol B tiene un posible poder de inhibición en la actividad de la glucoproteína spike generando un impedimento en la interacción con la célula hospedera. Dicho impedimento es ocasionado por la interacción aminoacídica de residuos como E484, Y489 y Y505 cuyo papel es el reconocimiento de enlaces con la enzima ACE2, la cual es el mecanismo primordial para la infección de la célula hospedera.

Evaluación *in silico* de tres posibles marcos abiertos de lectura en SIR2 de *Apis mellifera*

Luis A. Pardo-Díaz^{1,2,*}, Cristian E. Cadena-Caballero^{1,2}, Carlos Barrios-Hernández^{2,3},
Francisco J. Martínez-Pérez^{1,2,3}.

¹Laboratorio de Genómica Celular y Aplicada (LGCA), Facultad de Ciencias, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ²Grupo de Investigación en Computo Avanzado y a Gran Escala (CAGE), Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ³Centro de Supercomputación y Cálculo Científico de la Universidad Industrial de Santander (SC3UIS), Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

*Ponente: luis.pardo1@correo.uis.edu.co

El declive de las poblaciones de abejas y la disminución en su aporte hacia el servicio ecosistémico de polinización son temas que generan preocupación en las entidades gubernamentales y científicas. Así, el desarrollo de estrategias moleculares, que contribuyan a dar solución a esta problemática junto a la conservación de estas poblaciones, garantiza la polinización de cultivos de interés económico y el control de las redes tróficas silvestres. Las Sirtuinas son una familia de proteínas involucradas en la desacetilación de histonas. Estas se encuentran en organismos eucariontes, al interior de la familia se encuentra el gen *Silent Information Regulator 2* (*Sir2*) dependiente de NAD⁺, se relaciona con patrones de envejecimiento y la esperanza de vida. En *Apis mellifera* el gen *Sir2* está de manera predictiva con tres posibles ARN mensajeros (ARNm) con sus respectivos Marcos Abiertos de Lectura (ORF), no obstante, se desconoce su patrón de expresión en las castas sociales que componen las colmenas, o la cuantificación de sus niveles de expresión, que puedan explicar la drástica diferencia en los tiempos de vida de sus castas. Se evaluó *in Silico* los tres posibles ORFs en *Sir2* de *Apis mellifera*. con la secuencia reportada del gen para *A. mellifera* como consulta se realizó una búsqueda en las bases de datos del GenBank especialmente en los conjuntos de datos de transcriptomas. Posteriormente se generaron alineamientos con el software MAFFT para caracterizar las regiones conservadas, predecir los posibles sitios de corte-empalme canónicos y extendidos. Se evidenciaron varias regiones potenciales para exones, a su vez, estas coinciden con sitios canónicos y extendidos de corte-empalme. Estudios recientes han evidenciado procesamiento alternativo en *Sir2* presente en otros organismos e involucrado distintos procesos, algunos de estos han sido las respuestas a las infecciones víricas en humanos o crecimiento celular en hongos fitopatógenos. Por lo tanto, se hace necesario una validación de la expresión de *Sir2* en las tres castas sociales de *Apis mellifera* y otras especies de abejas.

Red Neuroinfecciones Emergentes en las Américas (NEAS): Un modelo para fortalecer la capacidad de investigación en metagenómica en Colombia

Beatriz Parra ¹, Nelson Rivera-Franco ^{1,3}, Diana López-Alvárez ^{1,2,3,*}, Andrés Castillo ³, Lyda Osorio⁵, Carlos A. Pardo ⁴ & NEAS Network

¹ Grupo de Investigación Virus Emergentes y Enfermedad – VIREM. Escuela de Ciencias Básicas, Facultad de Salud, Universidad del Valle. Cali, Colombia. ² Grupo de investigación en diversidad biológica. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia. Palmira, Colombia. ³ Laboratorio en Técnicas y Análisis Ómicos - TAO-LAB/CIBioFi, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle. Cali, Colombia. ⁴ Department of Neurology and Pathology, Johns Hopkins University School of Medicine. Baltimore, USA. ⁵ Universidad del Valle, Escuela de Salud Pública, Facultad de Salud, Calle 4B # 36-00, Cali, Colombia.

* beatriz.parra@correounivalle.edu.co

La Red de Neuroinfecciones Emergentes en las Américas (NEAS), es una red de investigación multisitio con sede en Colombia establecida en respuesta al brote del virus Zika en 2016. Uno de los principales objetivos de NEAS es mejorar las capacidades de los investigadores colombianos en el uso de técnicas moleculares de última generación y enfoques biológicos computacionales en metagenómica y vigilancia genómica de patógenos. Antes de la pandemia de COVID-19, NEAS implementó tecnologías de secuenciación portátil de alto rendimiento (Oxford-Nanopore®), como una herramienta rápida y eficaz para detectar y comprender la epidemiología, dinámica de transmisión e impacto de patógenos emergentes asociados con enfermedades neurológicas. Bajo este enfoque se respaldó la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 dando como resultado el primer genoma del virus para la ciudad de Cali-Colombia (EPI_ISL_445219). NEAS estableció una colaboración con la Red de Vigilancia Genómica del SARS-CoV-2 liderada por el Instituto Nacional de Salud de Colombia para continuar los esfuerzos en la secuenciación de linajes virales, demostrando la transmisión local de variantes de interés (Lambda y Mu) y preocupación (Alfa, Gamma, Delta y Omicron). Hasta marzo de 2023, el equipo de NEAS compartió 1630 genomas de SARS-CoV-2 en la plataforma GISAID. Además, con el objetivo de optimizar los recursos en el laboratorio húmedo, se desarrolló un modelo predictivo basado en algoritmos de aprendizaje automático para establecer el rendimiento de las lecturas de secuenciación Oxford-Nanopore® de SARS-CoV-2, permitiendo la reutilización de celdas de flujo y el acortamiento del tiempo de secuenciación. Adicionalmente, NEAS diseñó e implementó actividades educativas gratuitas en metagenómica para personal de salud en regiones remotas de Colombia. Desde 2021, se han realizado dos cursos web sobre metagenómica y técnicas moleculares de próxima generación y una capacitación práctica sobre secuenciación de nanoporos. A la fecha, más de cien científicos y profesionales de la salud en Colombia y Latinoamérica han sido capacitados y están en condiciones de diseñar y realizar experimentos de vigilancia genómica de patógenos emergentes. El modelo NEAS se ha expandido desde su enfoque inicial en enfermedades neurológicas agudas hasta fortalecer la capacidad de investigación sostenible en metagenómica en Colombia para abordar la amenaza de enfermedades infecciosas emergentes.

C2B20062

Análisis evolutivo del gen *PRKN* en el orden primates y posibles implicaciones con la enfermedad de Parkinson

Yordy Stiven Cangrejo-Useda^{1,2*}, Lina María Vera-Cala³, Carlos Jaime Barrios Hernández^{1,2}, Juan Antonio González Barrios⁴, Francisco José Martínez-Pérez^{1,2,4}

¹Laboratorio de Genómica Celular y Aplicada (LGCA), del Grupo de Investigación en Cómputo Avanzado y a Gran Escala (CAGE), Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Grupo en Microbiología y Genética Facultad de Ciencias Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

³Grupo de Investigación en Demografía, Salud Pública y Sistemas de Salud (GUINDESS), Facultad de Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ⁴Laboratorio de Medicina Genómica, Hospital Regional “1° de Octubre”, ISSSTE, CDMX, México

*Ponente: yordy2191048@correo.uis.edu.co

El gen Parkin RBR E3 Ubiquitin Protein Ligase (*PRKN*), es el segundo gen más grande en humanos, con más de 1,300,000 pares de base (pb) cuyo ARN mensajero es de 1,368 pb y codifica para una proteína de 465 aminoácidos, es decir más de 1,298,000 pb son intrones. Algunas mutaciones de este gen han sido relacionadas con el desarrollo de la Enfermedad de Parkinson (EP). Nuestro grupo de investigación ha demostrado *in silico* que los intrones de *PRKN* tienen elementos promotores y marcos abiertos de lectura aun no descritos. El objetivo de este trabajo fue establecer el patrón evolutivo de los promotores y ORfs en los intrones del gen *PRKN* del ser humano respecto a primates. Se delimitaron los intrones y exones en 33 secuencias reportadas del gen *PRKN* en primates, en el GenBank. Así mismo, se realizó una caracterización de las secuencias de los ORFs intrónicos junto con su fase y el estado de conservación. La organización de intrones y exones varía entre los diferentes taxones, sin embargo, se mantiene una tendencia a 12 exones y 11 intrones. Es de resaltar, que aunque el tamaño del gen no es igual para cada especie, el tamaño de los exones es considerablemente menor comparado con el tamaño de los intrones en los taxones analizados. Los dominios de las proteínas codificadas para cada taxón, son conservados en la mayoría de estos y mantienen la misma organización, aunque algunos poseen únicamente 1 o 2 dominios. 22 especies presentaron el gen con regiones indeterminadas. Se sugiere una posible ortología para el gen *PRKN* en los taxos estudiados. Establecer las características de *PRKN* a nivel molecular, contribuyen a entender el funcionamiento del gen, su posible origen evolutivo en distintas especies de vertebrados y sugerir su participación en cuadros clínicos como es la EP.

Determinación de variantes génicas asociadas a resistencia en *Mycobacterium tuberculosis* mediante secuenciación por Oxford nanopore

Erica Marcela Aristizábal Giraldo^{1,2*}, Cristian Velarde³, Marcela Orjuela Rodriguez⁴, Melissa Pelaez⁵, Uriel Hurtado⁶, Nelson Rivera Franco^{1,2}, Diana López-Alvarez^{1,2,7}, Gerardo Libreros⁸, Beatriz Parra Patiño^{1,2}

¹Red Neuroinfecciones Emergentes en Las Américas, Universidad del Valle, Cali, Colombia. ²Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia. ³Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia, Medellín, Colombia. ⁴Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia. ⁵Laboratorio Departamental de Salud Pública de Caquetá, Florencia, Colombia. ⁶Unidad de Bacteriología y Micobacterias, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia. ⁷Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia. ⁸Grupo de Biotecnología e Infecciones Bacterianas, Universidad del Valle, Cali, Colombia.

*Ponente: erica.aristizabal@correounivalle.edu.co

La tuberculosis es una enfermedad infecciosa provocada por *Mycobacterium tuberculosis*, catalogada como un problema de salud pública mundial, sobre todo en países de ingresos medios-bajos. Sumado a esto, el tratamiento es cada vez más desafiante debido a la aparición de cepas multirresistentes a los medicamentos (MDR TB), las cuales pueden desarrollar resistencia a fármacos de primera línea como rifampicina e isoniazida, o transformarse en cepas extremadamente resistentes (XDR TB), con resistencia a las fluoroquinolonas y a un agente de segunda línea como amikacina, kanamicina o capreomicina. Por lo tanto, el objetivo fue validar y caracterizar las variantes génicas asociadas a resistencia antibiótica en aislamientos clínicos de *M. tuberculosis* mediante secuenciación con Oxford Nanopore con el propósito de posteriormente ensayar esta metodología en muestras clínicas directamente. Se estandarizó un ensayo descrito por Mariner-Llicer et al (2021), en tres muestras aisladas de pacientes y un aislamiento de la cepa de referencia ATCC-25177. El experimento consistió en la amplificación por medio de PCR multiplex de nueve genes asociados a resistencia y dos genes relacionados con el linaje. Posteriormente se realizó la secuenciación usando el kit de ligación LSK109. Los datos obtenidos se analizaron con herramientas bioinformáticas como Guppy v.6.4.6 para el llamado de bases y la demultiplexación, Minimap2 v.1 para el mapeo de las lecturas, Samtools v.1.10 para clasificación, indexación y conversión de formatos y VarScan v.2.3.9 para el llamado de variantes, indels y asignación de linaje. Se obtuvo una cobertura del 100% con una profundidad de $\sim 200X \pm 100$ para todos los genes evaluados. En dos de los aislamientos clínicos no se encontró ninguna variante asociada a resistencia, mientras que en uno de ellos se presentó una mutación que confiere ausencia de susceptibilidad a la rifampicina, antibiótico de primera línea en el tratamiento de la tuberculosis. Estos resultados son concordantes con los obtenidos previamente mediante la prueba GENotype MTBDRplus, sin embargo, a través de la secuenciación se logró evaluar una mayor cantidad de blancos y, al tiempo, establecer el linaje específico de *M. tuberculosis*, lo que ofrece un panorama más amplio respecto al microorganismo y permite instaurar una terapia con mayor precisión a cada paciente.

C2B20104

Perfil diferencial de proteínas de MCF7 en respuesta a interleuquina 6

Derly J Diaz-Ruiz¹, María Claudia Sandoval-Usme¹, Adriana Umaña-Perez¹

¹Grupo de investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia.

*Ponente: dejdiazru@unal.edu.co

El cáncer de mama es una patología con una alta tasa de mortalidad en mujeres. Un acercamiento terapéutico en la lucha contra este cáncer es la intervención de la vía de señalización JAK/STAT. La actividad de la Interleuquina 6 (IL-6) inicia con la activación de esta ruta e induce la expresión génica de factores proliferativos. Sin embargo, a pesar de la asociación de esta interleuquina con los procesos tumorales aún no se esclarece en su totalidad los mecanismos moleculares participantes. Este trabajo estudió el perfil proteico diferencial de la línea de cáncer de mama MCF7 en respuesta a IL-6, como una oportunidad para la elucidación de las proteínas relevantes en los efectos sobre los eventos relacionados con progresión tumoral que ejerce la citoquina.

Las células MCF7 [ATCC HTB-22], se incubaron con 50 pg/mL de IL-6 durante 30 minutos, luego se realizó extracción de proteína con buffer RIPA en presencia de inhibidores de proteasas a partir del pellet de células de un cultivo en monocapa en plato de 100 mm y el extracto se cuantificó por el método de ácido bicinoninico. 25 µg de proteína se separaron en electroforesis SDS-PAGE seguida de western blotting para la identificación de las proteínas activadas por IL 6. 100 µg de proteína se precipitaron y se separaron para hacer un acercamiento al proteoma por

electroforesis bidimensional. En la primera dimensión se realizó isoelectroenfoco en tiras en un rango de 3 a 10 o de 4 a 7 unidades de pH (IPG Bio-Rad), luego se realizó electroforesis, tinción, análisis de imágenes y escogencia de proteínas diferenciales seguido por identificación por espectrometría de masas. Como proteoma basal se empleó el proveniente de células sin estímulo. Se observó la activación de los miembros JAK2 y STAT5 en respuesta a la IL-6 en dosis fisiológicas. Se obtuvo el proteoma de la línea celular MCF7 y se observaron cambios debidos a la estimulación con la Interleuquina. Aunque es necesario profundizar en las diferencias del proteoma, los efectos de la Interleuquina sobre la migración y la invasión celular se correlaciona con los cambios proteicos determinados en el estudio proteómico.

C2B20127

Cribado de metabolitos secundarios con propiedades repelentes mediante análisis *in silico* utilizando como diana farmacológica la Proteína G y una proteína análoga a las OBPS (odorant binding protein) de *Amblyomma americanum* (ixodidae) reportadas como posibles receptores odorantes en garrapatas *Rhipicephalus microplus* (Ixodidae)

Andrés Felipe Cabezas Cárdenas^{1,2*}, Gloria Stefany Avendaño Mora^{1,2}, Bethsy Natalia Alfonso Nuñez^{1,2}, Luis Carlos Vesga¹, Jonny E. Duque², Stelia Carolina Méndez Sánchez¹

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Centro de investigación en enfermedades tropicales CINTROP, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: andres2180512@correo.uis.edu.co

Las garrapatas son ectoparásitos que tienen gran impacto en muchos animales y en la industria ganadera, especialmente en la bovina, debido a que son capaces de parasitar y hospedar microorganismos que pueden producir diferentes infecciones bacterianas, parasitarias y virales, generando enfermedades a los animales como babesiosis y anaplasmosis. Los bovinos afectados sufrirán efectos como pérdida de peso, anemia y disminución de la calidad de los alimentos o subproductos obtenidos a partir de ellos, lo que incide de manera directa en el sector económico. Para el control de vectores, por ejemplo, el mosquito *Aedes aegypti* una de las principales estrategias han sido los repelentes, los cuales han dado muy buenos resultados en la disminución de la propagación de enfermedades propias de ellos como el dengue. Sin embargo, para el caso de las garrapatas, la repelencia no ha sido de mucho interés debido a que su sistema bioquímico quimiorreceptor no es claro a la fecha, puesto que no tienen las mismas proteínas odorantes con las que cuentan otros artrópodos que si han sido estudiados ampliamente. Estos parásitos cuentan con un órgano quimiorreceptor especializado conocido como el órgano de Haller, el cual se encuentra ubicado en el tarso del primer par de patas superiores. Este órgano posee varias sensilas olfatorias que le permite percibir características ambientales y de los animales tales como la temperatura, humedad, olores y vibraciones, con el fin de detectar cuando un hospedero idóneo se encuentra cerca y así parasitarlo.

Teniendo en cuenta lo anterior, el objetivo de este estudio consistió en la identificación de algunos metabolitos secundarios (MS) con posible actividad repelente contra *Rhipicephalus microplus* mediante el screening molecular, teniendo como dianas farmacológicas proteínas que han sido reportadas como posibles receptores odorantes en otras especies de garrapatas y que presentan un homólogo (XP_037285629.1, XP_037269043.1) en el genoma de la especie de estudio. Para llevar a cabo este estudio, se inició con el análisis de siete proteínas reportadas en transcriptomas de las patas delanteras donde se encuentra el órgano de Haller de las especies de garrapatas *Ixodes scapularis*, *Rhipicephalus australis* y *Amblyomma americanum*.

Luego, se hizo la comparación con homólogos en el genoma de *R. microplus* mediante la herramienta BLASTn de la NCBI. Se modeló cada una de las proteínas mediante AlphaFold y la herramienta *protein preparation wizard* del programa Maestro de Schrödinger, donde se seleccionaron dos proteínas (una proteína G y una proteína semejante a las OBP de los insectos) teniendo en cuenta la calidad del modelo y las interacciones con atrayentes como el ácido láctico y repelentes como el IR3535 y el DEET, las cuales se usaron para el trabajo *in silico*.

Por otro lado, se utilizó una base de datos de aproximadamente mil quinientos MS que previamente se prepararon mediante la herramienta *Ligprep* para minimizar su energía, ajustar el pH a 7.4 y su carga, aplicando un campo de fuerza de tipo OPLS3. Después, se buscó el sitio drogable utilizando la función *SiteMap* y *Receptor grid*. Finalmente se realizó el docking molecular utilizando la herramienta *Glide* en tres niveles de cribado de diferente precisión como cribado virtual de alto rendimiento (HTVS), precisión estándar (SP) y extra-precisión (XP).

Los resultados observados en la Tabla 1 sugieren que aproximadamente 50 MS presentan actividad repelente contra *Rhipicephalus microplus*, siendo capaces de interactuar con los posibles receptores odorantes de las garrapatas, obteniendo valores de docking score desde -9.149 hasta -3.499 y energías de afinidad de -15.12 hasta -77.38 kcal/mol. En conclusión, se logró identificar 50 MS con posible actividad repelente contra *Rhipicephalus microplus* utilizando herramientas bioinformáticas como BLASTⁿ y docking molecular, precisando lugares específicos de interacción proteína-ligando, lo cual servirá como base para realizar estudios posteriores de validación *in vivo*.

Proteína	MS con posible actividad repelente	Docking score	Energía de afinidad [kcal/mol]
Proteína G	Ácido p-Hydroxybenzónico	-4.267	-37.55
	3,4-dihidrofénilacetato	-4.506	-37.15
	eugenol	-5.028	-36.98
	Óxido de limoneno	-3.576	-36.55
	Acetato de cinamilo	-4.080	-34.90
	Herniarina	-3.768	-34.85
	Etil benzoato	-3.885	-33.37
	3-careno	-3.858	-32.83
	Pulegona	-3.746	-31.80
	Mirtenol	-4.383	-30.96
	Geraniol	-3.499	-29.68
	Isovanilina	-4.240	-29.35
	Metilbenzoato	-3.913	-29.32
	Carvona	-3.567	-29.14
	beta-citronelol	-3.551	-28.54
	Alcohol benzílico	-4.488	-28.46
	Siringol	-4.283	-27.97
	Vanillina	-5.105	-27.67
	Acetato de bencilo	-3.956	-27.67

C2B20133

Análisis *In silico* de metabolitos secundarios con posible actividad insecticida contra *Rhodnius prolixus* teniendo como target proteínas de la cadena transportadora de electrones

Jeferson Daniel Blanco Carvajal^{1,2*}, Jonny Edward Duque-Luna², Luis Carlos Vesga¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez¹

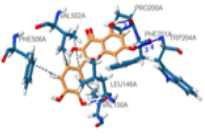
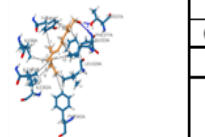
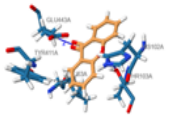
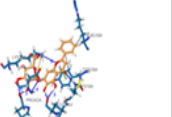
¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: jefe7890@hotmail.com

El *Rhodnius prolixus* es el principal vector de la enfermedad de Chagas, causada por el protozoario *Trypanosoma cruzi*, la prevalencia de infección en Colombia está entre 700.000 y 1.200.000 habitantes infectados, y 8 millones en riesgo de adquirir la infección. El principal método para prevenir la enfermedad de Chagas es controlando los vectores mediante el uso de insecticidas sintéticos, como los organofosforados, y piretroides, lo cual ha generado mecanismos de resistencia en diferentes especies de triatomíneos. Con el fin de dar solución a esta problemática, este trabajo tuvo como objetivo identificar posibles compuestos con actividad insecticida a través de un screening virtual teniendo como target proteínas de la cadena transportadora de electrones en *Rhodnius prolixus*. En primer lugar, se empleó la base de datos de AlphaFold2 para obtener modelos de homología de las proteínas de interés. Por otra parte, los posibles candidatos a inhibidores se prepararon con la herramienta LigPrep de Schrödinger que permitió obtener las configuraciones de estereoisomería y quiralidad, así como su conformación con menor energía. De igual forma, se utilizó la herramienta Qikprop del programa Maestro de Schrödinger para determinar los parámetros fisicoquímicos de absorción gastrointestinal de los compuestos, el coeficiente de reparto octanol-agua (LogP), y el coeficiente de solubilidad en agua (LogS). Posteriormente, se identificaron posibles sitios de unión en las proteínas de interés, utilizando la herramienta de SiteMap de Schrödinger permitiendo predecir sitios drogables con un alto grado de confianza. El estudio del acoplamiento de los compuestos preparados se realizó con la herramienta Glide con sus diferentes opciones de acoplamiento, precisión estándar (SP) y precisión extra (XP), empleando un grid centrado en los sitios drogables anteriormente mencionados. Los mejores resultados se seleccionaron por mayor puntuación de docking score, mayor energía de afinidad, permeabilidad e interacciones de aminoácidos.

Tabla 1. Interacciones y propiedades fisicoquímica de compuestos con posible actividad insecticida

Proteína	Interacción proteína-ligando	Compuestos	D. score	Energía de afinidad [kcal/mol]	Proteína	Interacción proteína-ligando	Compuestos	D. score	Energía de afinidad [kcal/mol]
CI (ND5)		Quercetina	-8,826	-45,09	CIII (Cytb)		Baicalina	-11,953	-63,82
		Xantona	-4,762	-40,26			Quercetina	-10,937	-58,73
		Farnesol	-4,392	-57,28			Farnesol	-7,181	-56,4
							Xantona	-7,133	-43,51
CII (SDHA)		Baicalina	-14,298	-89,7	CIV (Cyt c)		Baicalina	-8,124	-76,29
		Quercetina	-9,24	-53,7			Quercetina	-3,755	-31,15
		Xantona	-5,127	-40,98			Farnesol	-3,081	-33,37
		Farnesol	-3,476	-46,37					

CI(ND5)= NADH-ubiquinona oxidoreductasa subunidad 5; CII (SDHA)= Subunidad de la flavoproteína succinato deshidrogenasa; CIII (Cytb)= Citocromo b; CIV (Cyt c)= Citocromo c oxidasa subunidad 4; D. score= docking score.

con proteínas de los complejos mitocondriales en *Rhodnius prolixus*, con resultados de docking score de -14,298 hasta -1,453, y energías de afinidad, con valores de -89,70 hasta -2,70 kcal/mol, se seleccionaron los compuestos como la Quercetina (DS -8.826; EA -45.09 kcal/mol) para el complejo I; la Xantona (DS -5.127; EA -40.98 kcal/mol) se seleccionó para el complejo II; el Farnesol (DS -7.181; EA -56.40 kcal/mol) se seleccionó para el complejo III; y finalmente, la Baicalina (DS -8.124; EA -76.29 kcal/mol) se seleccionó para el complejo IV. Además, como se observa en la Tabla 1, algunos compuestos podrían inhibir más de un complejo mitocondrial. Estos compuestos serán evaluados posteriormente en pruebas In vivo para confirmar su actividad insecticida e In vitro para verificar si inhiben los complejos de la cadena transportadora de electrones. En conclusión, se proponen los compuestos quercetina, xantona, farnesol y baicalina como principios activos con posible actividad insecticida contra *Rhodnius prolixus*.

Identificación de compuestos con posibles propiedades antimiasis empleando mitocondrias extraídas de *Drosophila melanogaster* como modelo experimental y farmacológico

Anjy Tatiana Ojeda-Cárdenas^{1,2*}, Jonny Edward Duque-Luna², Luis Carlos Vesga¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez¹

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: anjy2170168@correo.uis.edu.co

La miasis es una enfermedad parasitaria que afecta humanos y otros vertebrados que es causada por larvas de dípteros pertenecientes a la familia *Muscidae* (comúnmente conocidos como moscas), los cuales durante un tiempo se alimentan y crecen en tejido del huésped muerto o vivo (Francesconia & Lupi, 2012; Robbins & Khachemoune, 2010). Como método de control, se usan principalmente compuestos como los piretroides, obtenidos mediante síntesis química. No obstante, no hay reportes de compuestos de tratamiento estándar, debido a que hay diferentes tipos de miasis y diferentes especies generadoras de ésta, por tanto, es imperativa la generación de nuevas estrategias de amplio espectro para el control de estas especies y con efectividad para cualquier tipo de miasis. Por consiguiente, el objetivo de este estudio consistió en identificar mediante screening virtual compuestos con posible actividad antimiasis, mediante la inhibición de la actividad mitocondrial en *Drosophila melanogaster*.

Para ello, se obtuvieron los modelos de homología de los complejos de la cadena transportadora de electrones (CI, CII, CIII y CIV) a partir de AlphaFold2 y se realizó la superposición de las proteínas de la cadena transportadora de electrones de las principales especies de moscas generadoras de miasis (*Cochliomyia hominivorax*, *Dermatobia hominis*, *Oestrus ovis*, *Sarcophaga*, *Chrysomya*, *Lucilia*, *Musca domestica*) con *D. melanogaster*, donde se evidenciaron sitios altamente conservados. Luego, empleando el programa Maestro de Schrödinger, inicialmente se prepararon las estructuras proteicas a través de *Protein preparation wizard* con el fin de optimizar, refinar, procesar y obtener conformaciones más estables, para luego preparar los ligandos por medio de Ligprep donde se generaron estructuras moleculares tridimensionales precisas y de energía minimizada, manteniendo el pH en 7,4. Seguidamente, con la ayuda de SiteMap y *Receptor Grid generation* se identificaron y fijaron los sitios drogables. El *docking* molecular se realizó a través del módulo *Glide* donde se tuvieron en cuenta 2 filtros, el *docking* de presión estándar o SP, extraprecisión o XP, además el MM-GBSA el cual calcula la energía de afinidad del ligando al receptor. Los resultados obtenidos, nos dan una estimación o una probabilidad de cómo estos compuestos interactúan con las proteínas seleccionadas.

Por último, teniendo en cuenta las propiedades ADME, las reglas de Lipinski y otras propiedades, se seleccionaron los compuestos como la piperina (DS -4.838; EA -50.25 kcal/mol) para el complejo I (Figura 1.A), el cual tiene una interacción del tipo π - π con la Phe391 e interacciones con los aminoácidos Phe356-Asp360 y Thr456-Leu465; la xantona (DS -4.810; EA -42,60 kcal/mol) se seleccionó para el complejo II (Figura 1.B), la cual tiene una interacción tipo puente de hidrógeno con el Glu438 e interacciones con los aminoácidos Gly65-Ala69 y Ser95-Ala100; el carvacrol (DS -7,816; EA -42,77 kcal/mol) se seleccionó para el complejo III (Figura 1.C) el cual tiene una interacción tipo puente de hidrógeno con la Tyr363 e interacciones con los aminoácidos Tyr96-Ile103 y Leu302-Phe326. Finalmente, el p-cimeno (DS -3,310; EA -31,47 kcal/mol) se seleccionó para el complejo IV (Figura 1.D) el cual tiene dos interacciones del tipo π - π con el Trp83 y la Tyr95 e interacciones con los aminoácidos Phe99-Ile91. Todas estas interacciones coinciden con los sitios altamente conservados del alineamiento de las estructuras primarias, lo cual sugiere que *D. melanogaster* es un modelo alternativo para el estudio de miasis. En posteriores estudios, se evaluará la actividad insecticida *in vivo* de los compuestos seleccionados, usando *D. melanogaster* como modelo animal. En conclusión, con el *docking* molecular se logró identificar los compuestos piperina, xantona, carvacrol, p cimeno, timol y 1,8-cineol, que pueden inhibir las proteínas mitocondriales en las moscas que generan la miasis de manera factible realizando un cribado teniendo en cuenta diferentes parámetros, y así mismo, obtener compuestos potenciales para posteriores pruebas *in vivo*.

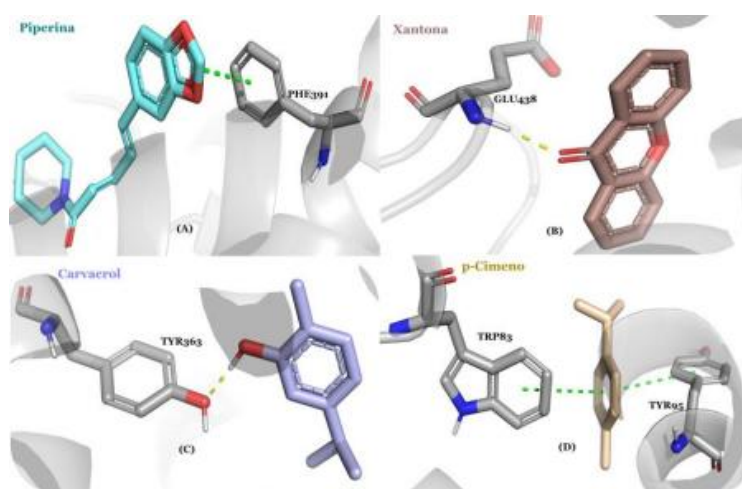


Figura 1. Posiciones de acoplamiento de los compuestos mejor clasificados de cada complejo mitocondrial en *Drosophila melanogaster*. (A) piperina (complejo I); (B) xantona (complejo II); (C) carvacrol (complejo III); (D) *p*-cimeno (complejo IV). Los residuos y ligandos están coloreados según el tipo de átomo (carbono de la proteína, gris claro; oxígeno, rojo; nitrógeno, azul). Las interacciones proteína-ligando se representan mediante líneas discontinuas: las interacciones tipo puente de hidrógeno se colorean en amarillo y en verde las interacciones del tipo π - π .

C2B20149

Identificación de polimorfismos en los genes ACE y ACTN3 en dos grupos de deportistas del pacifico colombiano

Jorge Leyva Rojas¹, Juvenal Yosa Reyes¹, Yecid Mina Paz^{2 3}, Briyis Fontecha Pacheco^{1*}

¹Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas, Laboratorio de Simulación Molecular y Bioinformática, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia

²Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Libre Seccional Cali, Cali, Colombia

³Grupo de investigación MEDES, Institución Universitaria Escuela Nacional del Deporte, Cali, Colombia

*Ponente: briyis.fontecha@unisimon.edu.co

“Sportomics” u ómica del deporte es un enfoque interdisciplinario que amalgama genómica, proteómica y metabolómica en las ciencias deportivas, buscando revelar los mecanismos moleculares del rendimiento deportivo a través de biomarcadores. Múltiples polimorfismos se han detectado en genes que influyen en el rendimiento de deportistas de resistencia y fuerza. Aunque la investigación genética en deporte es limitada en Colombia, en el presente estudio se determinaron los polimorfismos en genes claves como la enzima convertidora de angiotensina-1 (ACE-1) y la proteína estructural α -actinina-3 (ACTN3) relacionados con regulación de la presión arterial y contracción muscular, respectivamente. El objetivo de este estudio fue determinar los polimorfismos en los genes ACE y ACTN3 en dos grupos de deportistas de alto rendimiento del pacifico colombiano: halterofilistas y ciclistas. Mediante la secuenciación genómica por Next Generation Sequencing (NGS) de 17 deportistas (10 halterofilistas y 7 ciclistas) y herramientas de bioinformática para el estudio de homología de secuencias, se determinó la presencia de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) en las secuencias genéticas de los genes ACE y ACTN3. El 50% de la población de los halterofilistas presento el SNP C > T en el gen ACTN3, mientras que en el gen ACE se presentó el SNP G > A en un 60%. En el grupo de los ciclistas el 71,42% presentó el SNP C > T en el gen ACTN3, mientras que en el gen ACE el SNP G > A se presentó en un 57,14%. Aunque los deportistas practicaban actividades con diferentes demandas metabólicas (aeróbicas para ciclistas, anaeróbicas para halterofilistas), no se encontró un solo tipo de SNP en cada grupo estudiado. Esto indica que las variantes genéticas no están fuertemente ligadas a la elección deportiva ni al metabolismo específico. Otros factores influyen en la adaptación y rendimiento, tales como la nutrición y las ayudas ergogénicas, sugiriendo la necesidad de investigar más genes relacionados con el metabolismo y considerar la interacción gen ambiente en las respuestas al ejercicio.

Biomarcadores proteicos en cáncer de ovario

Carlos Maya^{1*}, Geraldine Ardila¹, Nelson Arenas², Jonathan Carvajal-Veloza¹, Luz D Gutierrez-Castañeda¹

¹Grupo de Ciencias Básicas en salud (CBS-FUCS), Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud – FUCS, Bogotá, Colombia. ²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cundinamarca, Colombia

* Ponente: camaya@fucsalud.edu.co

Introducción: El 70% de los casos de cáncer de ovario (CO) es diagnosticado en etapas III y IV de la enfermedad, cuando este ya se ha diseminado a la cavidad peritoneal y ha hecho metástasis a órganos distantes. **Objetivo:** realizar una revisión de la literatura de biomarcadores proteicos relacionados con CO e identificar mediante análisis bioinformático genes centrales relacionados con CO de ovario. **Materiales y métodos:** Se realizó una revisión sistemática de la literatura para identificar biomarcadores proteicos relacionados con CO usando los términos (((ovarian cancer) OR (ovarian carcinoma) OR (ovarian neoplasm) OR (ovarian tumor)) AND (proteomics OR proteomic OR proteome))). Se usó la metodología PRISMA. Para generar la red de interacción proteína-proteína (PPI), agrupamiento y visualización se usó el software Cytoscape. Las proteínas centrales fueron validadas para su relación con supervivencia global en el servidor GEPIA2 y UALCAN. **Resultados:** Se revisaron 117 estudios, en donde se encontraron en total 201 proteínas expresadas diferencialmente. 19 de ellas fueron reportadas, más de una vez, 108 fueron reportadas como potenciales biomarcadores de diagnóstico y 110 como marcadores de pronóstico. 139 proteínas fueron reportadas en tejido tumoral y 62 proteínas en muestras sanguíneas. El análisis de PPI y priorización de genes centrales mostró las proteínas IGF1, CXCL8, ALB, IL6 y TNF para muestras sanguíneas y CCND1, ACTB, HIF1A, CTNNB1, STAT3 para muestras de tejido tumoral como biomarcadores centrales. Las proteínas ALB, TNF, CCND1 y CXCL8 mostraron ser expresadas diferencialmente en tejido normal comparado con tumoral de acuerdo con la base de datos GEPIA2. Mientras que el análisis de la expresión de acuerdo con el estadio tumoral no mostró diferencias significativas. **Discusión:** Es importante seguir realizando estudios que permitan ampliar y detectar biomarcadores que se puedan usar junto con los actuales (CA125 y HE4).

C2B20156

“Target Fishing” de componentes del “*Cannabis sativa*” responsables de la actividad antimalárica

Saúl Alejandro Sulbaran Luengas^{1*}, Elkin Eduardo Sanabria Chanaga¹

¹ Grupo de investigación CiDiMat, Departamento de Química, Universidad de Pamplona

*Ponente: saul.sulbaran@unipamplona.edu.co

La malaria, una enfermedad infecciosa causada por el parásito *Plasmodium falciparum* y transmitida por mosquitos anofelinos, sigue siendo un problema global de salud, con entre 250 a 450 millones de casos anuales y más de un millón de muertes. A pesar de los esfuerzos realizados, Colombia ha experimentado un aumento en la incidencia de malaria en los últimos 40 años. Además, la resistencia a medicamentos antimaláricos, como la cloroquina y la pirimetamina-sulfadoxina, se ha vuelto un tema de gran preocupación. Por lo tanto, se investiga el desarrollo de nuevos fármacos antipalúdicos, donde se ha explorado el uso de la *Cannabis sativa*, en la que se ha observado actividad antipalúdica en algunos, sin embargo, no se conoce con exactitud los responsables de esta actividad. Debido a la falta de información, este estudio busca elucidar algunos de los distintos mecanismos por las que los componentes de la *C. sativa* funcionan sobre la malaria, mediante ensayos in silico. En primer lugar, se identificaron proteínas objetivo en *Plasmodium falciparum* (Fosfatasa, T. Colina, PfPK5) mediante una búsqueda bibliográfica y se optimizaron sus estructuras descargadas del PDB y Alphafold. Luego, se prepararon estas proteínas para acoplarlas con compuestos de extractos de cannabis, cuyos componentes mayoritarios se identificaron previamente mediante HPLC y se crearon estructuras de los ligandos. Se realizó el acoplamiento molecular utilizando AutodockVina. Finalmente, se llevaron a cabo simulaciones de dinámica molecular durante 100 nanosegundos, lo que permitió analizar las interacciones proteína-ligando y calcular la energía libre de enlace del complejo. En la Tabla 1 los resultados del acoplamiento molecular muestran que los cannabinoides poseen afinidad variable hacia las tres proteínas. Estos puntajes revelan interacciones significativas proteína ligando. Para los resultados de dinámica molecular revelan variabilidad en las interacciones de los cannabinoides con las proteínas como lo muestra la Tabla 2. Se observa selectividad potencial de CBG y CBGA hacia Transportador de Colina, y sinergia de CBC y D9THC en múltiples proteínas con implicaciones estructurales notables. Estos hallazgos tienen implicaciones prometedoras tanto en términos de comprensión de la acción de los cannabinoides como en el desarrollo potencial de terapias antipalúdicas más efectivas.

Tabla 1. Afinidad Molecular: Puntuaciones de Docking de Cannabinoides y Proteínas seleccionadas*

	CBC	CBD	CBDA	CBDV	CBG	CBGA	CBN	CBNA	D8THC	D9TCH	THCA_A
Fosfatasa	-6,6	-5,5	-6,0	-5,8	-5,5	-4,9	-6,6	-6,4	-6,8	-6,8	-6,8
T. Colina	-7,1	-7,4	-7,5	-7,6	-6,8	-6,5	-7,6	-8,2	-7,8	-7,9	-8,1
PfPK5	-9,6	-8,4	-8,3	-8,3	-8,0	-8,5	-9,7	-9,5	-9,2	-9,3	-8,8

* Los valores de la tabla se reportan en kcal/mol

Tabla 2. Cálculo de Energías: Resultados de Dinámica Molecular*

Ligandos	Fosfatasa	T. Colina	PfPK5
CBC	-30,10	-28,83	-41,22
CBD	-28,8	XXXXXXXX	XXXXXXXX
CBDA	XXXXXXXX	-32,52	XXXXXXXX
CBDV	XXXXXXXX	-33,51	XXXXXXXX
CBG	-18,38	-53,21	XXXXXXXX
CBGA	XXXXXXXX	-46,84	-34,11
CBN	-30,55	-31,98	XXXXXXXX
CBNA	XXXXXXXX	-35,46	-33,19
D8TCH	-19,03	-38,12	-38,63
D9THC	-11,13	-40,38	-38,93
THCA_A	-21,47	-35,27	-22,74

*Los valores de energía se presentan en kcal/mol

C2B20159

Cribado computacional para la identificación de compuestos de origen naturales con posible actividad repelente contra *Rhodnius prolixus* vector del Chagas

María Alejandra Ruiz Estupiñán^{1,2*}, Luis C Vesga¹, Jonny E. Duque², Carolina Velázquez³,
Stelia Carolina Méndez Sánchez

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología (GIBIM), Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga, Santander,

²Centro de investigación de enfermedades tropicales (CINTROP), Universidad Industrial de Santander. Piedecuesta, Santander,

³Grupo de investigación de neurociencias y comportamiento UIS-UPB, Universidad Industrial de Santander. Piedecuesta, Santander; Universidad Pontificia Bolivariana, Floridablanca, Santander.

*Ponente: mariaalejandraruizest@gmail.com

La enfermedad de Chagas es causada por el parásito *Trypanosoma cruzi* y afecta a alrededor de 6 a 8 millones de personas en todo el mundo causando aproximadamente 50 000 muertes por año. La poca efectividad en el control del vector *Rhodnius prolixus* (Reduviidae: Triatominae) y la resistencia adquirida a los insecticidas convencionales incentiva la necesidad de diseñar nuevas estrategias que se enfoquen en la protección contra la picada de este insecto con la intención de disminuir así el número de contagios que se presentan cada año. Debido a lo anterior, el objetivo de este estudio pretende identificar compuestos de origen natural capaces de inhibir la recepción de moléculas odorantes y con potencial para el diseño de repelentes. Para esto, se realizó un acoplamiento molecular usando la proteína Orco, una proteína receptora encargada del reconocimiento de moléculas odorantes. Se usaron cerca de 600 compuestos naturales, con el fin de encontrar tres metabolitos con menor puntuación de acoplamiento (DS) y energía de afinidad (EA) con el receptor, este procedimiento se realizó por medio del software maestro con la herramienta Glide de Schrodinger. Para el screening virtual se obtuvo el modelamiento de la estructura tridimensional del receptor por medio del software Alphafold, así mismo, por medio del software Maestro con la herramienta LigPrep se realizó la preparación de los ligandos para que estos tuvieran su conformación estructural estable. Por último, usando la herramienta de Glide se realizó el cálculo de acoplamiento molecular DS y su energía de afinidad EA.

Los compuestos con posible actividad repelente se seleccionaron teniendo en cuenta las interacciones con el receptor orco empleando la interfaz Maestro 2021-1, desarrollada por la plataforma computacional Schrodinger.

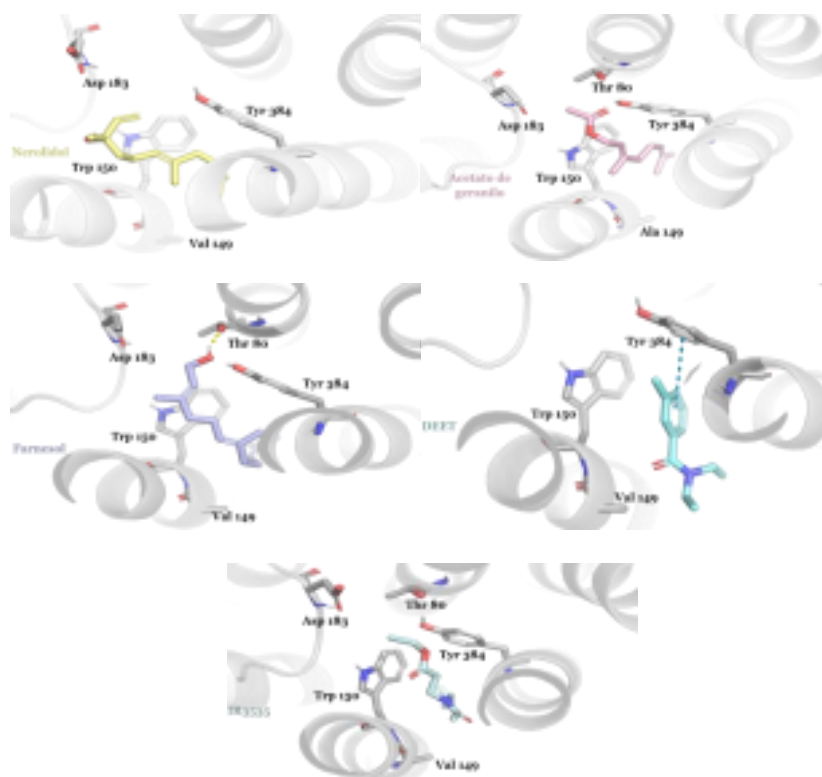


Figura 1. Visualización de interacciones proteína-ligando en receptor Orco con A) Acetato de geranilo B) Farnesol C) Nerolidol y los compuestos de referencia D) DEET E) IR3535

En la figura 1 se observa que los compuestos A. Geranilo (DS:-5,773/EA:-50.14 9kcal), Farnesol (DS:- 6.298 /EA:-62.09kcal)) y Nerolidol (DS:-5.034/EA:-46.99kcal), presentan interacciones de puente de hidrógeno e hidrofóbicas con los residuos Ala 149, Trp 150 y Tyr 384, aminoácidos que se encuentran interaccionando de manera hidrofóbica con los compuestos repelentes de referencia DEET(DS:- 5,970/EA:-49,19kcal) e IR3535(DS:-3.441/EA:-48.23kcal). Una vez realizado la fase *in silico* se procedió a realizar la fase experimental, que consistió en evaluar las señales electroantenograficas del insecto en respuesta a los compuestos con mejor energía de afinidad y biodisponibilidad. Para cada compuesto se realizó 7 insectos y 3 réplicas por compuesto, manteniendo los insectos en ayuno mínimo de 30 días. Esta fase, permitió demostrar que el acetato de geranilo inhibió la recepción de post amoniaco en un 53%, farnesol en un 60%, nerolidol en 59% y el IR3535 en un 50%, estos compuestos presentaron alteraciones en el sistema olfativo del insecto, al producir una disminución en las señales post tratamiento de amoniaco, molécula atrayente.

Los metabolitos mencionados anteriormente se proponen como posibles inhibidores de la recepción de la molécula de amoniaco teniendo en cuenta sus propiedades farmacológicas, su energía de unión y las interacciones con los residuos claves para la unión del complejo y de esta forma generar inhibición en la captación de atrayentes naturales del cuerpo humano y disminuir la picadura del insecto vector.

Análisis metabolómico aplicado al estudio del efecto del aceite esencial de *Lippia origanoides* sobre el metabolismo de *Salmonella Enteritidis* ATCC 13076

Yuliany Guillín¹, Marlon Cáceres¹, William Hidalgo^{1*}

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología, Vicerrectoría de Investigación y Extensión, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

*Ponente: whidalgo@uis.edu.co

Las infecciones por *Salmonella* asociadas a la formación del *biofilm* siguen siendo un problema de salud pública, debido a que el *biofilm* confiere a los microorganismos mayor resistencia a antibióticos. Por lo tanto, surge la necesidad de encontrar nuevas estrategias terapéuticas, entre ellas, el estudio de productos naturales tales como los aceites esenciales (AE). En este estudio se evaluó el efecto del AE de *Lippia origanoides* en la inhibición de las vías biosintéticas involucradas en la formación del *biofilm* de *Salmonella Enteritidis* ATCC 13076 mediante el uso de metabolómica. La metodología para evaluar la formación e inhibición del *biofilm* se realizó en microplacas de poliestireno utilizando concentraciones sub-inhedoras del AE. Los análisis de los extractos metanólicos de células sésiles se realizó mediante Cromatografía Líquida de ultra eficiencia acoplada a espectrometría de masas (UHPLC/HRMS). La matriz de datos obtenida fue sometida a análisis estadístico uni y multivariado, (ANOVA, PCA, OPLS-DA, PLS-DA). La identificación de los metabolitos se llevó a cabo por comparación de espectros de masas con los reportados en bases de datos y literatura. Los resultados mostraron una clara separación de las muestras con y sin tratamiento del AE en el análisis por PCA y PLS-DA. En total, 80 metabolitos fueron identificados de forma presuntiva y se asociaron con los patrones químicos diferenciales entre muestras control y tratamiento; entre ellos, se encuentran algunos aminoácidos, glúcidos, nucleósidos, entre otros. Esta estrategia permitió identificar cambios en la modulación de los metabolitos de las células sésiles al ser tratadas con el AE de *L. origanoides*, asociado con el posible mecanismo de acción del AE que contribuye para futuras investigaciones en el desarrollo de nuevos agentes terapéuticos a base de productos naturales.

Medio ambiente y Enseñanza

C2B20086

Estudio de la actividad enzimática de la ureasa en muestras de suelo en Bogotá

María Ramírez-Riaño^{1*}, Juan Anzola¹, Milena Maya-Hoyos¹, Adriana Umaña-Pérez¹

¹Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia,

*Ponente: marramirezri@unal.edu.co

Las enzimas son un tipo especial de proteínas que se combinan con un sustrato específico y actúan para catalizar una reacción bioquímica. Debido a su naturaleza proteica pueden ser afectadas por factores ambientales como la temperatura y el pH, entre otros. Las enzimas que se encuentran en el suelo y que son producidas por plantas, animales, microorganismos e incluso hongos, son esenciales para la transformación de energía y el ciclo de nutrientes. Entre ellas, la ureasa es una enzima que acelera en cien billones de veces la velocidad de hidrólisis de la urea en amoníaco (NH_3) y dióxido de carbono (CO_2). La urea del suelo puede ser perjudicial para la producción de los cultivos, especialmente cuando se utiliza la técnica de la fertilización de cobertura. De hecho, más del 50% de la N-urea aplicada en la superficie del suelo puede perderse, principalmente por volatilización del NH_3 , reduciendo su eficiencia de fertilización y el desarrollo de las plantas. Considerando la importancia de la ureasa en aplicaciones agrícolas y biomédicas, se planteó como proyecto de laboratorio determinar la actividad ureasa presente en microorganismos provenientes del suelo de tres ubicaciones en Bogotá: el Parque La Florida, un vivero cercano a dicho parque y la Universidad Nacional de Colombia, con miras a proponer una guía de laboratorio que permita afianzar los conceptos sobre actividad enzimática que deben conocer los estudiantes de la carrera de química. Para el desarrollo experimental se colectaron muestras de los suelos y se realizaron cultivos microbianos en medio TSB, y posteriormente se sembraron por estriado en medio TSA para obtener colonias aisladas, las que se cultivaron en medio selectivo de urea para obtener microorganismos con actividad ureasa. Las condiciones óptimas de actividad de la ureasa se determinaron empleando la metodología propuesta por C. Rica et al (2014) para ureasas, basado en el análisis espectrofotométrico del producto de reacción de la urea por medio del método Berthelot. De esta forma, se encontró que la actividad enzimática es óptima en un rango de pH de 5,00 a 7,00 a una temperatura de 37°C. Finalmente, las colonias obtenidas del Parque La Florida mostraron la mayor actividad ureasa, con una concentración de amonio de $167 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$, al igual que la cantidad de proteínas totales, con una concentración de $442 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. En conjunto, los resultados permitieron incluir el presente trabajo como una guía de laboratorio para las prácticas de bioquímica.

Evaluación de un recubrimiento modificado químicamente, para la inhibición de la corrosión inducida por microorganismos (CIM) en aceros

Elizabeth Ruiz^{1*}, Jennifer Ruiz¹, Sergio Blanco¹

¹ Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

*Ponente: ruizeliza0829@gmail.com

La corrosión es un proceso inevitable que afecta una amplia variedad de materiales en diversas industrias, impactando la seguridad y la fiabilidad de las estructuras. Para contrarrestar este problema se han desarrollado recubrimientos tradicionales enfocados en evitar el contacto directo del material con el aire, agua u otros productos químicos. Sin embargo, la morfología estándar de los recubrimientos tradicionales es insuficiente para abordar de manera efectiva la biocorrosión dado que los microorganismos tienden a formar biopelículas sobre los recubrimientos y degradar los materiales. El objetivo de la investigación se centra en la evaluación de la inhibición de la corrosión inducida por microorganismos sobre un acero con recubrimiento modificado que denota propiedades hidrofóbicas.

Como metodología se realizaron recubrimientos a partir de una electrodeposición de níquel sobre acero, seguidos de una oxidación y modificación superficial a partir de una solución de ácido esteárico que aumentan la rugosidad y promueve la repelencia hídrica. Posteriormente, se realizó la caracterización fisicoquímica del recubrimiento a través de microscopía electrónica de barrido, dispersión de rayos X y medición de ángulo de contacto para evaluar hidrofobicidad. Se evaluó su eficacia y estabilidad de protección del recubrimiento modificado con respecto al acero desnudo mediante ensayos electroquímicos. Y su capacidad de protección frente a la CIM se determinó por la cuantificación de pérdida de masa de los cupones sumergidos en un medio de cultivo con la bacteria *Desulfovibrio Vulgaris*.

La modificación superficial del recubrimiento logró un aumento deseado en la rugosidad, lo que contribuye significativamente a la creación de una superficie hidrofóbica. Esto es debido a que proporciona una mayor área superficial y microcavidades que favorece la formación de una capa de aire atrapada en la interfaz, mejorando así la repelencia al agua. A su vez, se estableció un incremento en la resistencia a la corrosión atribuida a la combinación de la hidrofobicidad superficial y la microestructura rugosa. La repelencia al agua evita la acumulación de humedad y, por lo tanto, reduce el potencial de formación de sitios de corrosión, además, crea una barrera física para la adhesión de microorganismos y depósitos reduciendo la actividad biocorrosiva.

Evaluación de las mejores condiciones de reacción para determinar la actividad ureasa de extractos proteicos de *Stenotrophomonas maltophilia*

Claudia M. Rodríguez-López^{1*}, Pedro F. B. Brandão¹

¹Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias, Departamento de Química, Laboratorio de Microbiología Ambiental y Aplicada, Grupo de Estudios para la Remediación y Mitigación de Impactos Negativos al Ambiente (G.E.R.M.I.N.A.), Carrera 30 #45-03, Bogotá, Colombia.

*Ponente: clmrodriguezlo@unal.edu.co

La ureasa (EC 3.5.1.5; urea amidohidrolasa) es una enzima que se encuentra en arqueas, bacterias, eucariotas unicelulares y plantas. Es de importancia a nivel biológico, ya que permite reciclar el nitrógeno presente en la urea, al catalizar la hidrólisis de la urea a amonio y carbamato, que se descompone a una segunda molécula de amonio y bicarbonato. Recientemente, se ha evaluado su potencial aplicación en la biomineralización de metales tóxicos en suelos, mediante el mecanismo EICP (*Enzymatic Induced Carbonate Precipitation*), que consiste en la aplicación de la enzima inmovilizada en suelos, con el fin de inducir la precipitación de estos metales tóxicos como carbonatos, y de esta forma evitar que se bioacumule en plantas de cultivo, para reducir su exposición a los seres humanos. En estudios previos se han encontrado bacterias con alta actividad ureasa, entre las que se encuentra la *Stenotrophomonas maltophilia* 67w. El objetivo de este trabajo fue establecer las mejores condiciones para la evaluación de la actividad ureasa de este microorganismo, variando el buffer usado (fosfato, MOPS, TRIS-HCl, y maleato), la temperatura (30 °C, 37 °C), y adición de calcio (2mM), níquel (2mM) y/o EDTA (7mM). Para ello, se realizó un proceso de lisis mecánica con perlas de vidrio (diámetro 0,5 mm) para obtener un extracto enzimático a partir de cultivos de la cepa 67w. Se prepararon los tubos de reacción adicionando el extracto enzimático a buffer de reacción (pH 7,1) suplementado con urea. Los mejores resultados se obtuvieron con el buffer maleato 50 mM, a una temperatura de 37 °C, encontrado valores de actividad específica de 6,87 μmol urea hidrolizada $\text{mL}^{-1} \text{min}^{-1} \text{mg}$ de proteína⁻¹. En reportes de literatura se observan valores de actividad específica en rangos similares (10,3 a 21,0 μmol urea hidrolizada $\text{mL}^{-1} \text{min}^{-1} \text{mg}$ de proteína⁻¹) para extractos enzimáticos de *Bacillus* spp.. En muestras con adición de calcio o EDTA, no se presentaron cambios significativos en la actividad, mientras que en muestras con adición de níquel se presentó una menor actividad. Estos resultados permiten establecer el protocolo de evaluación de actividad enzimática a seguir en el proceso de extracción y purificación de la enzima ureasa para aplicaciones de biomineralización de metales tóxicos.

Salud Humana y Animal

C2B20025

Identificación de metabolitos secundarios de plantas medicinales que induzcan citotoxicidad con efecto sinérgico con el fármaco doxorubicina sobre células de adenocarcinoma de mama tomando como diana molecular la mitocondria

Mayra Alejandra Carreño Corzo^{1*}, Luís C. Vesga¹, Stelia Carolina Méndez Sánchez^{1,2}

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

²Grupo de Investigación en Compuestos Orgánicos de Interés Medicinal CODEIM, Universidad Industrial de Santander, Piedecuesta, Colombia.

*Ponente: mcarreln@gmail.com

En el 2020 el cáncer de mama ocupó el quinto lugar en mortalidad por cáncer en el mundo con un estimado de 695,000 muertes, siendo la principal causa de muerte en mujeres, razón por la cual es necesaria la búsqueda de nuevos compuestos que ayuden a mitigar los efectos secundarios y la resistencia a fármacos utilizados en los tratamientos ya existentes. Por tal motivo, este proyecto tuvo como objetivo principal, identificar metabolitos secundarios de plantas medicinales que potencialicen el efecto anticanceroso de la doxorubicina en células del carcinoma mamario MCF-7, teniendo como blanco molecular la mitocondria.

Para cumplir con el objetivo, se realizó un cribado de una base de datos de 187 metabolitos, realizándoles un docking molecular, mediante la interfaz Maestro para determinar las posibles interacciones de los metabolitos con los residuos Arg 46, Ser 42 y Ile 30, identificados como importantes por su participación en la unión de inhibidores del complejo II (PDBID: 1ZOY, resolución 2, 4 Å) de la cadena respiratoria mitocondrial. Identificando la quercetina (DS -4,749; EA -39,50 kcal/mol), el timol (DS -2, 451; EA -22,93 kcal/mol), el carvacrol (DS -1, 375; EA -33,00 kcal/mol) y el ácido gálico (DS -2,863; EA -6,49 kcal/mol) como posibles inhibidores de la succinato deshidrogenasa (complejo II) de la mitocondria. Posteriormente, mediante ensayos de citotoxicidad sobre la línea celular MCF-7 y empleando el método MTT, se determinó la concentración del CC50 a las 48 horas de tratamiento para cada uno de los metabolitos seleccionados y el fármaco, cuyos valores fueron 195, 612, 136, 372 y 1,94 µM, para la quercetina, carvacrol, ácido gálico, timol y el fármaco doxorubicina, respectivamente.

Seguido de esto, se realizaron ensayos de citotoxicidad exponiendo las células MCF-7, a mezclas entre los metabolitos y el fármaco con el fin de determinar la interacción farmacológica entre ellos. Seleccionando la mezcla ácido gálico - doxorubicina como la mejor por su efecto en la viabilidad celular. Finalmente se llevaron a cabo ensayos de respiración celular para determinar el efecto de la mezcla sobre la bioenergética mitocondrial, exponiendo las células MCF-7 durante 24 horas a ella, en una concentración del 0,25 CC50 (33,9 µM el ácido gálico y 0,49 µM la doxorubicina).

Los resultados obtenidos indican una disminución de la velocidad de consumo de oxígeno en un 35 y 34 % en el estado basal y el estado leak, respectivamente. A partir de los resultados *in silico*, se sugiere que los compuestos quercetina, ácido gálico, carvacrol y timol podrían inhibir la cadena respiratoria mitocondrial, por posibles interacciones con el complejo II. Mediante los ensayos *in vitro* se determinó que el ácido gálico presenta efecto sinérgico y potencia el efecto de la doxorubicina bajando las concentraciones de la CC50 a 0,25 CC50, además la mezcla ácido gálico - doxorubicina afecta la viabilidad de las células MCF-7, debido a que inhibe dos estados de la respiración celular posiblemente como consecuencia de una alteración en el transporte de electrones.

C2B20034

Establecimiento de un modelo *in vitro* de células similares a *natural killer* de la decidua

Valentina Guevara Prieto^{*1}, Adriana Umaña Pérez¹

¹Grupo de Investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Ponente: vguevarap@unal.edu.co

La implantación del blastocisto es un proceso caracterizado por la comunicación continua entre el trofoblasto y la decidua materna, incluyendo la tolerancia del sistema inmune materno al embrión. Dentro de la decidua las células del sistema inmune representan entre el 40 y 50% durante el embarazo, y de esta población las *natural killer* de la decidua (dNK) constituyen cerca del 70% del total de células inmunes. Se ha visto que la alteración en el balance de las células dNK está relacionada con pérdida recurrente de embarazo y preeclampsia, por lo cual es de interés contar con un modelo de interacción que permita hacer estudios *in-vitro* de la comunicación entre estas poblaciones celulares. En este trabajo buscamos establecer un modelo *in vitro* de células dNK a partir de células NK de sangre periférica (pNK) para determinar cambios en la comunicación celular entre el trofoblasto y las células dNK en respuesta al IGF2. Para esto, se promovió la diferenciación de células pNK aisladas de PMBCs con TGFβ y Aza en condiciones de hipoxia. Se determinaron cambios en los perfiles de expresión de los marcadores de diferenciación CD56, CD16, CD49a, CD158a y CD62L por citometría de flujo y se evaluó la expresión de VEGF-A, HIF1A, IL8, IL10, GM-CSF, TGFβ e IFNγ por RT-qPCR encontrando cambios en las células estimuladas. Se estableció un modelo de células i-dNK *in vitro* a partir de células pNK aisladas de PBMCs, determinado por el aumento en la expresión de marcadores de diferenciación específicos para las dNK como lo son CD49a y CD158a y cambios en la expresión de citoquinas. Medios condicionados de células HTR8/SVneo fueron adicionados a células i-dNK. Se estableció el perfil diferencial de citoquinas por citometría de flujo y qPCR.

C2B20067

Verificación secundaria del protocolo Charite - Berlin implementando el kit Luna para la detección de SARS-CoV-2 en el laboratorio GEBIMOL-EEE de la UPTC en Tunja/Boyacá

Laura Hernandez-Zambrano^{1,2*}, Sindy Buitrago-Puentes^{1,2}, Diego Garzón-Ospina^{1,2}

¹Grupo de investigación en Genética y Biología Molecular (GEBIMOL), Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Tunja, Colombia. ²PGAME - Population Genetics and Molecular Evolution, Fundación Scient, Tunja, Colombia. laura.hernandez13@uptc.edu.co*, sindy.buitrago@uptc.edu.co, diego.garzon04@uptc.edu.co.

*Ponente: laura.hernandez13@uptc.edu.co

La verificación secundaria es un proceso fundamental para validar y respaldar los resultados obtenidos en un estudio o análisis inicial. El objetivo de este estudio fue verificar el desempeño del kit de amplificación Luna Universal Probe One-Step RT-qPCR de New England Biolabs en la detección de SARS-CoV-2. El protocolo se basó en el método "Charité-Berlín" y utilizó el gen de envoltura (E) del virus como blanco molecular y el gen de la RNAsa P humana como control interno. Se evaluaron parámetros como la reproducibilidad, concordancia clínica, sensibilidad y especificidad del protocolo utilizando 89 muestras previamente caracterizadas. Los resultados mostraron un buen desempeño de los controles de calidad internos y los blancos de amplificación, lo que validó el procesamiento. La reproducibilidad de los resultados fue alta, sin diferencias significativas entre los valores Ct de las muestras positivas en las tres repeticiones de la prueba y en comparación con los resultados de referencia. La concordancia entre los datos obtenidos en las réplicas de la PCR y los resultados de referencia fue cercana al 99%, con un índice kappa mayor a 0,9, lo que indica un alto grado de concordancia. La prueba mostró una sensibilidad del 100% y una especificidad del 97% en la detección del SARS-CoV-2. El análisis de la curva ROC demostró una alta capacidad discriminativa de la prueba diagnóstica, con un área bajo la curva de 0,97. En conclusión, la prueba RT-qPCR utilizando el kit Luna Universal Probe One-Step RT-qPCR de New England Biolabs demostró ser altamente reproducible, concordante y con una alta capacidad discriminativa en la detección del SARS-CoV-2. Los resultados confirman que esta prueba cumple con las especificaciones técnicas requeridas para el diagnóstico preciso del virus.

C2B20074

Diseño de péptidos helicales derivados de ACE-2 y evaluación de propiedades estructurales empleando herramientas computacionales

Nicolás Molina Trujillo^{1,2*}, Daniela Benavides-Rubio^{1,2*}, Mauricio Urquiza^{1,2}

¹ Grupo de Investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia. ² Semillero de Bioquímica, Biofísica y Biología Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia.

* Ponente: nmolinat@unal.edu.co, dabenavides@unal.edu.co

La infección del SARS-Cov 2 a las células humanas comienza por la interacción entre la proteína S y el receptor ACE-2. La proteína ACE-2 interactúa a través de una hélice formada entre los residuos del 19 al 39. Esta hélice se puede sintetizar y marcar fluorescente para permitir estudios como detección de anticuerpos neutralizantes e incluso se podría pensar en el tratamiento. Sin embargo, con base a estudios computacionales esta hélice muestra no ser estable como se determinó por dicroísmo circular. **Objetivo:** Diseñar péptidos helicales a través de la secuencia de unión entre el receptor ACE-2 y la proteína S por medio de herramientas computacionales. **Metodología:** Partiendo del péptido original se hicieron cambios en la secuencia, primero se determinó la helicidad teórica por AGADIR, la estabilidad de los sitios de contacto de estos péptidos modificados fue evaluada por medio dinámica molecular, luego se calcularon aproximaciones de la energía la interacción de estos péptidos con la proteína S por medio de docking molecular. Con base a lo anterior, se realizó una selección de los mejores péptidos para su síntesis y ensayos de actividad biológica. **Resultados:** Los cambios en la secuencia no afectaron de forma negativa la interacción, pero sí afectaron la helicidad mejorándola significativamente respecto al péptido original. Se encontró una correlación positiva entre la estabilidad de su estructura y las energías teóricas de interacción. Algunos de los péptidos modificados que mostraron los mejores resultados fueron sintetizados químicamente, purificados y caracterizados; estos péptidos muestran alto porcentaje de helicidad como se demuestra por dicroísmo circular. Estos péptidos con alta afinidad por el receptor mostraron unirse a las nanopartículas pseudovirales producidas *in house* en ensayos *in vitro*. Además, bloquean la interacción del anticuerpo dirigido contra RBD (Dominio de unión de receptor) de la proteína S del SARS-Cov 2. En conclusión, estos péptidos podrían ser usados para estudiar los mecanismos de invasión del SARS-Cov 2 a las células humanas, ayudar en el diseño de fármacos e identificar anticuerpos neutralizantes contra este virus inducidos por la infección natural o por vacunación.

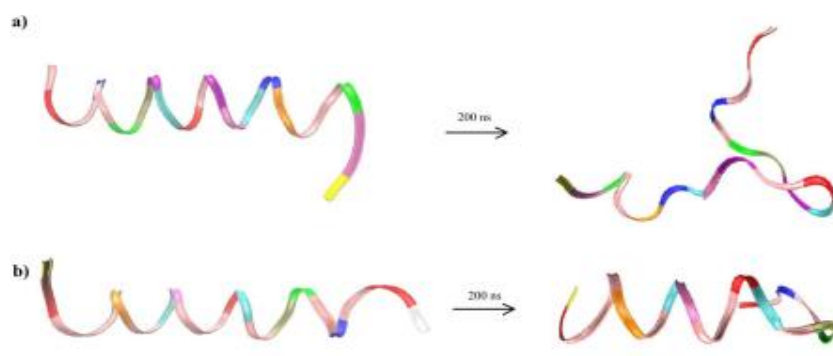


Figura 1. Resultados de la dinámica molecular. (a) péptido original. (b) péptido modificado.

C2B20087

Proteínas de Fase aguda en malaria complicada por *plasmodium vivax*

Miriam E. Cantero Guevara^{1,2*}, María C. Velasco Pareja¹, Yuri J. Pardo Plaza², Sonia Berrocal Almanza¹, Ruddy Rodríguez Humanéz¹, María F. Yasnot Acosta¹

¹Grupo de Investigaciones Microbiológicas y Biomédicas de Córdoba, Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Córdoba, Montería, Colombia, ² Grupo de Biotecnología del departamento de Química, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia

*Ponente: miriamcantero@correo.unicordoba.edu.co

La malaria es una de las principales causas mundiales de morbilidad y mortalidad, muy extendida en las zonas tropicales. En Colombia se ha observado que el departamento de Córdoba es endémico de malaria, representa un promedio de 20% de los casos de malaria en el país. Las complicaciones de la infección por *P. vivax* representan una amenaza para la salud mundial que requiere esfuerzos concentrados para su resolución. Las proteínas de fase aguda juegan un papel importante en la fisiopatología de la malaria. Sin embargo, su significado clínico es incierto. En este estudio se evaluó las alteraciones de la concentración de la proteína C reactiva (PCR), fibrinógeno y albúmina en pacientes con malaria complicada y no complicada por *P. vivax*. Esta investigación fue descriptiva y analítica de corte transversal. Zona de estudio: Tierralta, Córdoba, Colombia. Se incluyeron 28 pacientes con malaria complicado (MC), 23 pacientes con malaria no complicada (MNC) y 25 individuos sanos (CS). La concentración de fibrinógeno se determinó por ELISA, IL-6 por citometría de flujo, la proteína C reactiva por aglutinación de látex en placas de microtitulación y la albúmina se evaluó por espectrofotometría. Se realizó un frotis grueso para calcular la densidad de parásitos. La concentración de fibrinógeno fue mayor en el grupo de pacientes con MC ($3,3 \pm 3,1$ g/L) en comparación con el grupo de CS (2 ± 1 g/L) y MNC ($2,1 \pm 1,2$) g/L. La densidad de parásitos mostró una correlación positiva débil entre el fibrinógeno y la PCR con ($p < 0,05$, $r = 0,595$). La PCR aumentó significativamente ($p < 0,05$) en MC: $39,99 \pm 276$ mg/ml con relación al grupo control ($4,65 \pm 12,04$) mg/ml y la Interleucina 6 también aumentó significativamente ($p < 0,05$) en MC. La concentración de albúmina disminuyó en MC ($3,8 \pm 0,62$ mg/dL) en comparación con MNC. En conclusión, este estudio sugiere que en pacientes con malaria complicada por *Plasmodium vivax*, se induce una mayor producción de fibrinógeno, PCR, e interleucina 6 y una disminución de la concentración de albúmina, los cuales pueden ser útiles para evaluar la gravedad de la enfermedad.

C2B20088

Evaluación de la actividad antimicrobiana de péptidos helicales desarrollados a partir del diseño computacional contra diferentes cepas bacterianas

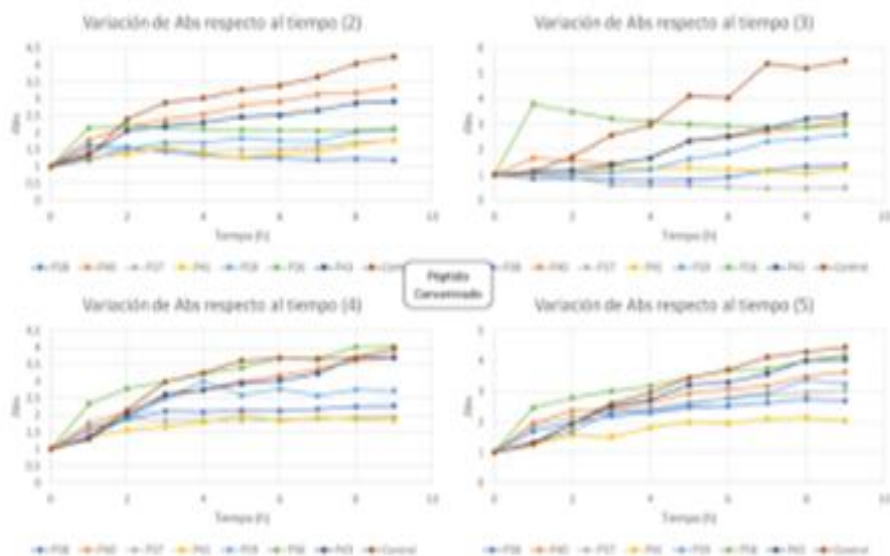
Valentina Martínez Motta^{1,2*}, Natalia Reyes Triviño^{1,2}, Mauricio Urquiza Martínez^{1,2}

¹Grupo de Investigación en Hormonas, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C, Colombia.

²Semillero de investigación en Bioquímica, Biofísica y Biología Celular BBBC, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C, Colombia.

*Ponente: vamartinezm@unal.edu.co

La resistencia a los antimicrobianos es una de las problemáticas más grandes de salud pública en la actualidad. Se estima que más de 10 millones de personas morirán por esta causa para el 2050. Pacientes con dispositivos médicos o tratamientos prolongados son más propensos a contraer infecciones. Un péptido helical con una amplia actividad antibacteriana presenta una hélice que no es muy estable de acuerdo con los resultados de DC. Lo cual podría ser resuelto mediante análisis computacional y se espera que esto mejore su actividad antibacterial. **Objetivo:** Evaluar la actividad antibacterial de péptidos helicales antimicrobianos diseñados a partir del estudio computacional en diferentes cepas bacterianas. **Metodología:** Mediante diseño computacional se buscó mejorar la estabilidad de la hélice del péptido original mediante cambios en las secuencias de aminoácidos. Se utilizó el servidor Agadir y NAMD para predecir la estabilidad y la estructura helicoidal de los péptidos. Se sintetizaron siete péptidos y se evaluó su actividad antimicrobiana mediante ensayos de screening a diferentes concentraciones en distintas cepas bacterianas. **Resultados y discusión:** Mutamos aminoácidos del péptido original para obtener un conjunto de péptidos que se filtraron mediante análisis basado en secuencias con AGADIR. Además, evaluamos la estabilidad de un conjunto más pequeño de péptidos utilizando dinámica molecular con solvente explícito durante 200 ns. Siete de estos péptidos fueron sintetizados, su helicidad fue determinada mediante DC y luego fueron evaluados contra diferentes cepas bacterianas a diferentes concentraciones. Tres de estos péptidos evaluados presentaron una notable actividad antimicrobiana contra *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa* en las concentraciones probadas, con una baja incidencia de hemólisis y sin evidencia de efectos citotóxicos en los fibroblastos.



C2B20089

Efecto del estrés nutricional en la invasividad de cultivos celulares 3D de trofoblasto humano: Caracterización funcional y transcripcional

Mariana Fernández Guataquí¹, Adriana Umaña Pérez^{1*}

¹Grupo de Investigación en Hormonas, Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia – Sede Bogotá.

*Ponente: yaumanap@unal.edu.co

Las células de trofoblasto extraveloso son responsables de la formación de la placenta en el inicio del embarazo, debido a su capacidad de migrar e invadir la decidua materna. La invasión de las células trofoblásticas se relaciona estrechamente con los factores nutricionales presentes en el ambiente extracelular. En cultivos *in vitro* de trofoblasto, se sabe que la privación de suero fetal bovino (SFB) modifica la expresión de proteínas y afecta la proliferación celular, siendo un interesante modelo de estudio de progresión tumoral dadas las similitudes con el comportamiento de las células cancerosas. Aún más cuando se hace crecimiento tridimensional, en donde la disposición de las células en un esferoide genera una mayor interacción entre ellas, y un acceso heterogéneo a nutrientes y oxígeno. En este orden de ideas, este trabajo evaluó la capacidad de invasión de trofoblasto en condiciones de estrés nutricional en cultivos tipo esferoide. Se prepararon esferoides de la línea celular HTR-8/SVneo utilizando la técnica de recubrimiento con agarosa, luego de 72 h se condicionaron con Medio Completo (RPMI + SFB 10%), Medio Incompleto (RPMI) o Medio Incompleto + BSA (RPMI + BSA 5%). Se recogieron los esferoides a 0, 24, 48 y 72 horas, para medir la expresión relativa de los genes TIMP-1/2, MMP-2/9, PLAU y Ki67 mediante qPCR. Se incluyeron los genes de referencia 18S y β -Actina. Se valoró la capacidad invasiva de las células colocando un esferoide por cada tratamiento sobre una matriz extracelular (Geltrex®), se hizo seguimiento cada 24h tras incubación con cada uno de los medios descritos previamente. La caracterización transcripcional mostró que los esferoides cultivados en Medio Incompleto presentaron una mayor expresión de MMP-2, mientras que los esferoides que crecieron en Medio Completo presentaron una mayor expresión de TIMP-1, PLAU y Ki67. Estos resultados están acordes con lo encontrado en el ensayo de invasión, en el cual los esferoides cultivados en Medio Completo no mostraron una capacidad invasiva. Considerando lo expuesto previamente, se sugiere que, a mayor estrés nutricional, tienen mayor tendencia a invadir las células de HTR-8/SVneo.

C2B20091

Diagnóstico de Leucosis viral bovina empleando la técnica de PCR digital vs Elisa, para una población de bovinos de Antioquia y Cundinamarca en Colombia

Diego Ortiz Ortega¹, Jorge Guillermo Noriega Marquez², Jahir Oswaldo Vargas Domínguez¹, Yolanda Gómez Vargas¹, Sylvana Alejandra Isidro Miranda¹

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - AGROSAVIA. Centro de Investigación Tibaitatá, Mosquera-Cundinamarca, Colombia. ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, AGROSAVIA. Centro de Investigación El Nus, San Roque, Antioquia, Colombia.

*Ponente: sisidro@agrosavia.co

Colombia cuenta con la presencia de enfermedades de gran relevancia en los sistemas de producción bovina, como es la Leucosis viral bovina (BLV) y que alcanza una prevalencia de 62% en hembras en el 92% de los hatos evaluados; para el diagnóstico de la enfermedad se han utilizado principalmente metodologías como ELISA, cuyos resultados pueden arrojar falsos negativos en el diagnóstico. Técnicas más especializadas como la PCR digital (ddPCR) permite detectar y cuantificar el virus en etapas tempranas con mayor sensibilidad y especificidad a diferencia de las técnicas como Elisa ya que son pruebas indirectas que no identifican el ADN del patógeno de interés. Realizar el diagnóstico de BLV mediante ddPCR a partir de ADN extraído de sangre bovina. La extracción de ADN se realizó con kit UltraClean® Blood DNA; el ADN obtenido se cuantificó mediante el Nanodrop 2000. Los primers y la sonda fueron diseñados con el programa Blast primer. Se realizó la ddPCR (PCR digital), utilizando controles positivos, negativos y NTC; el número de eventos positivos obtenidos se analizó con el software QuantaSoft v.1.7.4; Bio-Rad. La técnica de ELISA se realizó con el kit INGEZIM BLV COMPAC 2.0. Se extrajeron 1218 ADN y los resultados de concentración y calidad fueron óptimos para el proceso. El 23,31% (284) de las muestras amplificadas por ddPCR fueron positivas y el 76,68% (934) fueron negativas a la enfermedad, con un porcentaje de confiabilidad del 95%; por otra parte, el 14,5% (177) de las muestras analizadas con ELISA fueron positivas y el 85,4% (1041) fueron negativas. Al combinar las dos pruebas en serie se obtiene una reducción de los falsos negativos, presentado una especificidad del 100,0% y una sensibilidad del 96,0%. La técnica ddPCR es una herramienta prometedora para el diagnóstico de BLV en muestras de ADN extraídas de sangre, ya que se detectan cargas virales bajas, lo que permite un diagnóstico oportuno.

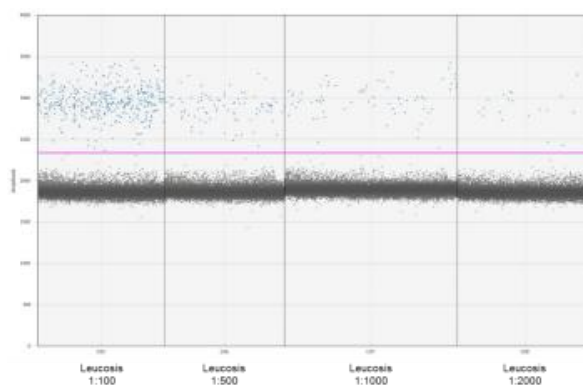


Figura 1: Comportamiento gotas amplificadas del control positivo en diluciones seriadas a una temperatura de anillamiento de 63,5°C

Evaluación *in vitro* de los ácidos octanoico y decanoico como tratamiento para el cáncer de glioblastoma

Mónica Losada Barragán¹, Dayana Katherine García Daza^{1*}

¹ Biología Celular y Funcional e Ingeniería de Moléculas, Departamento de Biología, Universidad Antonio Nariño, Sede Bogotá D.C, Colombia

*Ponente: dagarcia79@uan.edu.co

El glioblastoma es el tumor más agresivo y maligno del cerebro, con una tasa de supervivencia no mayor a los 12 meses. En la actualidad se ha evidenciado resistencia a los tratamientos, por lo que hay una necesidad de explorar terapias adyuvantes de los ya existentes. Entre los que se encuentra la dieta cetogénica a base de ácidos grasos libres de cadena media que ha demostrado propiedades antiangiogénicas, antiinflamatorias y proapoptóticas en diversas enfermedades. En este estudio se evaluó la proliferación celular, el estrés oxidativo, y la expresión relativa de los genes tumorales *PTEN*, *CCND3*, *HIF 1α* y *BCL2* en las células T98G después de la adición de ácido octanoico y decanoico durante 3 días. Se encontró una reducción en la proliferación celular, en los niveles de superóxido y especies reactivas de oxígeno tanto en células tratadas con ácido octanoico como con ácido decanoico. Además, se evidenció una reducción de *BCL2* en células con ácido decanoico y un aumento en la expresión de *PTEN* con ácido octanoico bajo en glucosa lo que sugiere una recuperación en el control de muerte celular. El estudio demuestra el uso potencial *in vitro* de los ácidos grasos de cadena media como terapia adyuvante.

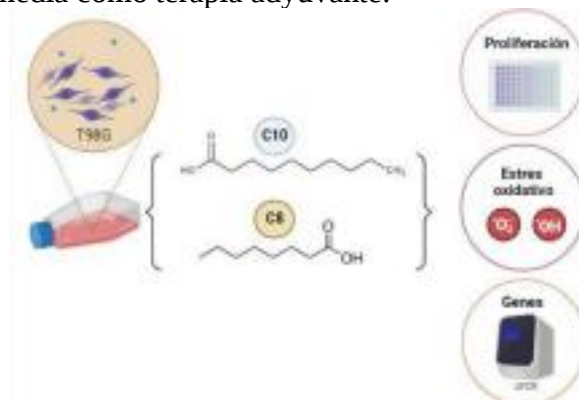


Figura 1. Efecto del ácido decanoico y ácido octanoico en el metabolismo energético de células de glioblastoma *in vitro*

Estudio *in silico* e *in vivo* de metabolitos secundarios de plantas con acción inhibitoria sobre proteínas de la cadena respiratoria mitocondrial y la acetilcolinesterasa de *Rhipicephalus microplus*

Bethsy Alfonso-Nuñez^{1,2*}, Andrés Felipe Cabezas-Cárdenas^{1,2}, Gloria Stefany Avendaño-Mora^{1,2}, Luis C Vesga¹, Stelia Carolina Mendez-Sanchez¹, Jonny Edward Duque Luna²

¹Grupo de Investigación en Bioquímica y Microbiología GIBIM, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ²Centro de Investigación en enfermedades tropicales CINTROP, Universidad Industrial de Santander

*Ponente: bethsy23alfonso@hotmail.com

Las garrapatas son ectoparásitos que generan pérdidas económicas (en Colombia, se estiman cerca de \$168 millones de dólares) en la ganadería entre ellos la especie *Rhipicephalus microplus* que transmiten las enfermedades de babesiosis y anaplasmosis que causan pérdida de peso, infecciones en la piel, disminución en la producción de leche, anemia y muerte en bovinos. Dentro de los diferentes métodos de control, el más usado contra este ácaro es el químico, basado en compuestos sintéticos como lactonas, organofosforados y piretroides. Sin embargo, las garrapatas adquieren resistencia a estos compuestos rápidamente y poco se conoce de su mecanismo de acción. Con el objetivo de buscar moléculas de origen natural con eficacia comparada a las moléculas sintéticas, con especificidad en este organismo, se realizó un estudio de acoplamiento molecular con metabolitos secundarios, usando como diana farmacológica subunidades de los primeros cuatro (4) complejos respiratorios de la cadena respiratoria mitocondrial (CRM) y la acetilcolinesterasa (AChE) (Tabla 1). Para esto, se obtuvieron modelos de homología en *AlphaFold* para las proteínas de interés, se prepararon proteínas y ligandos usando *Protein Preparation Wizard*, *Ligprep* y un campo de fuerza OPLS3e en *Maestro de Schrödinger*. Adicionalmente, se predijo el sitio drogable con *Site Map* y *Receptor Grid generation*. El Docking molecular se realizó con el módulo *Glide* bajo los criterios de precisión estándar (SP) y extra-precisión (XP). Finalmente se examinó el cumplimiento de las propiedades ADME (absorción, distribución, metabolismo y excreción) y mediante inspección visual se seleccionaron aquellos metabolitos con interacciones *Docking score* y energía de afinidad más favorables. El análisis *in vivo* se llevó a cabo por medio de la metodología de “*paquete de larvas*” con algunas modificaciones, donde se usaron 15 individuos por replica y se depositaron en “*vasos de larvas*” que contenían soluciones de 100, 350 y 1000 ppm para naringenina, carvacrol, ácido gálico y quercetina impregnados en papel de filtro. Se realizaron 4 réplicas por día, durante 3 días diferentes para cada concentración, contando larvas vivas y muertas cada 24, 48 y 72 horas para cada réplica. Del proceso *in silico* se encontraron 16 posibles metabolitos con interacción en diferentes complejos de CRM y la AChE (Tabla 1), los cuales pertenecen a los siguientes grupos funcionales: polifenoles, flavonoides, flavonas, terpenos, taninos, terpinenos y alilbencenos. Los valores obtenidos de *Docking score* para los metabolitos seleccionados van desde -3.703 a -29.090 y las energías de afinidad van desde -4.20 a -54.93 kcal/mol (Tabla 1).

Del análisis *in vivo* se encontró que el carvacrol presentó el mayor porcentaje de mortalidad, siendo 13.54% a 100 ppm, 14.65% a 350 ppm, 60,00% a 1000 ppm para 24, 48 y 72 horas respectivamente.

Tabla 1. Posibles metabolitos que inhiben CR y AChE en *Rhipicephalus microplus*.

Complejo de la CRM	Subunidad protéica o enzima	Posible molécula inhibidora de CR y AChE	Docking score	Energía de afinidad Kcal/mol
I	NAD4-ubiquinona oxidoreductasa	Ácido gálico	-4.597	-25.51
		Quercetina	-29.090	-4.56
		Epicatequina	-5.239	-44.20
		Harman	-34.050	-4.42
		Ácido 3,4-dihidroxifenilacético	-21.450	-4.20
II	Subunidad de hierro-azufre, mitocondrial	Ácido gálico	-5.397	-43.95
		Quercetina	-6.683	-45.06
		Naringenina	-5.134	-44.98
		Epicatequina	-8.136	-54.93
		Eriodictol	-6.380	-47.40
III	Citocromo b-c1, Rieske, mitocondrial	Ácido gálico	-3.888	-21.74
		Quercetina	-4.837	-35.81
		Naringenina	-6.045	-33.19
		Carvacrol	-4.180	-28.74
		Epicatequina	-4.099	-33.24
IV	COX1 Subunidad 1	Eriodictol	-4.223	-31.31
		Limoneno	-4.504	-21.27
		Linalool	-4.398	-30.16
		Eugenol	-4.356	-29.16
		Geraniol	-3.770	-25.72
		Citral	-3.703	-28.96
		Ácido caféico	-5.010	-27.67
		Ácido 3,4-dihidroxifenilacético	-7.602	-36.63
		D-limoneno	-4.504	-21.27
		Gamma-terpineno	-4.146	-17.91
AChE	AChE2	Carvacrol	-3.749	-28.45
		Ácido gálico	-4.341	-7.41
		Quercetina	-6.559	-32.45
		Naringenina	-5.161	-24.91
		Epicatequina	-6.460	-26.84
		Eriodictol	-5.457	-30.88

C2B20110

La implementación del Reactivo Desnaturalizante mejora la detección de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR simple en muestras de saliva individuales y multiplex en muestras de saliva agrupadas

Nathaniel A. Navarro-Barón^{1,2,*}, Cristian E. Cadena-Caballero^{1,2}, Lina M. Vera-Cala³, Carlos Barrios Hernandez^{2,4}, Francisco Martinez-Perez^{1,2,4}

¹Laboratorio de Genómica Celular y Aplicada (LGCA), Facultad de Ciencias, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ²Grupo de Investigación en Cómputo Avanzado y a Gran Escala (CAGE), Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia. ³Grupo de Investigación en Demografía, Salud Pública y Sistemas de Salud (GUINDESS), Facultad de Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

⁴Centro de Supercomputación y Cálculo Científico de la Universidad Industrial de Santander (SC3UIS), Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.

*Ponente: nathanielalejandron@gmail.com

El SARS-CoV-2 causa infecciones respiratorias en seres humanos y ocasiono la pandemia denominada COVID-19 la cual ocasiono al menos 768 millones de contagios y cerca de 7 millones de muertes. Desde su inicio, se implementaron diferentes métodos para identificación y diagnóstico del virus. Entre los más destacados se encuentran: “El Protocolo de Berlín” de la OMS y el Protocolo desarrollado por el Centro para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC) de los Estados Unidos; los cuales, se basaron en la prueba estándar de oro la Reacción en Cadena de la Polimerasa con Transcriptasa Inversa en tiempo Real de un Paso (RT-qPCR) en muestras de ARN purificadas de hisopado nasofaríngeo. Sin embargo, debido a la formación de estructuras tallo burbujas, la alta tasa mutacional del virus y la aparición de nuevas variantes, se disminuye en ocasiones la efectividad de la reacción, produciéndose un resultado falso negativo y por ende un diagnóstico incorrecto. En consecuencia, se han explorado otros métodos de identificación viral como el uso de RT-qPCR en muestras saliva individuales o agrupadas, los cuales, se ha demostrado que son: menos invasivas con el paciente, disminuyen los costos operativos, permiten el manejo de muestras y su vigilancia en lugares con alta aglomeración como empresas, colegios u hospitales. Para dar una solución en un principio se realizó la inclusión de una Solución Desnaturalizante de estructuras de ácidos nucleicos (SD) compuesta de Dimetilsulfóxido (DMSO) y Cloruro de Tetraetilamonio (TEAC), la cual mejoró el rendimiento en las RT-qPCR en muestras de hisopado nasofaríngeo, pero no se ha comparado su rendimiento en muestras de saliva individuales y agrupadas en multiplex. Para ello, se analizó el patrón de hibridación de los cebadores/sondas de N1-N2 del sistema de detección desarrollado por el CDC, con respecto a las secuencias consenso de las variantes Alfa, Beta, Delta, Gamma, GH490R, Lambda, Mu y Omicron de SARS-CoV-2 descargadas para el año 2021. Los resultados preliminares indican una mejora en la señal de amplificación. Su comparación, ventajas y beneficios a la salud pública respecto a las muestras de hisopado nasofaríngeo son discutidas.

C2B20115

Análisis de la variabilidad en la longitud telomérica de pacientes con enfermedad cardiovascular, sometidos a un programa de ejercicio físico en un centro médico de la ciudad de Barranquilla

Raúl Enrique Espinosa-Otálora^{1*}, Jorge Alonso Leyva^{1,2}, Mirary Mantilla³, Miguel Urina³, José Fernando Torres^{1,2}

¹Maestría en Genética. Universidad Simón Bolívar, Barranquilla. ²Facultad de Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla ³Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla

*Ponente: raul.espinosa@unisimon.edu.co

Las Enfermedades Cardiovasculares (ECV), son la principal causa de mortalidad en Colombia y a nivel mundial. Su desarrollo se relaciona con diversos factores de riesgo ambientales, metabólicos y genéticos; encontrándose en los últimos, biomarcadores como la longitud del telómero (LT), con potencial para predecir el riesgo de ECV. La actividad física (AF) es un protocolo recomendado en pacientes con este tipo de patologías, y es asociada con un efecto protector sobre la LT, aunque se desconoce la relación causa-efecto entre estos factores. En este trabajo se analizó el efecto de un programa de ejercicio sobre la Longitud de Telómero en pacientes diagnosticados con ECV. Para ello, se realizó una valoración por cardiología para verificar que los pacientes cumplieran con los criterios de inclusión, a cada uno se le analizó la LT usando el método de qPCR en tiempo real, por triplicado, donde fue usado el gen 36B4 como referencia, y se realizó curva de calibración de diluciones seriadas de oligómeros de tamaño conocido, para calcular la LT absoluta (aTL). Los datos fueron analizados usando la prueba de Wilcoxon en el software estadístico IBM-SPSS 29.0. Este estudio incluyó 30 pacientes diagnosticados con ECV que cumplieran con los criterios de inclusión, a los cuales se les tomó muestra de sangre venosa antes y después de ser sometidos a un protocolo de ejercicio físico de entrenamiento de fuerza muscular y capacidad aeróbica por 3 meses. Los resultados muestran aTL mayores en un 28,4% en los pacientes, posterior al programa de ejercicio, aunque no existe una diferencia significativa entre las aTL pre y post intervención. Estos resultados nos muestran un posible efecto de mantenimiento de la LT debido al programa de ejercicio; aunque éste puede estar influenciado a su vez, por factores no analizados, como la dieta y la duración de la intervención, los cuales pueden actuar como factores de protección adicional; por tal motivo no es posible relacionar la AF con un efecto de mantenimiento del telómero en pacientes con ECV, y se hace necesario realizar un trabajo con un protocolo que incluya mayor tiempo y supervisión de las otras posibles variables protectoras.

Evidencias experimentales sobre el posible papel de las proteínas ubicadas en el Compartimiento Exportador de Proteínas de *Plasmodium* spp. en el desarrollo de formas sexuales de otros hemoparásitos del orden *Haemosporidia*

Daniel Alejandro Cubillos Rojas¹, Sebastián Villamizar Castellanos^{1*}, Mark F. Wiser^{1, 2}, Natalia Corredor Cruz^{1, 3}, Gladys Thalia Cortes Cantin¹

¹Grupo de Investigación de Biología Celular, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Colombia,

²Tulane University School of Public Health, New Orleans LA, USA ³, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia

*Ponente: svillamizarc@unal.edu.co

Encontramos la primera proteína residente del denominado Comportamiento Exportador de Proteínas de *Plasmodium falciparum*, denominado PEC, la cual se identificó como el homólogo de HSP70-2; PfHSP70-2. Usando también anticuerpos monoclonales se identificó PlasWD40-1. Hay otras proteínas localizadas en el PEC que aún no hemos identificado como Pf22/44 kDa reconocida por el anticuerpo monoclonal 134. Estudios preliminares mostraron mediante fluorescencia y anticuerpos monoclonales, proteínas expresadas en el compartimiento PEC de eritrocitos infectados con *Plasmodium falciparum* del ciclo asexual. Nos preguntamos si hay una estructura semejante o asociada al PEC y cuáles son sus características en las formas sexuales tomando cómo modelo otros hemoparásitos, del orden *Hemosporidia* y si esto podría o no estar relacionado con modificaciones que realizan los hemoparásitos en sus células hospederas. El interés en este trabajo es, determinar la presencia de proteínas del PEC expresadas en sangre infectada con *Haemoproteus colombae* en formas sexuales del parásito. Se usó el modelo animal de infección establecido que es el *Haemoproteus columbae* con su hospedero vertebrado, la paloma *Columba livia* y el vector que es el *Pseudolynchia canariensis* con el valioso apoyo del grupo caracterización genética e inmunología de Biología. Las muestras de formas sexuales se obtuvieron de cultivos in vitro, a partir de gametocitos en proceso de exflagelación y se realizaron ensayos de localización preliminar por fluorescencia con antígenos fijados a láminas, se usaron principalmente anticuerpos monoclonales como el AcM7 y el AcM134. Se encontró por primera vez, que los anticuerpos que reconocen proteínas del PEC también reaccionan con formas sexuales en sangre de fauna silvestre infectada con parásitos del orden *Haemosporidia*. El hallazgo de las proteínas del denominado PEC expresadas en eritrocitos infectados con otros *Haemosporidia* son evidencias del reconocimiento de proteínas del PEC en formas sexuales lo que permitirá abordar el estudio experimental de la fase sexual de los *Plasmodium* spp. y ayudará a caracterizar este modelo de cultivos in vitro, a partir de gametocitos en proceso de exflagelación para entender acerca de la gametocito génesis en los parásitos del género *Plasmodium* que aún alberga muchos vacíos del conocimiento y posiblemente, también aplicará para estudios de biodiversidad.

Effect of UVB ultraviolet radiation on the aggregation mechanism of H β B2 crystallin

Vanesa Ramírez Bello^{*1}, Carlos Amero-Tello²

¹Grupo de Investigación en producción, sanidad en veterinaria y zootecnia. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Fundación Universitaria San Martín Bogotá D.C. Colombia. ²Centro de Investigaciones Químicas. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Cuernavaca – Morelos. México.

*Ponente: vanesa.ramirez@sanmartin.edu.co

The aggregation of $\beta\gamma$ -crystallins stands as the primary factor in cataract formation, a leading global cause of blindness. Notably, Type B ultraviolet (UVB) radiation emerges as a significant risk contributor to cataract development. Human β B2 crystallin (H β B2) exhibits high concentrations within the lens and is linked to cataract progression. Recognizing the gradual, kinetic nature of cataract formation where protein damage accumulates, this study examines the impact of short-term UVB exposure on H β B2 unfolding and aggregation. Conducted over a 12-hour timeframe and employing varied spectroscopic techniques—such as turbidimetry, dynamic light scattering, intrinsic, and extrinsic fluorescence—the results demonstrate that brief UVB exposure prompts H β B2 aggregation. Furthermore, shifts in tryptophan's chemical surroundings, potential tryptophan oxidation, and exposure of H β B2's hydrophobic residues were observed. These findings suggest a partial unfolding of H β B2, revealing hydrophobic residues leading to its aggregation. Subsequently, diverse-sized aggregates form, precipitating and causing the H β B2 solution to become opaque. Leveraging the techniques' insights, aggregation models are proposed to illuminate cataract pathophysiology and explore potential preventative measures.

Análisis del mitogenoma del parásito nematodo *Diectophyme renale* obtenido por tecnología de secuenciación de tercera generación Oxford nanopore

Natalia Macchiaroli¹, Inés Sananez¹, Lucas Arce, Gisela Franchini², Laura Kamenetzky^{1*}

¹Instituto de Biociencias, Biotecnología y Biología Traslacional (iB3), Departamento de Fisiología y Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina. ²Instituto de Investigaciones Bioquímicas de La Plata "Profesor Doctor Rodolfo R. Brenner" (INIBIOLP), Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina.

*Ponente: lauka@fbmc.fcen.uba.ar

Diectophyme renale, conocido como el gusano gigante de riñón, es el nematodo parásito más grande de los vertebrados terrestres descrito hasta el momento y afecta a animales domésticos, animales silvestres -algunos amenazados - y a los seres humanos. *D. renale* pertenece al Clado I, el cual incluye otros nematodos parásitos más estudiados como los del género *Trichuris* y *Trichinella*. Sin embargo, no se cuenta con información genómica para *D. renale*. El objetivo de este trabajo fue secuenciar el genoma mitocondrial de *D. renale* mediante la tecnología de Oxford Nanopore (ONT). Para ello, se extrajo ADN total de alto peso molecular a partir de un gusano adulto. Se construyó una biblioteca de secuenciación y se sembró en la *flow cell* (R10.4.1) de la plataforma MinION para secuenciación por nanoporos presente en Buenos Aires, Argentina. Se realizó el análisis bioinformático de los datos obtenidos. El mismo incluyó asignación de bases (Guppy SUP, *basecalling*), filtrado por calidad y longitud (NanoPlot) y ensamblado *De Novo* (flye). A partir de 432.429 lecturas largas (1,79 Gb de bases totales) con un N50 de 8,35 kb, ensamblamos un genoma mitocondrial preliminar de 20 Kb. En el genoma identificamos al gen mitocondrial *cox1* con un 97% de identidad a una secuencia reportada previamente para *D. renale* por nuestro grupo obtenida mediante secuenciación por Sanger. El análisis de la información genómica generada para *D. renale* contribuirá a la identificación de genes esenciales y marcadores moleculares, como así también al conocimiento de la biología de un organismo perteneciente a una categoría taxonómica subrepresentada en las bases de datos públicas.

C2B20134

Expression levels of *FMR1* potential microRNA regulators, during follicular development in the rat

Marina Luz Ingravidi¹, Liliana Dain^{1,2}, Laura Kamenetzky^{1*}, Ianina Ferder¹

¹Instituto de Biociencias, Biotecnología y Biología translacional, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ²Centro Nacional de Genética Médica, Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud, Buenos Aires, Argentina

*Ponente: lauka@fbmc.fcen.uba.ar

The *FMR1* gene is located on the X chromosome and is implicated in various genetic disorders, including Fragile X-Associated Primary Ovarian Insufficiency. Numerous investigations have shown dysregulated microRNA (miRNA) expression in patients affected by Fragile X-associated diseases, and several miRNAs were identified as potential regulators of *FMR1* expression. In previous bioinformatic studies conducted by our group, we selected two miRNAs, miR-92a-3p and miR-19b-3p, that are highly expressed in the rat's ovary and are good candidates to bind to *Fmr1*. This study aims to validate the expression profiles of these two miRNAs during folliculogenesis using a rat model of follicular development. Real-time quantitative PCRs were conducted using isolated RNA from rat ovaries enriched in three types of follicles: preantral follicles (from prepubertal rats), early antral follicles (induced by DES), and preovulatory follicles (induced by PMSG). For each stage of follicular development, ovaries from 10 to 30 rats were randomly assigned to at least four different pools. Expression levels of each miRNA were normalized to U6. Additionally, quantification of *Fmr1* expression was performed across the same follicular stages. Statistical analysis was performed using fgStatistics. The preantral stage of follicular development was considered the "control" stage and expression of the miRNAs and of *Fmr1* in early antral and preovulatory follicles was compared to that "control". Our results showed a threefold upregulation (p-value<0.05) in the expression of miR-92a-3p in the early antral follicles compared to preantral follicles (figure a, 2). *Fmr1* levels were decreased in preovulatory follicles (0.38-fold, p-value<0.05) when compared to the preantral stage (figure a, 1). We also compared the expression between early antral and preovulatory stages (not shown) and found that miR-92a-3p, miR-19b-3p and *Fmr1* showed an increased expression in the early antral follicles (3-fold, 3.45-fold, and 2-fold respectively, p-value<0.05). In conclusion, we found differential expression of our candidate miRNAs during folliculogenesis that could indicate a role for these miRNAs in the regulation of this process. Future studies will be conducted to increase the number of ovaries and to analyze *in vitro* the binding of these miRNAs to the 3'UTR of *Fmr1*.

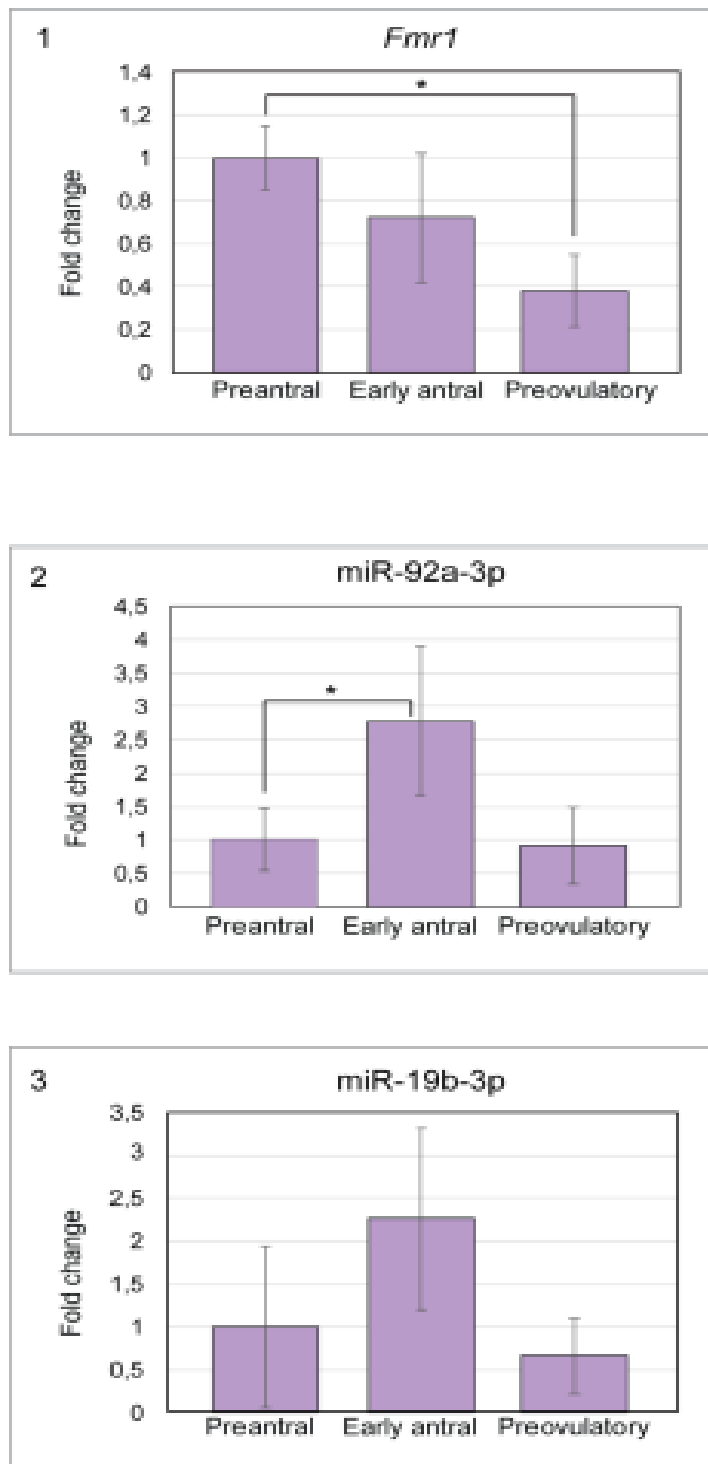


Figure 1. Differential expression (fold change) of *Fmr1* and both miRNAs in the different folliculogenesis stages with their respective starred errors. The asterisk indicates a significant difference in expression between the two stages (p-value<0.05).

C2B20146

Evaluación de la capacidad pro cicatrizante del Eugenol en modelos *in silico*, *in vitro* e *in vivo*

Omar Casadiego^{1*}, Oscar Macias¹, Elkin Sanabria², Guillermina Guzmán³, Patricia Escobar¹

¹CINTROP-UIS, ²Universidad de Pamplona, ³Hospital Infantil de México Federico Gómez, México.

*Ponente: o.casadiego@hotmail.com

La piel es crucial para la protección del cuerpo. Su alteración ocasiona un proceso de cicatrización con fases inflamatorias, proliferativas y de remodelación. Los compuestos naturales de plantas tienen efectos cicatrizantes por su actividad antiinflamatoria y antioxidante. En este trabajo, se usaron métodos computacionales, pruebas en células y ratones para evaluar metabolitos. **Objetivo:** evaluar la capacidad cicatrizante del Eugenol *in silico*, *in vitro* e *in vivo*. **Metodología:** El docking molecular se realizó en el software libre AutoDock 4 y dinámicas en el software GROMACS. Se determinó la citotoxicidad mediante ensayo de cuantificación de la viabilidad celular por reducción de la resazurina en líneas celulares. La migración celular fue efectuada mediante ensayo de scratch. La capacidad pro cicatrizante se cuantificó en un modelo de ratones BALB/c. Se realizaron tinciones histológicas. **Resultados:** La evaluación *in silico* arrojó interacciones entre el Eugenol y el TNF-alfa, Il-6, VEGFR1 y MMP-3. A una concentración de 300 µg/ml no mostró citotoxicidad en células. No se produjo estimulación de la proliferación / migración celular en ensayo de Scratch en las líneas celulares a las concentraciones evaluadas. No se presentaron diferencias significativas en la evolución de las lesiones durante los 15 días de seguimiento en comparación con el control sin tratamiento, pero si para los ratones tratados con fitoestimulina. El infiltrado inflamatorio fue inferior en los tejidos tratados con fitoestimulina y eugenol en comparación con el control, mientras que los depósitos de colágeno fueron superiores en los grupos tratados tanto con eugenol como con fitoestimulina. **Conclusión:** El eugenol se presenta como un compuesto con actividad sobre la infiltración inflamatoria y el depósito de colágeno en tejidos lesionados, no citotóxico en las líneas celulares evaluadas, postulándose como un candidato interesante para su evaluación en otros modelos pre clínicos como los modelos de cicatrización en roedores diabéticos.

Astragalina e isoquercetina presentes en la granadilla como potencial terapéutico en el tratamiento de la Diabetes Mellitus Tipo II

Diana Rey^{1*}, Sandra M. Echeverry¹, Ivonne H. Valderrama¹, Ingrid A. Rodriguez¹, Luis F. Ospina¹, Marcela Aragón¹ y Fátima Regina Mena Barreto Silva².

¹Grupo de investigación: Principios bioactivos de plantas medicinales, Departamento de Farmacia, Universidad Nacional de Colombia. Av. Carrera 30 # 45-03 Edif. 450, Bogotá, Código postal: 111321, Colombia. ²Grupo de investigación: Laboratório de Hormônios & Transdução de Sinais, Departamento de Bioquímica - Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Rua João Pio Duarte Silva, 241, sala G301. Campus Universitário, Bairro Córrego Grande. Florianópolis CEP: 88037-000, SC, Brasil

*Ponente: dpreyp@unal.edu.co

Se realizó la preparación tanto del extracto acuoso como de la fracción etanólica de hojas de *Passiflora ligularis* (granadilla), luego, se cuantificaron los flavonoides presentes en tanto en estos dos, mediante cromatografía líquida de alta resolución (CLAR), en un sistema LC Agilent 1260 Infinity acoplado a un detector de matriz de diodos (DAD). En ratas normoglicémicas se efectuó un Test de Tolerancia Oral a Glucosa (TTOG) para determinar el efecto antihiperlipémico y el contenido de glucógeno hepático y muscular de diferentes dosis de la fracción etanólica, por último, se evaluó el efecto y el posible mecanismo de acción de la isoquercetina y astragalina en la captación de glucosa en músculo sóleo aislado y en el aumento de la secreción de insulina en islotes β -pancreáticos aislados. El análisis fitoquímico demostró la presencia de flavonoides, mayoritariamente isoquercetina, astragalina, los cuales se presentan en mayor proporción en la fracción etanólica. En el test de tolerancia oral a glucosa (TTOG) en ratas normoglicémicas se observó que, tanto el extracto acuoso como la fracción etanólica de hojas de granadilla (125 mg/Kg o 500 mg/Kg) redujeron la glicemia y aumentaron el contenido de glucógeno hepático y muscular. La isoquercetina, uno de sus metabolitos mayoritarios, reguló el efecto estimulante sobre la captación de glucosa independientemente de la activación del receptor de insulina, pero se evidenció que lo realiza por medio de las vías PI3K, MAPK, MEK/ERK y la síntesis de proteínas que regulan la traslocación de GLUT-4. Con respecto a la astragalina, se determinó que 10 mg/Kg disminuyeron la glicemia y aumentó significativamente la secreción de insulina a los 15 a 180 min, respectivamente, en el TTOG. En células pancreáticas aisladas, 100 μ M de astragalina estimuló la entrada de calcio a través de un mecanismo que involucra canales de potasio dependientes de ATP, canales de calcio dependientes de voltaje tipo L, la ATPasa transportadora de calcio del retículo sarcoendoplásmico (SERCA), PKC y PKA. La isoquercetina y astragalina, tienen un efecto insulinomimético y secretagogo de insulina respectivamente, por lo que serían útiles como coadyuvantes en el tratamiento o la prevención de la diabetes mellitus tipo 2.

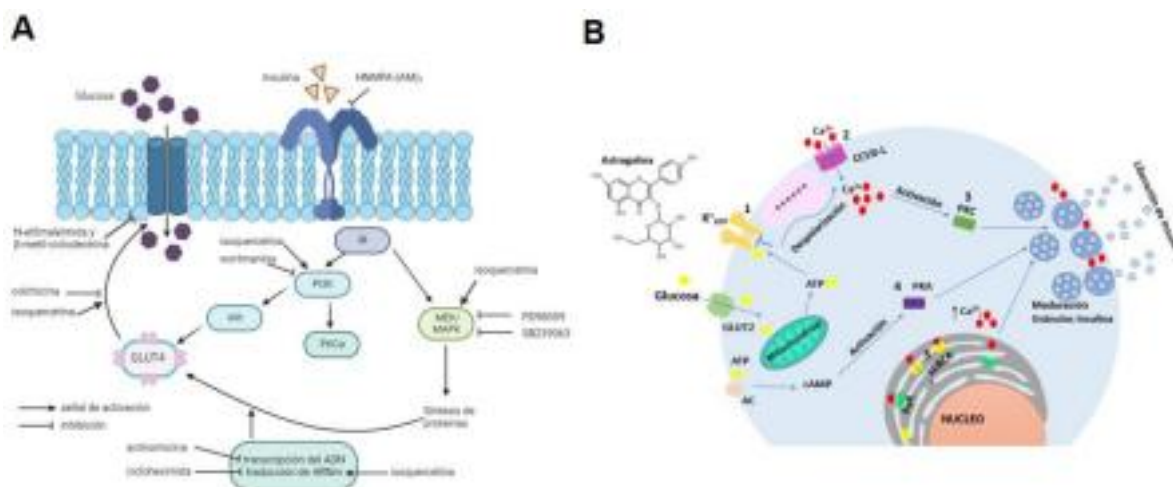


Figura 1. (A) Vías de señalización que utiliza la isoquercetina para la captación de la glucosa en el músculo sóleo y (B) Propuesta del mecanismo de acción de la astragalina sobre el efecto estimulador de la entrada de calcio y la secreción de insulina.

C2B20152

Generación de un modelo 3D de pulmón para evaluación personalizada de inmunoterapias

Luz D Gutierrez-Castañeda^{1*}, Gelen Ruiz¹, Xiomara Clavijo², Ruby Rosero-Calderón¹,
Jonathan Carvajal¹, Lilian Torres¹, Gustavo Salguero²

¹Grupo de Ciencias Básicas en salud (CBS-FUCS), Fundación Universitaria de Ciencias de la Salud – FUCS, Bogotá, Colombia.

²Instituto Distrital de Ciencia, Biotecnología e Innovación en Salud - IDCBS

* Ponente: ldgutierrez@fucsalud.edu.co

Los cultivos 3D permiten comprender las interacciones célula-célula, célula matriz y el papel que tienen cada uno de los componentes del microambiente tumoral (MAT) así como también su capacidad inmunomoduladora y la respuesta a terapias personalizadas. **Objetivo:** Generar y caracterizar un modelo 3D heterotípico de la línea celular de cáncer de pulmón A549 y fibroblastos normales que sirva como modelo para evaluación de inmunoterapias. **Materiales y métodos:** Se generaron esferoides heterotípicos a partir de células de la línea celular A549-RFP y fibroblastos MRC5-GFP en una relación 1:2. Las células se sembraron en cajas de baja adherencia en medio RPMI +10%SFB. Se simuló el ambiente inflamatorio (AI) con IL1 α e IL1 β y FNT α . Para evaluación del efecto del estroma sobre el MAT, se generaron esferoides A549-RFP-MRC5-GFP con células estromales obtenidas de cordón umbilical (CEM) en relación 1:1:1. La infiltración de células inmunes de células CD3 y células mononucleares de sangre periférica (PBMC) se evaluó por microscopia confocal. Mediante un ensayo de ELISA se evaluó la expresión de citoquinas y quimioquinas el día 3 y el 5 posterior a la siembra. La morfología se monitoreó por microscopia de luz. **Resultados:** Los parámetros de área, circularidad y diámetro mostraron diferencias significativas en los días evaluados en los esferoides A549-RFP: MRC5-GFP, mientras que la adición de CEM genera esferoides más compactos y no muestran diferencias en los parámetros morfológicos. El esferoide es más compacto y sin centro hipóxico en ambiente inflamatorio comparado con el no inflamatorio. La IL4, IL7 e IL10 fueron secretadas en mayor concentración en los esferoides con MSC. A las 48 horas se observó infiltración de linfocitos y PBMC. **Discusión:** Se generó un esferoide de cáncer de pulmón que puede ser usado para la evaluación de terapias celulares, inmunoterapias, así como también plantea la posibilidad de generar esferoides de muestras de pacientes.

Determinación de PD-L1 exosomal en pacientes con neoplasias avanzadas

Jorge Eduardo Duque^{1,2*}, Laura Mira^{1,2}, Diego Pulgarin^{1,2}, Neil Vásquez^{1,2}

¹ Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, Facultad de Ciencias, Escuela de Biociencias. ² Semillero de investigación Biotecnología del cáncer, Medicina regenerativa e Inmunología BICARI, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

*Ponente: Jeduardocimav@gmail.com

El término “biomarcadores tumorales” es usado para describir potenciales marcadores de cáncer durante la presentación y progresión de la enfermedad. Estos pueden ser: proteínas, DNA, RNA. PD-L1 (Ligando-1 de muerte programada) es una proteína tumoral que desempeña un papel fundamental de regulación en el sistema inmunológico del microambiente tumoral. La evaluación de la expresión de PD-L1 en gran parte de los tumores sólidos es esencial para determinar si un paciente podría beneficiarse del tratamiento con inhibidores del punto de control inmune. La metodología usada en este caso suele ser inmunohistoquímica (IHC) ya que muchos tumores sólidos pueden expresar PD-L1 en su superficie. Los exosomas son micro vesículas de entre 50-150 nm que son secretadas por las células y que contienen carga biológica activa como proteínas y ácidos nucleicos, teniendo gran importancia en las comunicaciones intercelulares. Una de las funciones de los exosomas es modular el microambiente tumoral por varios mecanismos por lo tanto no sólo se encuentran en el microambiente tumoral, sino que además tienen la propiedad de moverse vía sanguínea. Este estudio evaluó los niveles de la proteína PDL-1 en exosomas de la línea celular A549 y en biopsias líquidas de plasma sanguíneo y orina de pacientes cáncer, con el fin de determinar su potencial como biomarcador en pacientes con neoplasias avanzadas. Las biopsias líquidas de pacientes donantes mayores de 18 años, con cáncer avanzado con manejo oncológico. Los exosomas de la línea celular A549 y de la biopsia líquida de uno de los pacientes se obtuvieron usando el Kit de aislamiento Capturem™, y fueron caracterizados usando el Kit de ensayo de proteínas Better Bradford y análisis por NTA. Los exosomas de las demás biopsias fueron obtenidas mediante ultrafiltración conservando tanto la fracción filtrada como la retenida por el filtro. La cantidad de proteína PD-L1 exosomal y soluble fue evaluada para todas las muestras mediante la técnica de Elisa. Con el presente estudio se establecen parámetros definidos para la recolección, procesamiento y análisis de muestras sanguíneas de pacientes con neoplasias avanzadas con expresión del marcador PDL-1 exosomal, logrando establecer niveles de alteración en dicha expresión.

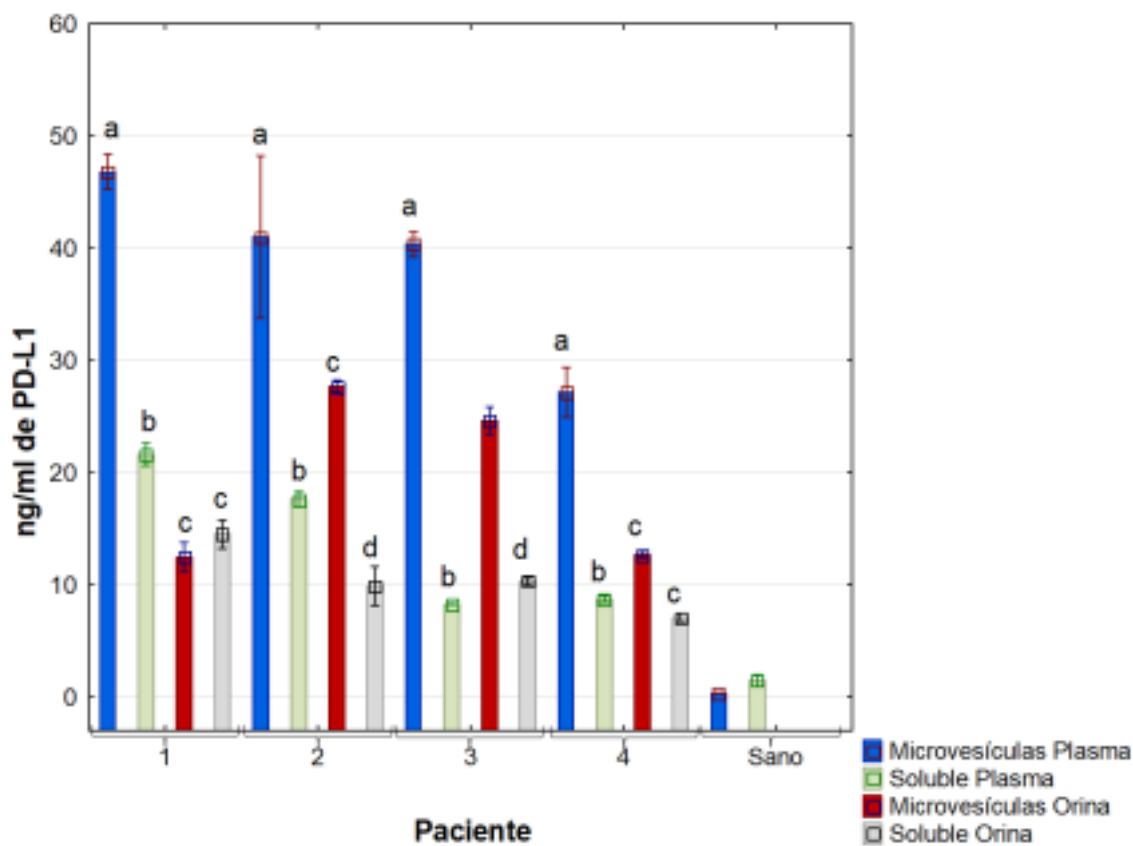


Figura 1. Niveles de PDL-1 exosomal y soluble en biopsias líquidas de pacientes con neoplasias avanzadas. Las biopsias líquidas fueron purificadas por ultrafiltración. Exosomas Plasma (azul – Retenido), Exosomas Orina (rojo – Retenido), filtrado o soluble (verde o gris). Las mediciones fueron realizadas por triplicado en cada paciente. Letras diferentes en cada paciente, representan diferencia estadística significativa $p < 0,005$.

2B20158

Evaluación del efecto citotóxico de células asesinas inducidas por citoquinas (CIK) sobre las líneas de cáncer de mama MCF-7 y MDA-MB-231

Laura Mira^{1,2*}, María Antonia Escudero^{1,2}, Diego Pulgarin^{1,2}, Neil Vásquez¹

¹Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, Facultad de Ciencias, Escuela de Biociencias. ²Semillero de investigación Biotecnología del cáncer, Medicina regenerativa e Inmunología BICARI, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín.

*Ponente: lmmirau@unal.edu.co

La inmunoterapia ha emergido como una alternativa al tratamiento del cáncer basada en fortalecer la respuesta inmune del paciente. Se sabe que múltiples células e interacciones moleculares en el microambiente tumoral inhiben las respuestas inmunitarias contra el cáncer, incluyendo las células T reguladoras y las células supresoras derivadas de la médula ósea. Las terapias con células del sistema inmune activadas *in-vitro* tienen cada vez más evidencia clínica como co-ayudante en el tratamiento de diferentes tipos de cáncer e incluso en la recaída luego de trasplantes de médula ósea. Las células asesinas inducidas por citoquinas (CIK) son células antitumorales citotóxicas no restringidas por el complejo principal de histocompatibilidad (MHC), expandidas *in vitro* a partir de células mononucleares de sangre periférica. Las células CIK comparten características tanto de las células T como de las células asesinas naturales (NK). Estas células corresponden a una población que es CD3-, CD8-, NKG2D- y positivo para CD56; y una segunda población, que es CD3-, CD8- y positiva para NKG2D pero negativa para CD56. En este estudio se evaluó el potencial citotóxico de las CIK sobre las líneas tumorales de cáncer de mama MCF-7 y MDA-MB-231. Se obtuvieron células mononucleares de sangre periférica (PBMC) obtenida de un donante sano mayor de 18 años mediante centrifugación de densidad usando Histopaque. Las PBMC fueron cultivadas en medio RPMI 1640, suplementadas con plasma rico en factores de crecimiento (PRGF) del mismo donante e inducción por IFN- γ , IL-2, OKT-3, IL-1 α e IL-15 durante 15 días. Se evaluó el fenotipo citotóxico mediante citometría de flujo. El efecto citotóxico se evaluó en platos de 96 pozos donde se sembraron las líneas celulares, al alcanzar un 80% de confluencia se adicionaron las CIK en proporciones (CIK/Célula objetivo) 5:1, 10:1, 20:1, 30:1, 40:1. Luego de 24 horas se evaluó la viabilidad celular mediante la técnica de bromuro de 3-(4,5-dimetiltiazol-2-il) -2,5-difenil tetrazolio (MTT). La viabilidad celular de las líneas se redujo entre un 20%-40% lo que indica que las CIK inducidas *in-vitro* son funcionales en su fenotipo citotóxico y tienen gran potencial para ser usadas en aplicaciones clínicas.

C2B20161

Análisis de frecuencias y recombinación *in silico* de variantes de SARS CoV 2 en Colombia entre 2021 y 2023

Laura Camila Valdés Cabrera^{1*}, Tito David Peña Montenegro¹, Jorge Luis Cerón Perez²,
Juan P. García-López^{1,3,4*}

¹Departamento de Biología, Universidad de Nariño, Pasto, Colombia. ²Instituto Departamental de Salud de Nariño, Pasto, Colombia. ³Dirección de Investigación e Innovación, Universidad Mariana, Pasto, Colombia. ⁴Grupo de Investigación GIESUM, Universidad Mariana, Pasto, Colombia.

*Ponente: lcvaldes18B@udenar.edu.co

COVID-19 fue una pandemia global con repercusiones negativas en diversos sectores, principalmente en el de salud. El agente etiológico viral SARS-CoV-2 exhibe elevadas tasas de mutación consecuencia de la alta replicación y recombinación viral, dando origen a nuevas variantes. En Colombia, los índices epidemiológicos se han centrado en la positividad sin considerar variantes y su correlación con la demografía. Por otro lado, la genómica comparativa de SARS CoV2 ha detectado procesos de recombinación en escenarios geográficos delimitados, sin distinción temporal. En este contexto, este estudio determinó la frecuencia y recombinación *in silico* de variantes de SARS-CoV-2 en Colombia entre el 2021-2023. Empleando parámetros demográficos y fecha de secuenciación, se analizó la frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y su correlación para determinar efectos de factores en su persistencia. 2061 genomas analizados por RPD4/GARD mostraron probabilidades de recombinación en 42 escenarios con variaciones por regiones o variantes. En 2021 la variante Mu estuvo presente en el 46% de la población entre 30- 39 años. En contraste, en 2022 y 2023 la variante Omicron se encontró en el 99% de la población. Se observó que el sexo femenino fue el más afectado durante todos los tres años indicando una alta correlación estadística. La variante gamma presentó un 93% de probabilidad de recombinación con la variante Delta (Figura 1A). Por su parte las variantes de las regiones Pacífica-Amazónica y Pacífica-Orinoquia representan un 50 y 47% de probabilidad de recombinación, respectivamente (Figura 1B). Acorde con el índice alto de transición demográfica en zonas comerciales ubicadas en la región pacífica. Por su parte se detectaron regiones genómicas frecuentes para recombinar variantes de la misma región (Figura 1C). En conjunto, estos resultados demuestran que la probabilidad de recombinación es dependiente del escenario diseñado empleando genomas en los primeros años de aparición de la pandemia.

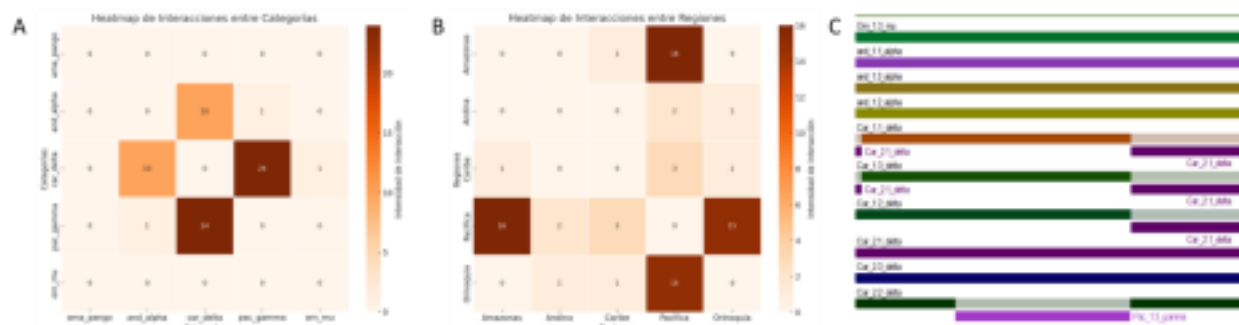


Figura 1. Probabilidad de recombinación genómica de variantes de SARS-CoV-2. Mapa de calor de interacciones entre tipo de variantes (A), y variantes por regiones de Colombia (B). Regiones genómicas en escenario de recombinación más probable (C).

C2B20166

Seroprevalence of Q Fever in humans and animals on a farm in Ecuador

Salomé Guerrero-Freire¹⁻²; Yanua Ledesma²; Jacobus H. de Waard^{2*}

¹Programa de Doctorado, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina

²One Health Research Group, Universidad de las Américas, Quito, Ecuador

*Ponente: monica.guerrero@udla.edu.ec

Q fever is a ubiquitous zoonotic disease caused by the intracellular bacterium *Coxiella burnetii*, capable of causing clinical manifestations that range from asymptomatic infections to severe and fatal ones in humans. In animals, the infection can lead to abortion. The World Organization for Animal Health (OIE) has classified Q fever as a notifiable disease for member countries; however, it has been largely neglected in most Latin American countries due to limited research and epidemiological surveillance. Nevertheless, French Guiana, located on the same continent, has the highest incidence rates of Q fever in the world. In the case of Ecuador, there have been scarce published studies, primarily based on serological diagnosis, mainly in cattle. In this study, we aimed to determine the prevalence of *C. burnetii* infection in 22 humans, 108 cows, 57 sheep, and 10 dogs from a farm in Ecuador to assess the status of this livestock regarding seroprevalence to Q fever. Blood samples were collected through caudal venous puncture into sterile vacutainers, and serological tests were conducted using commercial ELISA kits for humans (Abcam, UK) and multi-species (IDvet, France). The serological study revealed a seroprevalence of Q fever infection in humans of 18%, in cows 33%, in sheep 2%, and in dogs 30%. In a previous study conducted in Ecuador, the prevalence in humans was 34% in farm workers and 43% in cows. To the best of our knowledge, there have been no studies in the country conducted on sheep and farm dogs. Our investigation demonstrates that Q fever is endemic in Ecuador and widespread in all tested farm animals. This emphasizes the importance of further research on this disease to identify human risk groups and determine the economic impact of Q fever at the farm and livestock industry levels.



Índice de autores



Apellidos	Nombres	Código
Abril	Diego A.	C2B20123
Abril-Riaño	Deisy	C2B20106
Achí-Estrada	Leydy Tatiana	C2B20071
Acosta-Viteri	Damián A.	C2B20049
Adarme-Duran	Carlos Alberto	C2B20079
Aguilar	Enrique	C2B20009
Ahnert	Dario	C2B20003
Alarcón Vargas	Andres Felipe	C2B20131
Aldaya	María	C2B20129
Alfonso	Sandra	C2B20078
Alfonso Nuñez	Bethsy Natalia	C2B20098, C2B20127, C2B20163
Alfonso-González	Heliairis	C2B20039
Alvarez-Jácome	Jeimmy	C2B20013, C2B20056
Amado	Eliseo	C2B20002
Amero-Tello	Carlos	C2B20124
Angarita-Vergara	Daniela Z.	C2B20041
Anzola	Juan Pablo	C2B20086
Apraez Muñoz	José Julian	C2B20003
Aragón	Marcela	C2B20147
Aragón Vélez	Natalia	C2B20068, C2B20085
Aranaga	Carlos	C2B20111
Arango	Mariana	C2B20038
Araque	Leonardo	C2B20030, C2B20037, C2B20048, C2B20053, C2B20054, C2B20066
Arboleda-Bustos	Gonzalo	C2B20001
Arce	Lucas	C2B20126
Ardila	Geraldine	C2B20151
Ardila	Harold D.	C2B20029, C2B20070, C2B20077, C2B20093, C2B20094, C2B20097, C2B20150, C2B20163
Ardila-Fernández	Duberney	C2B20057
Arenas	Ailan Farid	C2B20130
Arenas Suarez	Nelson Enrique	C2B20123, C2B20128, C2B20129, C2B20131, C2B20151
Arévalo	Andrea	C2B20017
Argumedo	Carlos Doria	C2B20005
Arias	Nolver	C2B20150, C2B20153
Aristizábal Giraldo	Erica Marcela	C2B20069
Aristizabal Salazar	Yesid Armando	C2B20160
Avellaneda-Torres	Lizeth Manuela	C2B20125
Avendaño-Mora	Gloria Stefany	C2B20098, C2B20127, C2B20163
Avila	Kelly	C2B20048
Ávila	Rodrigo	C2B20054
Ayala-Díaz	Iván	C2B20030, C2B20031, C2B20048, C2B20054, C2B20066, C2B20150, C2B20153, C2B20154
Baldiris-Avila	Rosa	C2B20082
Baligar	Virupax C.	C2B20003
Ballestas-Vergara	Tania Lucía	C2B20082



Balleza-Mejía	Daniel	C2B20165
Barrera Ayala	Mábel Sofía	C2B20020
Barriga-González	Germán	C2B20163
Barrios-Hernández	Carlos	C2B20058, C2B20062, C2B20110
Bayona	Cristhian	C2B20030
Bech	Joan Josep	C2B20080
Bedoya	Janeth	C2B20011
Bejarano-Ramírez	Miguel Ángel	C2B20125
Bello	Felio	C2B20072
Benavides-Rubio	Daniela	C2B20074
Berrocal Almanza	Sonia	C2B20087
Betin Bohórquez	Brayan Stick	C2B20047
Blanco	Sergio	C2B20120
Blanco Carvajal	Jeferson Daniel	C2B20133
Bohórquez	Francisco A.	C2B20026
Bohórquez-Calderón	Liseth T.	C2B20023
Botero-Rozo	David	C2B20030, C2B20031, C2B20036, C2B20037, C2B20046, C2B20048, C2B20053, C2B20066
Branch Bedoya	John W	C2B20051
Brandão	Pedro F. B.	C2B20059, C2B20079, C2B20148
Buitrago Puentes	Sindy	C2B20039, C2B20040, C2B20042, C2B20067
Burbano	Laura	C2B20111
Burchmore	Richard	C2B20026
Bustos Caro	Eliana	C2B20070
Bustos Martínez	Jaime	C2B20160
Bustos Murillo	Fabián Andrés	C2B20092
Bustos-Linares	Cristian Camilo	C2B20125
Bustos-López	Martha C.	C2B20143
Caballero Méndez	Lyda C.	C2B20008
Cabezas Cárdenas	Andrés Felipe	C2B20098, C2B20127, C2B20163
Cadena-Caballero	Cristian E.	C2B20058, C2B20110
Caicedo	Arley	C2B20154
Cala	Mónica P.	C2B20004
Caldas Ortega	Luisa Maria	C2B20139
Calderón Peláez	María-Angélica	C2B20049
Camelo	Danna	C2B20123
Cangrejo-Useda	Yordy Stiven	C2B20062
Cantero Guevara	Miriam E.	C2B20087
Cárdenas	Lourdes	C2B20109
Cardona	Néstor Iván	C2B20130
Cardona	Victoria	C2B20071
Carreño Corzo	Mayra Alejandra	C2B20025
Carvajal-Veloza	Jonathan	C2B20151, C2B20152
Casadiegos	Omar	C2B20146
Castañeda-Sandoval	Laura	C2B20038
Castaño-Herrera	Lady Daviana	C2B20071
Castellanos	Alejandro	C2B20141



Castellanos	Jaime E.	C2B20049
Castiblanco Quiroga	Fernanda	C2B20093
Castillo	Andrés	C2B20061
Castillo	Elianna	C2B20079
Castillo-Morales	Ruth Mariela	C2B20162
Castillo-Villamizar	Genis Andrés	C2B20055
Castro	Juan José	C2B20006
Castro	Valentina	C2B20038
Castro González	Maribeb	C2B20028
Cataño	Isabel Cristina	C2B20078
Ceron Perez	Jorge Luis	C2B20161
Chacón	Miguel Esteban	C2B20139
Chaib De Mares	Maryam	C2B20140, C2B20141
Chamorro Ramírez	Francisco Héctor	C2B20160
Chaves	Catalina	C2B20036
Chegwin Angarita	Carolina	C2B20077, C2B20094
Chingate	Sandra	C2B20017
Clavijo	Xiomara	C2B20152
Colán	Willy	C2B20142
Contreras Rengifo	Adolfo	C2B20068, C2B20085
Corrales-Murillo	Silvia Juliana	C2B20055
Correa	Luz N.	C2B20043
Corredor Cruz	Natalia	C2B20117
Corredor-Rozo	Zayda Lorena	C2B20106
Cortes Cantin	Gladys Thalia	C2B20117, C2B20157
Cotes Ospino	Sara Sofía	C2B20143
Coy-Barrera	Ericsson	C2B20097, C2B20102
Cristancho-Mejía	Édgar	C2B20018, C2B20019, C2B20112
Cubides Cárdenas	Jaime A	C2B20044
Cubillos Rojas	Daniel Alejandro	C2B20117, C2B20157
Cuellar	Andrés Felipe	C2B20043
Cuellar Cuestas	Carolina Isabel	C2B20132
Cuéllar-Quimbaya	Andrés F.	C2B20072
Cuervo Soto	Laura Inés	C2B20128, C2B20129, C2B20131
Cuevas-Menco	Henry J.	C2B20082
Dain	Liliana	C2B20134
Dávila	Sergio Luis	C2B20118
De la Torre	Carolina	C2B20080
Díaz	Edgar	C2B20123
Díaz	Gonzalo J.	C2B20057
Díaz	Juana M.	C2B20026
Díaz	Luis Eduardo	C2B20102
Díaz Sana	Erika	C2B20076
Díaz-González	GJ	C2B20135, C2B20136
Díaz-Ruiz	Derly J	C2B20006, C2B20104
Díaz-Tatis	Paula A.	C2B20108, C2B20109
Duque	Jorge Eduardo	C2B20155



Duque-Luna	Jonny Edward	C2B20022, C2B20041, C2B20098, C2B20127, C2B20133, C2B20137, C2B20159, C2B20162, C2B20163
Duque-Zapata	Juan Diego	C2B20029
Echeverry	Sandra M.	C2B20147
Escalante Tinoco	Jahir	C2B20143
Escobar	María Camila	C2B20109
Escobar	Miguel Angel	C2B20157
Escobar	Patricia	C2B20146
Escobar-Perez	Javier	C2B20106
Escudero	María Antonia	C2B20158
Espejo-Mojica	Angela Johana	C2B20017
Espinosa-Otalora	Raul Enrique	C2B20115
Falco	Aura	C2B20114
Ferder	Ianina	C2B20134
Fernández-Fonseca	Laura Fernanda	C2B20010, C2B20075, C2B20090
Fernández	Nelson	C2B20011
Fernández Guataquí	Mariana	C2B20089
Forero Barrero	Ana María	C2B20140
Franchini	Gisela	C2B20126
Fuentes	Yuli V.	C2B20004
Furtado de Almeida	Alex-Alan	C2B20003
Gaita	Angela Victoria	C2B20015
García	Claudia P	C2B20015
García	Emili Ishikawa	C2B20116
García Daza	Dayana Katerine	C2B20096
García Gaona	Mariandrea	C2B20037
García Romero	Ibonne Aydeé	C2B20132
García-López	Juan P.	C2B20161
Garzón Fernández	Ruth	C2B20049, C2B20057
Garzón Fajardo	Gustavo Adolfo	C2B20114
Garzón Ospina	Diego	C2B20032, C2B20039, C2B20040, C2B20042, C2B20067
Garzón-Serrano	Andrea Y.	C2B20050
Gavilán	Nadia	C2B20163
Gómez	Laura	C2B20123
Gómez	María A.	C2B20026
Gómez	Marta	C2B20026
Gómez Maín	Jorge Enrique	C2B20130
Gómez Vargas	Yolanda	C2B20044, C2B20091
Gómez-Duque	Salomé	C2B20004
Gómez-Grosso	Luis Alberto	C2B20010
González	Camila	C2B20026
González Barrios	Juan Antonio	C2B20062
González López	Dulce María	C2B20160
González Ríos	Andrés Mauricio	C2B20065
González Sánchez	José Fernando	C2B20160
González-Bello	Diego Alejandro	C2B20125



González-Juarbe	Norberto	C2B20004
Guayacán	Ekaterina	C2B20157
Guerrero	José L.	C2B20004
Guevara Prieto	Valentina	C2B20034
Gutiérrez Samacá	Diana Lorena	C2B20119
Gutiérrez-Castañeda	Luz D.	C2B20151, C2B20152
Gutiérrez-Gutiérrez	Cristian Alirio	C2B20027
Guzmán	Fanny	C2B20076, C2B20090
Guzmán	Guillermina	C2B20146
Hamdan Partida	Aida	C2B20160
Hernández-Zambrano	Laura	C2B20039, C2B20040, C2B20042, C2B20067
Herrera	Andrés Franco	C2B20119
Herrera-Corzo	Mariana	C2B20030
Hidalgo	William	C2B20055
Higuera	Olga Lucia	C2B20132
Hurtado	Uriel	C2B20069
Ibáñez-Prada	Elsa D.	C2B20004
Ingravidí	Marina Luz	C2B20134
Isidro Miranda	Sylvana Alejandra	C2B20091
Jiménez	Ingrid D	C2B20072
Jiménez Camacho	Silvia	C2B20075, C2B20090
Jiménez-Meza	Sergio	C2B20163
Juárez Contreras	Suzette	C2B20160
Kamenetzky	Laura	C2B20126, C2B20134
Lara-Sánchez	Jonathan	C2B20165
Leguizamón	Jhon Emerson	C2B20114
León	Andrés Felipe	C2B20114
León	Cielo M.	C2B20026
León	Lizeth	C2B20004
Leyva	Jorge Alonso	C2B20115
Leyva Rojas	Jorge	C2B20149
Libreros	Gerardo	C2B20069
Lizcano Martínez	Yamil	C2B20160
Llamosa	Daniel	C2B20033, C2B20035, C2B20047
Loango Chamorro	Nelsy	C2B20128
López	Camilo Ernesto	C2B20116
López-Alvárez	Diana	C2B20029, C2B20061, C2B20064, C2B20065, C2B20068, C2B20069, C2B20085
López-Kleine	Liliana	C2B20080
Lora	Fabiana María	C2B20128
Losada-Barragán	Mónica	C2B20035, C2B20043, C2B20047, C2B20072, C2B20096
Lota	Camila	C2B20123
Lozano	Lina V.	C2B20026
Macchiaroli	Natalia	C2B20126
Macias	Oscar	C2B20146
Malagón Torres	Juan Sebastián	C2B20048
Malaver	Yerson	C2B20026



Mancera-Soto	Erica	C2B20018, C2B20019
Manrique Moreno	Marcela María	C2B20007
Mantilla	Mirary	C2B20115
Marchant	Sergio	C2B20055
Márquez Fernández	María Elena	C2B20073
Márquez-Ortiz	Ricarte Alejandro	C2B20106
Martínez Motta	Valentina	C2B20088
Martínez Sarmiento	Rodrigo Alfredo	C2B20044
Martínez-González	Ana Patricia	C2B20093
Martínez-Martínez	Luis	C2B20071
Martínez-Pérez	Francisco J.	C2B20058, C2B20062, C2B20110
Maya	Carlos	C2B20151
Maya-Hoyos	Milena	C2B20086
Mejía	Santiago	C2B20036
Mejía Sequera	Luisa María	C2B20046
Mejía-Alvarado	Fernán Santiago	C2B20030, C2B20031, C2B20066
Melchor-Moncada	Jhon Jairo	C2B20008, C2B20009
Melgarejo	Luz Marina	C2B20070, C2B20097, C2B20108, C2B20109
Mena Barreto Silva	Fátima Regina	C2B20147
Méndez	Lina	C2B20004
Méndez-Sánchez	Stelia Carolina	C2B20013, C2B20022, C2B20023, C2B20025, C2B20041, C2B20056, C2B20098, C2B20127, C2B20133, C2B20137, C2B20145, C2B20159, C2B20162, C2B20163
Mera Banguero	Carlos A	C2B20051
Mesa Gómez	Andrea	C2B20051, C2B20052
Mina Paz	Yecid	C2B20149
Mira	Laura	C2B20078, C2B20155, C2B20158
Mojica Gómez	Jaquelin	C2B20118
Molina Trincado	Verónica	C2B20028
Molina Trujillo	Nicolás	C2B20074
Montero	José	C2B20035
Montes-Robledo	Alfredo	C2B20082
Montoya	Carmenza	C2B20030, C2B20031, C2B20036, C2B20054, C2B20066
Montoya Barreto	Sandra	C2B20094
Montoya Campuzano	Olga Inés	C2B20092
Mora	Walter Pérez	C2B20097, C2B20118
Moreno	Vilma	C2B20123
Morera Bedoya	German Dario	C2B20094
Morris	Andrew Conway	C2B20004
Munévar	Melisa D	C2B20060
Muñoz	Ana Luisa	C2B20072
Muñoz-Cabrera	Jonathan Mauricio	C2B20001
Muñoz-Flórez	Jaime Eduardo	C2B20029
Muñoz-Saba	Yaneth	C2B20112
Murillo	Angélica	C2B20033
Navarro-Barón	Nathaniel A.	C2B20110
Nieto	Sara Catalina	C2B20075, C2B20090



Noriega Márquez	Jorge Guillermo	C2B20091
Novoa-Herrán	Susana	C2B20010
Ocampo-Ibáñez	Iván Darío	C2B20071
Ochoa	Andrés Felipe	C2B20157
Ojeda-Cárdenas	Anjy Tatiana	C2B20137
Oliart Ros	Rosa María	C2B20165
Oñate Garzón	José F.	C2B20160
Orduz Peralta	Sergio	C2B20051
Orjuela Rodríguez	Marcela	C2B20069
Orozco	Lina M	C2B20009
Orozco	Yeison Alejandro	C2B20015
Orrego Pérez	Andrés	C2B20051
Ortiz	Claudia C.	C2B20142
Ortiz Ortega	Diego	C2B20091
Osorio	Lyda	C2B20061
Ospina	Luis F.	C2B20147
Ossa	Claudia Patricia	C2B20015
Pacheco	Briyis Fontecha	C2B20149
Panay	Aram J.	C2B20122
Pardo	Carlos A.	C2B20061
Pardo Plaza	Yuri J.	C2B20087
Pardo-Díaz	Luis A.	C2B20058
Parra	Beatriz	C2B20061, C2B20064
Parra Bolívar	Laura	C2B20073
Parra Patiño	Beatriz	C2B20065, C2B20069, C2B20085
Patiño G	Edwin Bairon	C2B20014, C2B20015
Peláez	Melissa	C2B20069
Peña González	Jeimmy	C2B20077
Peña Montenegro	Tito David	C2B20161
Perdomo Joven	Daniela	C2B20063
Pérez	David José	C2B20014
Pérez	María F.	C2B20041
Pérez-Niño	Laura Marcela	C2B20022
Pérez-Silva	Ana Milena	C2B20001
Pineda	Keile Bruges	C2B20143
Pineda	Laura Sofía	C2B20059
Pinzón-Velazco	Andrés	C2B20070
Pirovani	Carlos Priminho	C2B20003
Pitre Ruiz	Leanis Mireya	C2B20111
Puerta	Adriana	C2B20043
Pulgarín	Diego	C2B20155, C2B20158
Pulido	Néstor J	C2B20060
Quiñones	Andrés	C2B20141
Quintana-Castro	Rodolfo	C2B20165
Quintero	Lady	C2B20145
Quintero Corzo	Laura	C2B20068, C2B20085
Quintero-Martínez	Adrián	C2B20008



Ramírez	Cristian	C2B20033
Ramírez Bello	Vanesa	C2B20124
Ramírez Enríquez	Luis David	C2B20121
Ramírez Hernández	María Helena	C2B20027, C2B20121, C2B20135, C2B20136, C2B20139
Ramírez-Riaño	María	C2B20086
Restrepo	Juan C	C2B20002
Restrepo-Martínez	Juan M	C2B20004
Rey	Diana	C2B20147
Reyes	Luis Felipe	C2B20004
Reyes Montaña	Edgar Antonio	C2B20049, C2B20057
Reyes Muñoz	Alejandro	C2B20141
Reyes Triviño	Natalia	C2B20076, C2B20088
Reyes-Ardila	Lorena Wendy	C2B20029
Reyes-Reyes	María Andrea	C2B20055
Riascos-Orjuela	Laura Estefanía	C2B20135, C2B20136
Ricci-Júnior	Eduardo	C2B20022
Rincón	Álvaro	C2B20150, C2B20153
Rincón	Javier	C2B20033, C2B20035
Rincón	Rolando Javier	C2B20047
Rincón-Riveros	Andrés	C2B20080
Rios Oriol	Marc	C2B20112
Rivera Franco	Nelson	C2B20061, C2B20064, C2B20065, C2B20068, C2B20069, C2B20085
Rivera Monroy	Zuly	C2B20027
Rivera Sánchez	Sandra Patricia	C2B20071
Rodríguez	Camila	C2B20036
Rodríguez	Carlos Eduardo	C2B20060
Rodríguez	Ingrid A.	C2B20147
Rodríguez	Anny Karely	C2B20072
Rodríguez	Jenny Liset	C2B20150, C2B20153, C2B20154
Rodríguez	Josefa Antonia	C2B20080
Rodríguez Cruz	María C.	C2B20054, C2B20066
Rodríguez Humanez	Ruddy	C2B20087
Rodríguez-López	Claudia M.	C2B20148
Romero	Hernán Mauricio	C2B20030, C2B20031, C2B20036, C2B20037, C2B20046, C2B20048, C2B20053, C2B20066, C2B20073, C2B20150, C2B20153, C2B20154
Romero Calderón	Ibeth Cristina	C2B20143
Rosero-Calderón	Ruby	C2B20152
Rueda	Sara M.	C2B20142
Rugeles Silva	Paula	C2B20029
Ruiz	Elizabeth	C2B20120
Ruiz	Gelen	C2B20152
Ruiz	Jennifer	C2B20120, C2B20142
Ruiz	Steban	C2B20109
Ruiz Estupiñán	María Alejandra	C2B20159
Ruiz Ramírez	Valeria	C2B20007
Ruiz-Hernández	Camilo A.	C2B20056



Ruiz-Toquica	Jordan Steven	C2B20119
Saavedra Sanabria	Olga Lucía	C2B20145
Salguero	Gustavo	C2B20152
Sanabria	Elkin	C2B20146
Sanabria Chanaga	Elkin Eduardo	C2B20156
Sananez	Inés	C2B20126
Sánchez	Clara Inés	C2B20055
Sánchez	Etna Milena	C2B20118
Sánchez	Jennifer	C2B20038
Sánchez	Jeysson	C2B20102
Sánchez-Ferro	Juan Sebastián	C2B20108, C2B20109
Sandoval	María Claudia	C2B20006, C2B20104
Sandoval-Hernández	Adrián Gabriel	C2B20001
Sanguino	Leidy	C2B20011
Santacruz	Carlos A.	C2B20004
Santamaría-Torres	Mary Andrea	C2B20004
Segura	Nidya Alexandra	C2B20072
Sepúlveda-Arias	Juan Carlos	C2B20008, C2B20009
Sierra	Alejandro	C2B20123
Sierra	Cesar A.	C2B20050, C2B20077
Silva	Laura Daniela	C2B20102
Sinisterra-Tovar	Daniela A.	C2B20076
Solarte Cadavid	Melissa	C2B20064
Soto	Carlos Y.	C2B20123
Soto-Sedano	Johana	C2B20108, C2B20109, C2B20116
Sulbaran Luengas	Saúl Alejandro	C2B20156
Téllez Meneses	Jair Alexander	C2B20143
Toro	Diana M.	C2B20026
Torrella	Joan Ramon	C2B20018, C2B20019, C2B20112
Torres	José Fernando	C2B20115
Torres	Lilian	C2B20152
Torres Galvis	Tatiana Andrea	C2B20132
Torres Rojas	Esperanza	C2B20125
Torres Trujillo	Camilo	C2B20129
Tupaz	Andrés	C2B20048, C2B20054, C2B20066, C2B20154
Ulloa	Sergio	C2B20060
Umaña Pérez	Adriana	C2B20006, C2B20010, C2B20034, C2B20050, C2B20086, C2B20089, C2B20104
Urbina Duitama	Diana Lizeth	C2B20145, C2B20162
Urina	Miguel	C2B20115
Urquiza Martínez	Mauricio	C2B20063, C2B20074, C2B20075, C2B20076, C2B20088, C2B20090
Úsuga-Monroy	Cristina	C2B20073
Valderrama	Ivonne H.	C2B20147
Valdés Cabrera	Laura Camila	C2B20161
Vanegas-Gómez	Natasha	C2B20106
Vargas	Laura	C2B20043
Vargas Domínguez	Jahir O	C2B20044, C2B20091



Vargas Sánchez	Karina	C2B20043
Vásquez	Neil	C2B20078, C2B20155, C2B20158
Vásquez-Giraldo	Santiago	C2B20009
Vega Castro	Nohora Angélica	C2B20049, C2B20057, C2B20094
Velandia-Romero	Myriam L.	C2B20049
Velarde	Cristian	C2B20069
Velasco Pareja	María C.	C2B20087
Velázquez	Carolina	C2B20159
Vélez-Martínez	Alexander Glever	C2B20029
Veloza	Luz Angela	C2B20009
Vera-Cala	Lina María	C2B20062, C2B20110
Vesga	Luis C	C2B20002, C2B20013, C2B20023, C2B20025, C2B20041, C2B20056, C2B20098, C2B20127, C2B20133, C2B20137, C2B20145, C2B20159, C2B20163
Villada Troncoso	Sara M.	C2B20017
Villamil-Parra	Wilder	C2B20018, C2B20019
Villamizar Castellanos	Sebastián	C2B20117, C2B20157
Villegas	Victoria E.	C2B20080
Weinstein	Nathan	C2B20011
Wiser	Mark F.	C2B20117
Yasnot Acosta	María Fernanda	C2B20087
Yepez-Perez	Yoelis	C2B20072
Yosa Reyes	Juvenal	C2B20149
Zafra Sierra	German Alexis	C2B20020
Zamora Vélez	Alejandro	C2B20130
Zapata	Luis Fernando	C2B20071
Zuluaga	Maricela	C2B20015
Zuluaga Vélez	Augusto	C2B20008, C2B20009