

UNIVERSIDAD DE SANTANDER UDES FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS FÍSICAS Y NATURALES II SEMINARIO INTERNACIONAL EN CIENCIAS APLICADAS

“Una mirada hacia la innovación y el desarrollo sostenible”

INTRODUCCIÓN

La Química, Biología y las Matemáticas son el pilar de las ciencias aplicadas. La investigación en el área básica se ve reflejada en el desarrollo de disciplinas como las ciencias de la salud, ingenierías y ciencias ambientales. De esta forma, la integración entre la investigación básica y las ciencias aplicadas es fundamental en el desarrollo del profesional moderno. Considerando lo anterior la Facultad de Ciencias Exactas Físicas y Naturales organiza el segundo seminario internacional en Ciencias Aplicadas, como una ventana a la integración de la investigación en la identificación de problemas cotidianos y a la búsqueda de soluciones a los mismos, contribuyendo a la vez al enriquecimiento profesional de los participantes y generando espacios de discusión científica en la Universidad de Santander UDES.

OBJETIVOS

Desarrollar temáticas de actualidad en diversas áreas del conocimiento con perspectivas de innovación y desarrollo tecnológico en áreas de la salud, investigación y el ambiente. Ofrecer talleres formativos para contextualizar el conocimiento de manera que los asistentes reconozcan las herramientas tecnológicas utilizadas para obtener mejores resultados en su futuro desempeño como profesionales.

BIORREMEDIACIÓN DE SUELOS: PASADO, PRESENTE Y FUTURO

Diana Verónica Cortés-Espinosa¹, Absalón Ángel E¹
Instituto Politécnico Nacional CIBA, Tlaxcala. México

Grupo de investigación: Biotecnología Ambiental: Biorremediación de suelos

E-mail: dcortes@ipn.mx

RESUMEN

Debido a las diferentes actividades antropogénicas tales como la minería, petroquímica y prácticas agrícolas, se ha generado la liberación excesiva de compuestos tóxicos orgánicos e inorgánicos al medio ambiente afectando suelo, aire y agua, provocando un impacto ambiental en todo el mundo.

Los suelos son de los más afectados por compuestos xenobióticos, ya que por sus características fisicoquímicas se adhieren fuertemente a estos, provocando su acumulación a niveles que repercuten negativamente en la productividad del suelo y en los organismos que lo habitan, debido a que son mutagénicos y/o carcinogénicos. A nivel mundial existen grandes superficies de suelo contaminadas con petróleo y sus derivados por fracturas en tanques de almacenamiento subterráneo y ductos, pozos de perforación, liberando al ambiente compuestos como los hidrocarburos alifáticos, aromáticos como los hidrocarburos policíclicos aromáticos (PAHs), diesel, BTEX (Benceno, Tolueno, Etilbenceno y Xilenos), bifenilos policlorinados (PCBs), clorofenoles que son altamente recalcitrantes. Los suelos agrícolas han sido impactados por la aplicación indiscriminada de agroquímicos, liberando compuestos nitroaromáticos, organofosforados y metales pesados, por tal motivo desde hace algunas décadas se ha trabajado en la obtención de tecnologías para la remediación de los suelos.

Existen métodos físicos y químicos, los cuales presentan algunos inconvenientes por ser complejos, costos y destructivos. Las deficiencias asociadas a estas tecnologías han permitido enfocar los esfuerzos hacia tecnologías ambientalmente amigables y de menor costo, convirtiéndose la biorremediación en una alternativa viable y adecuada para la descontaminación de suelos. La biorremediación es proceso biotecnológico que utiliza el potencial metabólico de los microorganismos del suelo para la degradación de los compuestos tóxicos en sitios contaminados.

Estos microorganismos utilizan los compuestos tóxicos como fuente de carbono y energía, produciendo compues-

tos inocuos o incluso llevarlos hasta la mineralización por la acción de sistemas enzimáticos. Las poblaciones microbianas del suelo capaces de degradar compuestos tóxicos, deben ser estimuladas al establecer condiciones ideales que favorezcan su crecimiento, como son la humedad, la aireación, nutrientes, entre otros. Sin embargo, cuando la microbiota nativa no muestra la capacidad de degradar de manera eficiente los contaminantes, se puede hacer uso de la bioaugmentación, utilizando algunos microorganismos exógenos, que cuenten con la capacidad de degradar estos compuestos eficientemente y que contribuyan acelerando los procesos de degradación.

Por las ventajas que tiene la biorremediación, desde los años 70's ha sido una área importante de la biotecnología que se ha enfocado a la búsqueda de los métodos más eficientes para contrarrestar la contaminación ambiental. Trabajando en la búsqueda de microorganismos que tengan la capacidad de mineralizar eficientemente estos compuestos, realizado aislamientos de hongos y bacterias de sitios contaminados, los cuales son estudiados en el laboratorio para discernir los mecanismos de degradación, diseñar las condiciones de cultivo para una eficiente degradación, cometabolismo de los microorganismos en sistemas de biorremediación, desarrollo de consorcios microbianos que aceleren los procesos degradativos.

La Biología Molecular ha tomado gran importancia en esta área, sirviendo como una herramienta para la identificación de microorganismos, seguimiento de poblaciones o de algún microorganismo *in situ*, interacción de microorganismos en tiempo real. Actualmente se trabaja en el mejoramiento genético de los microorganismos degradadores a través de la expresión heteróloga u homóloga para la sobreproducción de enzimas que intervienen en la oxidación de los compuestos o en el direccionamiento de algunas rutas metabólicas para obtener microorganismos más eficientes. Los microorganismos genéticamente modificados (MGM) han mostrado ser eficientes en sistemas de biorremediación, por lo que recientemente se trabaja en la obtención de MGM que puedan liberarse al ambiente en forma segura.

Palabras clave: biorremediación, biotecnología ambiental, compuestos xenobióticos, ambiente.

QUÍMICA VERDE Y ENERGÍAS RENOVABLES

Jairo Puente Bruges

Universidad Santo Tomas

Grupo de Investigación: Grupo de investigaciones ambientales para el desarrollo sostenible (GIADS).

E-mail de correspondencia: decquimica@mail.ustabuca.edu.co

RESUMEN

Las interacciones entre la energía y las sustancias químicas se pueden apreciar claramente al analizar los cambios climáticos que ha experimentado el planeta desde sus inicios. Hace unos 2400 millones de años la concentración de oxígeno en la atmósfera terrestre aumento; como resultado de la proliferación de organismos fotosintéticos que liberan oxígeno y extraen bióxido de carbono de la atmósfera. Estos cambios en la composición química de la atmósfera generaron -a su vez- cambios en la temperatura promedio de la tierra; que pasó de una etapa de altas temperaturas a una de bajísimas temperaturas.

Ahora, en la medida que la biomasa terrestre aumento sensiblemente sobre el planeta, a costa de extraer carbono de la atmósfera, parte de esta biomasa se transformó en combustibles fósiles que quedaron atrapados en el subsuelo. Durante los últimos siglos las sociedades humanas han quemado carbono, petróleo y gas liberando así a la atmósfera las descomunales cantidades de carbono que habían permanecido en el subsuelo; alterando así el equilibrio atmosférico logrado en los últimos milenios y regresando el reloj de la historia climática del planeta. En ambos casos, se trata de interacciones entre sustancias químicas y la energía solar.

A diferencia de la Química Ambiental que realiza estudios sobre el medio natural, la Química Verde tiene que ver con el diseño de productos químicos y procesos que reducen o eliminan el uso y generación de sustancias peligrosas. Las

energías renovables –por su parte- pueden definirse como “energía generada de forma tal que no agotan los recursos naturales o perjudican el medio ambiente. Ambos conceptos tienen como propósito aplicar métodos y procesos orientados a prevenir el deterioro del ambiente y a asegurar procesos sostenibles de desarrollo.

Es importante armonizar ambos conceptos, por ejemplo, un vehículo eléctrico (que aparentemente es “ecológico” pues no genera emisiones de gases) puede ser más contaminante que un vehículo convencional, bajo determinadas condiciones. Al examinar el ciclo de vida de ambos vehículos se ha encontrado que “es contraproducente” poner a circular vehículos eléctricos en ciudades donde la electricidad se produce a partir del carbón. Es el mismo caso del Biodiesel, que algunos consideran un combustible ecológico. Sin embargo, en el año 2011 la Agencia de Protección Ambiental de Estados Unidos (EPA), al analizar su ciclo de vida concluyó: “El biodiesel hecho de aceite de palma no cumple con los requisitos para ser incorporado en el programa de combustibles renovables, pues sus emisiones de gases invernadero son demasiado altas”.

En la presentación se realiza una comparación entre el proceso evolutivo terrestre y la evolución sufrida por el medio humano hasta llegar a recientes desarrollos en la gestión de los recursos naturales; que intentan armonizar la química verde y las energías alternativas, en el contexto del análisis de los ciclos de vida.

Palabras clave: biodiesel, biomasa, química verde, energías renovables, cambio climático

LA HUELLA DE CARBONO COMO HERRAMIENTA DE MEDICIÓN DE GASES DE EFECTO INVERNADERO

Rigoberto Pinilla Corzo
Universidad de Santander UDES
Grupo de Investigación: Microorganismos y Sostenibilidad
E-mail: rpinilla@udes.edu.co

RESUMEN

La huella de carbono (HC) hace referencia a la medida de la cantidad de dióxido de carbono (CO_2) emitida a la atmósfera por el desarrollo de una actividad, proceso o servicio, bien sea natural o no, con base en las relaciones estequiométricas de las reacciones químicas que tengan lugar en dicho proceso.

Cada gas invernadero, (dióxido de carbono CO_2 , metano CH_4 , óxido de nitrógeno (NOx, hexafluoruro de azufre SF_6 y fluorocarbonos) tienen un potencial distinto para calentar la atmósfera, por ejemplo, el CH_4 y el NOx calientan la atmósfera cerca de 25 y 300 veces más que el CO_2 , y se dice que una tonelada de metano o de óxido de nitrógeno es equivalente a 25 y 300 toneladas de CO_2 respectivamente. Como estrategia para reducir el índice de calentamiento global varias naciones tienen por obligación reducir las emisiones de gases de efecto invernadero (GEI) bajo diferentes esquemas, como Protocolo

de Kyoto, Emission Trading Scheme o gestiones voluntarias.

La reducción voluntaria de GEI inicia con la medición de la Huella de carbono (HC), cálculo mediante el cual una compañía o persona mide ciertas variables relacionadas con las emisiones de GEI en un periodo de tiempo específico el objetivo de esta medición radica en calcular la cantidad de GEI emitidos de forma directa o indirecta a la atmósfera, para diseñar o aplicar estrategias de mitigación y reducción de estos contaminantes.

Al obtener el valor de HC, es posible la adopción o diseño de estrategias de reducción, hasta llegar a valores de emisiones inevitables y necesarias para el funcionamiento de la compañía. La medición de HC y los procesos de compensación de emisiones inevitables de GEI, es visto como una oportunidad de marketing empresarial, y no cabe duda que en unos años será una exigencia para ingresar a mercados mundiales.

Palabras clave: gases de efecto invernadero, calentamiento global, huella ecológica, protocolo de Kyoto, ambiente

BIOMATERIALES Y MATERIALES QUE REVOLUCIONAN LA INGENIERÍA UNA MIRADA GLOBAL

Alejandro David Martínez Amariz
Universidad de Santander – UDES
Grupo de Investigación: Nuevas Tecnologías
E-mail: alejandrodavidm@yahoo.com

RESUMEN

La ciencia moderna está tomando un nuevo rumbo y avanzando a pasos agigantados donde la interdisciplinariedad es cada vez más importante, es así como por ejemplo se crean grupos con químicos, físicos, médicos, biomédicos, microbiólogos, biólogos e ingenieros para trabajar en conjunto en una nueva rama que son los Biomateriales.

Los biomateriales son materiales farmacológicamente inertes, usados para ser incorporados o implantados dentro de

un organismo vivo para reemplazar o restaurar alguna función permanente o intermitente. Por otra parte los avances en las diferentes ingenierías desde el punto de vista de materiales van a transformar impresionantemente nuestra forma de ver el mundo.

En esta presentación se muestran los últimos avances y las tendencias actuales en cuanto a biomateriales y materiales para la ingeniería.

Palabras clave: biomateriales, energías renovables, innovación en materiales, ambiente, prótesis e implantes

ENZIMAS EN SÍNTESIS ORGÁNICA - QUÍMICA COMPUTACIONAL Y SU APORTE AL DISEÑO DE ENZIMAS MÁS EFICIENTES

Markus Doerr

Universidad Industrial de Santander (UIS); Universidad Santo Tomás (USTA)

Grupo de Investigación: UIS: Grupo de Bioquímica Teórica; USTA: Grupo de investigaciones Ambientales para el Desarrollo Sostenible.

E-mail: MarkusDoerr@gmx.de

RESUMEN

Las enzimas se usan con frecuencia en síntesis orgánica debido a que catalizan reacciones en condiciones suaves (química verde) y a su alta selectividad y eficiencia. Todas las reacciones en los seres vivos son catalizadas por enzimas. Sin embargo, cuando estas enzimas se usan con sustratos distintos a los naturales (presentes en las células) presentan baja eficiencia y

selectividad. Es aquí donde la química computacional puede aportar contribuyendo a una mejor comprensión del porqué y al diseño de una enzima más eficiente, es decir, introduciendo mutaciones y estudiando su efecto sobre la eficiencia de la reacción catalizada.

Presentaré una revisión breve sobre esto y sobre los métodos de modelamiento molecular disponibles para lograr esto. También presentaré un ejemplo en el que muestro como el modelamiento molecular contribuye a la optimización de una reacción enzimática.

Palabras clave: enzimas, química computacional, dinámica molecular, docking

SIMULACIONES COMBINADAS DE DOCKING Y DINÁMICA MOLECULAR EN EL DISEÑO RACIONAL DE ENZIMAS

Andrés M. Escorcia C.^{1,2}

1. Grupo de Bioquímica Teórica. Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga - Colombia.

2. Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales. Universidad de Santander (UDES).

E-mail: andrescorcia6@hotmail.com

RESUMEN

La síntesis de compuestos enantioméricamente puros es de gran interés para diferentes sectores industriales como son la industria farmacéutica, cosmética y alimenticia. En particular, la industria farmacéutica presenta una alta demanda por este tipo de compuestos. Esto se debe a que una gran variedad de fármacos son compuestos quirales, y generalmente, un enantiómero presenta la actividad terapéutica deseada mientras el otro conlleva a efectos colaterales adversos.

La biocatálisis ha logrado establecerse durante el último tiempo como una alternativa versátil para la síntesis

de compuestos quirales puros, debido a la alta actividad y enantioselectividad de las reacciones catalizadas por enzimas. Además, estas reacciones son más amigables para el medio ambiente en comparación con la síntesis química clásica.

Complementario a los estudios experimentales, el modelamiento computacional de las reacciones catalizadas por enzimas se ha convertido en una herramienta útil para mejorar el entendimiento acerca de estas reacciones, brindando un nivel de detalle que no es accesible experimentalmente. El modelamiento computacional permite ver de una forma más clara la contribución de los diferentes factores que gobiernan la actividad y enantioselectividad de las enzimas bajo las condiciones de reacción utiliza-

das. Esto conlleva después a un mejoramiento de la síntesis enantioselectiva de un compuesto en particular, mediante un diseño más racional de las condiciones de reacción o del biocatalizador.²

Dentro de los diferentes métodos computacionales, las simulaciones combinadas de docking y dinámica molecular han sido de gran utilidad para la racionalización de la enantioselectividad en términos de las interacciones enzima-sustrato. Lo cual permite la formulación de reglas que gobiernan como el sustrato o la enzima pueden ser diseñados para aumentar la enantioselectividad.¹

En este contexto, el objetivo de este taller es brindar un esquema general acerca de cómo se llevan a cabo este tipo de simulaciones. Para esto se hará uso de algunos programas libres como AutoDock Vina,³ el cual permite realizar simulaciones de docking molecular de una forma muy rápida y pre-

cisa. Con este programa es posible obtener las diferentes orientaciones que puede adquirir el sustrato dentro del sitio activo de la enzima. También se introducirá a los participantes en el manejo del programa CHARMM, el cual es principalmente utilizado para realizar simulaciones de dinámica molecular.⁴

[1] M. Bocola, N. Otte, K. Jaeger, M. T. Reetz, W. Thiel, *ChemBioChem* 2004, 5, 214–223.

[2] J. Nyhlén, B. Martín-Matute, A. G. Sandström, M. Bocola, J. Bäckvall, *ChemBioChem* 2008, 9, 1968–1974

[3] O. Trott, A. J. Olson, *J. Comput. Chem.* 2010, 31, 455–461.

[4] B. R. Brooks, C. L. Brooks, A. D. Mackerell, L. Nilsson, R. J. Petrella, B. Roux, Y. et al. *J. Comput. Chem.* 2009, 30, 1545–1614.

Palabras clave: Enantioselectividad, Enzimas, Dinámica Molecular, Docking Molecular, Biocatálisis

APLICACIONES DEL ADN MITOCONDRIAL EN GENÉTICA FORENSE

Adriana Castillo Pico
Universidad Industrial de Santander
Grupo de Investigación: Genética Humana UIS
E-mail: castillo@uis.edu.co

RESUMEN

El ADN mitocondrial es una molécula que está dentro de nuestras células, en el interior de las mitocondrias. Es una molécula circular, con ADN de doble cadena, una de estas cadenas se denomina cadena pesada y la otra liviana. Su material es casi en su totalidad, codificante, allí se encuentran las regiones que codifican para varias proteínas que utiliza la mitocondria como enzimas en los procesos que se llevan a cabo en la cadena respiratoria. Este ADN solo posee dos regiones no codificantes que corresponden al lugar donde finaliza la replicación y donde se origina la replicación, denominadas respectivamente regiones hipervariables I y II, allí, por eventos mutacionales se generan diferencias en la secuencia de nucleótidos, lo que origina variaciones entre los individuos no emparentados, constituyéndose así en las regiones de utilidad para realizar análisis forenses.

Dadas las características de la herencia de las mitocondrias, los individuos portamos de forma exclusiva las mitocondrias heredadas de nuestra madre y que forman parte del óvulo fecundado, pues las mitocondrias paternas no ingresan al óvulo fecundado, y si lo hacen son degradadas.

Esto genera un mecanismo de herencia exclusivamente materno y permite al forense hacer identificación de individuos si se cuenta con ascendientes por línea materna. Un caso muy conocido, que utilizó el análisis de ADN mitocondrial fue la identificación de Emmanuel, el hijo de Clara Rojas, pues estando la madre secuestrada, no estaba disponible para el análisis forense por lo que fue necesario recurrir a los ascendientes con quienes se contaba: la abuela materna y dos tíos maternos, todos debían tener la misma secuencia de ADN en de las regiones variables del ADN mitocondrial y a su vez esta secuencia debía ser compartida por el niño identificado hasta ese momento como Juan David Gómez Tapiero, si este era el hijo biológico de Clara Rojas.

Para la identificación humana a partir del ADN mitocondrial, se debe realizar la secuenciación de los nucleótidos que componen las regiones variables HVI y II del ADN mitocondrial y comparar los diferentes nucleótidos presentes en los individuos. El análisis de la secuencia de nucleótidos del ADN mitocondrial de la madre y los hermanos de Clara Rojas y el menor Juan David Gómez, arrojó una coincidencia total en la secuencia de nucleótidos, que fue confirmada por la tipificación de marcadores STRs autonómicos, del cromosoma X y análisis de SNPs autosómicos.

Palabras clave: ADN mitocondrial, genética forense, secuenciación, marcadores genéticos.

UTILIDAD DE LOS VECTORES LENTIVIRALES EN EL DISEÑO DE UN MODELO ANIMAL DE CARCINOMA HEPÁTICO MEDIANTE INGENIERÍA GENÉTICA

Henry Bautista Amorocho¹, Debbie Chavez¹, Kathy Brasky¹, Robert E Lanford¹

1. Instituto de Investigaciones Biomédicas de Texas, San Antonio, Texas, USA

Departamento de Virología e Inmunología

E-mail: henbati22@yahoo.com

RESUMEN

En el 2008, 12,7 millones de casos de cáncer y 7,6 millones de muertes asociadas a neoplasias ocurrieron en el mundo. Del total, 64% de las muertes ocurrieron en países en vía de desarrollo. El hepatocarcinoma (HCC) es el cuarto tumor maligno en frecuencia y el tercero en mortalidad. Esto último demuestra su mal pronóstico principalmente por la ausencia de un modelo animal para estudiar la hepatocarcinogénesis. En la actualidad, los modelos animales en cáncer se fundamentan en la ingeniería genética utilizando vectores de expresión que permitan introducir genes tumorales en células diana. Entre los más utilizados se encuentran los vectores lentivirales debido a su eficiencia para transducir y expresar genes en cualquier tipo de célula eucariota. Nuestro objetivo fue diseñar un modelo de cáncer de hígado en primates no humanos utilizando combinaciones de oncogenes previamente reportados en el HCC. El RNA se obtuvo a partir de hepatocitos primarios de babuinos jóvenes. Los genes P53, Hras, Cmyc, Snail y AFP se amplificaron por RT-PCR y fueron ligados en vectores lentivirales pCDH-CMV-MCS. Mutaciones R249S en P53 y G12V en Hras se realizaron por mutagénesis dirigida. Cultivos primarios de hepatocitos de babuino fueron transducidos con diferentes combinaciones de oncogenes a un MOI ≥ 300 . Las células fueron crecidas durante un mes realizando pases semanales. $1E+6$ o $1E+7$ células fueron inyectadas intrahepático en ratones SCID y babuinos. Luego de un período de incubación de 1-12 meses, los animales fueron

sacrificados. Los tumores fueron extirpados y células tumorales aisladas por colagenasas.

Las células transformadas y tumores fueron fenotipificados y genotipificados por inmunofluorescencia, ELISA, Citometría de Flujo, Inmunohistoquímica, luminex, RT-PCRq, PCR, resonancia magnética y ecografía abdominal. Se obtuvo tumores con las combinaciones P53My y P53MycHras1 \pm Snail y/o AFP en el 100% de los ratones entre 4 y 24 semanas post inyección. En babuinos solo se logró inducir tumorigénesis con P53MycHras P53MycHras1 \pm Snail y/o AFP en el 50% de los animales. A nivel fenotípico los tumores presentaron un patrón de dediferenciación de carcinoma hepático con pérdida marcadores epiteliales y de hepatocito como ALB, ALF, HNF4, CK-8 y CK-18, E-cadherina mientras que ganancia de marcadores mesenquimales como Vimentin, MMP9, N-cadherina y Snail1. La aparición de masas tumorales visualizadas por resonancia magnética se correlacionó con la sobre expresión de AFP en suero de babuinos. El patrón de citoquinas permitió detectar elevación de IL-6 en sangre periférica de los primates con tumores hepáticos. Por otra parte, se observó un fenotipo de células cáncer stem cell con un patrón específico de CD90+CD24+ en nuestro modelo murino y en primate.

Nuestro modelo de cáncer es el primero en primates no humanos diseñado por ingeniería genética con vectores virales. Se espera a corto plazo iniciar estudios de quimioterapia, radioterapia, quirúrgicos y de imagenología, con el fin de obtener conocimiento nuevo aplicado al diagnóstico y tratamiento temprano del carcinoma hepático.

Palabras clave. hepatocarcinoma, mortalidad, lentivirus, modelo animal, vector

GENÉTICA DE LA TALLA BAJA

Harvy Mauricio Velasco Parra
Universidad Nacional de Colombia
Grupo de Genética Clínica. Facultad de Medicina
E-mail: hmvelascop@unal.edu.co

RESUMEN

La estatura es uno de los rasgos poligénicos más estudiados. Su heredabilidad está entre el 85 a 95%, aunque factores ambientales también influyen en este carácter. Mediante estudios de genoma completo (GWAS, Arrays y Exomas) se han establecido cerca de 200 loci responsables de la talla en estadios fetales, infantiles y de la talla final del adulto, sin embargo, estas variantes genéticas no explican más allá del 10% de la variabilidad de la estatura. Existen muchas patologías que afectan el desarrollo pondoestatural y varias de ellas se explican por alteraciones genéticas con diferentes patrones de herencia (mendeliano, imprinting o poligénico), con presencia de mutaciones en genes con peso bajo o moderado en el desarrollo de la talla baja.

Uno de los propósitos del grupo de trabajo es describir y analizar el estado mutacional de algunas patologías relacionadas a talla baja en el país (displasias óseas, mucopolisacaridosis y talla baja idiopática). Los resultados obtenidos han permitido iniciar el reconocimiento de perfiles genéticos poblacionales de estas patologías, han fomentado la presencia de factores de riesgo y han colaborado en la definición de los manejos instaurados en los pacientes mediante herramientas de farmacogenética. Es importante incrementar el tamaño de muestra de nuestros estudios para emitir datos más generales sobre población colombiana y emplear herramientas de última generación en búsqueda de más genes candidatos de susceptibilidad a la talla baja.

Palabras claves: farmacogenética, estatura, genética, mutación, ambiente

INNOVACIÓN EN LA TERAPIA CELULAR RESPONSABLE PARA COLOMBIA

Marcos López Casillas
Fundación Cardiovascular de Colombia
Fundación Cardiovascular de Colombia y Programa de Ciencias Biomédicas, Facultad de Salud,
Universidad del Valle
Grupo de Investigación: Grupo VILANO
E-mail: marcoslopez@fcv-org

RESUMEN

En Colombia, anualmente mueren más de 2500 personas a causa de las leucemias y los linfomas. Desafortunadamente, gran parte de la población que necesita de un trasplante de médula ósea, cordón umbilical o células madre para su tratamiento, debido a la falta de un registro de donantes de médula o de un banco público de sangre de cordón y el problema de la histocompatibilidad, requiere literalmente de un milagro para conseguir un donante no relacionado compatible. En adición, al momento, existen más de ochenta patologías que pueden ser curadas con la sangre de cordón

umbilical o las células madre hematopoyéticas. Por tanto, el país necesita de manera urgente proyectos responsables que provean esta necesidad apremiante que afecta una gran proporción de nuestros niños. La ponencia mostrará los esfuerzos que al momento se están haciendo en el país para proveer alternativas de búsqueda de donantes para trasplantes no relacionados y las implicaciones y los procesos de innovación en terapia celular que se están adelantando en este tema. El proveer nuevas alternativas de terapia celular en el país da una alternativa digna a los 1700 pacientes que anualmente son diagnosticados con hematopatologías trasplantables.

Palabras clave: leucemias, sangre de cordón, HLA, células madre, hematología

VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA EN MICROBIOLOGÍA CLÍNICA. SOFTWARE WHONET

Jairo Enrique Mateus Sanchez¹
Francisco Javier León¹
Miguel Oswaldo Pérez²

Universidad del Santander- UDES

1. Grupo de Investigación: Microorganismos y sostenibilidad
 2. Grupo de Investigación: Microbiota
- E-mail: emateus@udes.edu.co

RESUMEN

La resistencia a los antibióticos es un problema de salud pública, dado que genera fallos terapéuticos y prolonga las estancias en hospitalización, lo que aumenta la mortalidad y los costos al sistema de salud. La resistencia a los antibióticos se puede definir como la capacidad de un microorganismo para inactivar un fármaco, mediante diversos mecanismos, que incluyen la degradación enzimática, la modificación de la molécula diana y la expulsión del fármaco antes de que alcance la molécula diana.

Esto amerita que las instituciones de salud diseñen estrategias tendientes a minimizar el impacto de la resistencia bacteriana a los antibióticos, las cuales parten de la identificación de los microorganismos, del conocimiento de las resistencias naturales y de una correcta selección de los antibióticos a evaluar en el antibiograma, lo que se conoce como “Lectura interpretada del antibiograma” y permite la selección de antibióticos indicadores (específicos para cada especie bacteriana), que permiten inferir a partir del fenotipo observado, el genotipo de la resistencia bacteriana y direccionar el tratamiento hacia aquellos antibióticos que muestren mayor efectividad.

Para esto, aparte del conocimiento de la genética de la resistencia a los antibióticos y de tener estandarizadas

las pruebas de identificación y de antibiograma, se hace necesario contar con una metodología para el análisis de los datos obtenidos, dado que no es eficiente tomar los datos de análisis individuales o de antibióticos por separado. Existen diversos software encargados de esto último, especialmente para el análisis de datos de procedimientos automatizados. Sin embargo, para laboratorios en los que se hace antibiograma por el método de Kirby-Bauer, el registro de estos datos no suele hacerse de manera que facilite su análisis. Para estos casos, la OMS ha diseñado un software libre llamado WHONET[®], que permite precisamente el registro de datos, la realización de análisis estadísticos y la predicción de perfiles de resistencia de los aislamientos, lo que facilita al laboratorio clínico el análisis de los datos y a la institución de salud el establecimiento de políticas de uso de antibióticos que permitan minimizar el impacto de la resistencia bacteriana.

En este taller se revisan las resistencias naturales de las bacterias más comunes, genes frecuentes asociados con resistencia a los antibióticos y se analiza una base de datos simulada en el programa WHONET[®] para hallar distribuciones de frecuencia de los microorganismos, porcentajes de resistencia y perfiles de resistencia.

Palabras clave: antibióticos, WHONET, resistencia, antibiograma, bacterias

NANOCIENCIA Y NANOTECNOLOGÍA EN LA LUCHA CONTRA EL CÁNCER

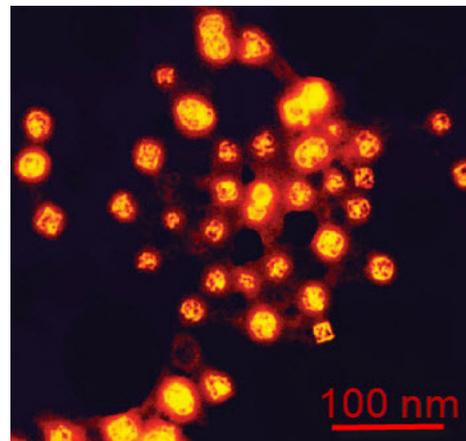
Edgar E. González
Pontificia Universidad Javeriana
Grupo de Investigación: Grupo de Nanociencia y Nanotecnología
E-mail: egonzale@javeriana.edu.co

RESUMEN

La nanociencia y nanotecnología se posicionan como áreas estratégicas para complementar y mejorar las técnicas y metodologías en diagnóstico y tratamiento en el área de la salud. Los avances en la producción de nuevos nanomateriales han permitido el desarrollo de novedosas herramientas capaces de proporcionar mecanismos para transporte y entrega controlada de medicamentos, campo en el que estamos trabajando activamente. Así, con el uso de nanopartículas metálicas huecas con poros selectivamente tallados en la superficie y con capacidad de reconocimiento de un blanco específico -células tumorales-, se hace posible encapsular y liberar entidades químicas con un alto grado de precisión en tiempo y lugar. De otra parte, estas partículas pueden ser utilizadas como antenas térmicas capaces de realizar acciones localizadas de tipo termoterapéutico, o como puntos de dispersión para mejoramiento de contraste en procesos de imagen para diagnóstico. En la fo-

tografía coloreada tomada con microscopía electrónica de transmisión, se ilustra claramente el proceso de liberación de un fármaco específico cuando las nanopartículas porosas son bañadas con radiación láser.

(Figura reproducida con permiso de Nanocitec)



Palabras clave: nanomedicina, nanopartículas, cáncer, fármacos, nanotubos de carbono

CADENA DE CUSTODIA

Adriana María Gil Zapata
Universidad de Santander
E-mail: labgen1@gmail.com

RESUMEN

La cadena de custodia es una herramienta muy valiosa en el campo forense, se debe iniciar con la recolección de las evidencias en el lugar de los hechos y termina por orden de la autoridad competente. La cadena de custodia, si se interrumpe, la prueba no tiene validez, por lo tanto en Colombia existe un manual de cadena de custodia de la Fiscalía General de la Nación que tiene como finalidad unificar la forma como se aplica, al igual que define conceptos en torno a quienes deben ser custodios, que se considera traslado, traspaso, también hace referencia a los diferentes métodos para el embalaje de las evidencias y el transporte adecuado para su análisis.

En la cadena de custodia es relevante conservar la autenticidad de las evidencias, es decir, no se le puede quitar ni agregar nada, por lo tanto es imprescindible el uso de las normas de bioseguridad y respetar el orden a seguir en la inspección ocular.

Finalmente es valioso aplicar todos estos conceptos en la resolución de casos forenses, actualmente en el país tenemos un caso en el cual la cadena de custodia no se ha llevado de manera correcta como es el caso Colmenares, o también se puede apreciar en los casos de filiación en los cuales los laboratorios no cumplen todos los pasos que se deben seguir para cumplirla en su totalidad.

Palabras clave: cadena de custodia, custodio, traslado, traspaso, medicina legal

¿SON NECESARIAS TANTAS MATEMÁTICAS?

Bernardo Recamán Santos
Universidad de los Andes, Bogotá
Grupo educativo Colombia Aprendiendo
E-mail: ignotus@hotmail.com

RESUMEN

Tanto los estudiantes de educación básica como los de educación superior se preguntan con frecuencia por qué deben estudiar tanta matemática. El advenimiento de computadores cada vez más veloces y potentes debería haber permitido que ellos se encargasen de resolver todos esos problemas que los estudiante pasan varios semestres aprendiendo a resolver.

¿Por qué entonces se insiste todavía en tantas matemáticas.

En esta charla, intentaré responder a esta pregunta y argumentaré que precisamente por la llegada de la era de la informática el estudio de las matemáticas por parte de estudiantes de todas las disciplinas se hace más necesario y urgente.

Palabras claves: matemáticas, educación básica, educación superior, computación, informática

ALGORITMOS PARA EL ALINEAMIENTO MÚLTIPLE DE SECUENCIAS (AMS) EN COMPUTACIÓN PARALELA

Efraín Hernando Pinzón Reyes¹, Álvaro Mauricio Flórez Escobar¹

1. Universidad de Santander – UDES

Grupo de Investigación: Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología

E-mail: ehpinzon@udes.edu.co; amflores@udes.edu.co

RESUMEN

El uso de algoritmos computacionales para el estudio de fenómenos biológicos hace parte del diario vivir de los profesionales de campos afines a la biología, hoy en día los algoritmos son usados tanto para optimizar motores de búsqueda de información biológica como para permitir el tratamiento y análisis de esta información biológica recopilada, la biología computacional será la mejor aliada de estos nuevos profesionales. Este trabajo estudia algoritmos que permiten el tratamiento de información genética, expresada en secuencias de ADN. El estudio de secuencias de ADN para diversos fines casi siempre inicia con una revisión de similitud entre secuencias genéticas, esta evaluación computacional es conocida como análisis de secuencias genómicas y análisis múltiple de secuencias genómicas (AMS) cuando existen más de dos cadenas en el estudio comparativo.

Hoy en día la información genómica está disponible en grandes bases de datos genéticas de libre acceso y los estudios realizados a diario con esta información incluyendo el

AMS e involucran grandes volúmenes de datos y de operaciones computacionales que demandan cada vez mayor capacidad de procesamiento computacional. Este trabajo presenta un estudio comparativo de algoritmos computacionales que permiten el AMS que han sido diseñados para ser implementados mediante técnicas de computación paralela.

El primer algoritmo de estudio es ClustalW-MPI que es una versión paralelizada del algoritmo Clustalw, este algoritmo es de libre distribución y funciona sobre arquitecturas computacionales de alto rendimiento, este algoritmo fue implementado en un clúster computacional (Rock clúster). El segundo algoritmo denominado MAFFT utiliza la Transformada Rápida de Fourier, y un enfoque paralelo basado en hilos, allí los cálculos se distribuyen en el procesador mediante pequeñas tareas que se llevan a cabo al tiempo.

Ambos algoritmos fueron implementados exitosamente sobre una configuración Clúster conformada por un computador principal (Frontend) y dos computadores adicionales (nodos), se utilizó la plataforma Rock clúster para la configuración de la arquitectura computacional (basada en el sistema operativo Linux distribución CentOS).

Los algoritmos se sometieron a dos pruebas comparativas, una para medir las velocidades de procesamiento y otra para medir la eficiencia de los alineamientos obtenidos. Para medir la velocidad de procesamiento de los algoritmos se construyeron 10 archivos multifasta con secuencias de ADN de Homoserinas Lactonas (HSL), cada uno de los archivos fue construido con un número cada vez mayor de secuencias de ADN (iniciando con 20 secuencias de ADN y finalizando con 1000 secuencias de ADN). Los archivos fueron alineados utilizando los algoritmos utilizando para ClustalW-MPI agregando de forma incremental nodos computacionales (1, 2 y 3 nodos), mientras que para MAFFT se utilizaron el modo automático de ejecución y luego de forma incremental hilos de procesamiento (1, 2, 3, 4, 5, 6, y 7 hilos). Por otra parte para medir la eficiencia de alineamiento se usaron los puntos de referencia del protocolo BAliBASE

3.0 en donde a través de alineamientos de referencia se producen puntajes por cada alineamiento realizado, SP_Score (suma de pares) y TC_Score (Total de columnas).

Los resultados obtenidos en este trabajo, pueden ser usados por investigadores que requieran el uso de algoritmos de AMS y de elementos de juicio para decidir cuál implementar, nuestros resultados explican la superioridad del algoritmo MAFFT frente a ClustalW-MPI en términos de eficiencia de cálculo y disminución de tiempo de cómputo, de igual forma, este trabajo es un referente para los investigadores que comienzan a contemplar las tecnologías computacionales de alto rendimiento como un valor agregado a su labor científica, observando las ventajas y desventajas de un algoritmo en su versión paralelizada .

Palabras clave: biología computacional, computación de alto rendimiento, Alineamiento Múltiple de Secuencias (AMS), BAliBASE, MAFFT, ClustalW-MPI.

RESONANCIA CAUSAL DE LA DECADENCIA DE LAS ESTRUCTURAS

Carlos Omar Bautista Mendoza
Universidad de Santander - UDES
E-mail: carlos7577@yahoo.es

RESUMEN

Los fenómenos oscilatorios (y ondulatorios) son bien conocidos en todas partes debido a su presencia en la naturaleza y en los procesos tecnológicos, ya sea como movimientos amortiguados, forzados o simplemente armónicos simples. Su investigación ha sido desde hace mucho tiempo estudiada sobre todo en la parte experimental (movimientos forzados y amortiguados básicamente), ese estudio se fundamenta principalmente la frecuencia, la amplitud y el periodo de dichos fenómenos; claro está la base teórica que no se puede despreciar porque es aquella la que da el soporte que permite estudiar los métodos y conceptos fundamentales de la Física.

Dentro de esos fenómenos oscilatorios encontramos la resonancia tan importante de estudiar ya que permite entender procesos físicos difíciles de comprender y que es indispensable conocer su funcionamiento. Este fenómeno sucede cuando una frecuencia externa a un sistema cual-

quiera (llámese ser vivo o ser inerte) iguala a la frecuencia propia de él, ocurriendo lo que se conoce como la resonancia en la amplitud o resonancia en la energía es decir alcanza los valores máximos y que conllevan a la ruptura o al caos total.

Dentro de las muchas aplicaciones que encontramos esta la caída de las estructuras sobre todo en zonas altamente sísmicas, o expuestas constantemente a viento. La resonancia nuclear magnética que aplica el mismo concepto pero con campos magnéticos y que ha servido de mucha ayuda en la medicina. Dentro de las aplicaciones que aun no han sido objeto de estudio y que podrían llegar a darse puede ser el de aprovechar las frecuencias naturales que poseemos los seres vivos (llámese seres humanos, animales, microorganismos, plantas etc.) y en base a ella poder llegar a controlar enfermedades donde estas presentes las bacterias, los hongos y en fin los microorganismos.

Palabras clave: ondas, resonancia, oscilaciones, periodo, frecuencia, amplitud.

TRATAMIENTO DIGITAL DE IMÁGENES

Edwin Fernando Mendoza Carreño
Universidad de Santander - UDES
E-mail: efm2000@gmail.com

RESUMEN

MATLAB (*Matrix Laboratory*); es un software matemático creado por MathWorks en el año de 1984, ofrece un entorno de desarrollo integrado y con un lenguaje de programación propio. Permitiendo el manejo de matrices de forma rápida y eficiente; esto hace que puede ser aplicada en las diversas ingenierías, la microbiología y las aéreas de las ciencias de la salud. En las ingenierías podemos encontrar simulación de circuitos electrónicos, manejo de bases de datos, manejo de redes neuronales, sistemas de control, entre otras. En las ciencias de la salud podemos encontrar las aplicaciones para el manejo de imágenes digitales, reconstrucción de objetos 3D y construcción de algoritmos para la toma de decisiones.

El software **MATLAB** dispone de diversas cajas de herramientas o toolboxes, que permiten a los usuarios realizar tareas de forma rápida y eficiente disminuyendo costos en el diseño o la construcción de proyectos. Entre los toolboxes que posee está el de procesamiento de imágenes el cual permite realizar tareas como: filtrar imágenes, hacer transformadas de Fourier, correlaciones, segmentaciones, cambios de espacio de color, histogramas, entre otras. Por lo anterior, **MATLAB** es la herramienta ideal para hacer un tratamiento y un procesamiento de las imágenes digitales tomadas en nuestras profesiones.

En la actualidad las cámaras digitales las podemos tener al alcance en cualquier momento. Podemos encontrar cámaras digitales en los celulares, los portátiles, las tablet y a los computadores les podemos conectar una webcam. Por lo tanto, las imágenes digitales son la herramienta más común y de más fácil acceso en los procesos investigativos, por tal razón se hace importante que los estudiantes y los investigadores puedan obtener la mayor información de las imágenes capturadas. Basándonos en lo anterior y mediante la utilización de **MATLAB**, podemos descomponer una imagen

en RGB (red, green y blue), analizar las diferentes frecuencias que contiene la imagen, hacer mediciones y hacer histogramas para el mejoramiento de las imágenes.

Para trabajar imágenes en MATLAB debemos entender que una imagen digital es una matriz de n filas por m columnas (tamaño de la imagen por ejemplo: 640×480 tenemos 640 filas por 480 columnas) a la cual se le pueden aplicar todas las operaciones del álgebra matricial y otras operaciones lógicas. Entonces, a cada posición de la matriz se le puede adjudicar un pixel de la imagen con sus respectivos niveles de intensidad (lo más común es RGB pero puede cambiar dependiendo de la cámara), los cuales pueden ir de 0 (negro) a 256 (blanco). Ahora, supongamos que estamos observando una célula con un microscopio de fluorescencia y tomamos una fotografía. Esta imagen está tomada en RGB, entonces podemos separar los tres espacios de color para extraer información de uno de ellos. Por ejemplo, mirar solo el espacio verde que es el color que emite el reactivo que se utiliza en estos tipos de microscopios y así no tener información extra de la imagen.

Ahora bien, si estamos realizando un seguimiento a determinado evento al cual debemos realizar un estudio, lo más fácil y económico es hacer un registro fotográfico, aunque no seamos unos expertos fotógrafos. En nuestro registro podemos encontrar imágenes de bajo contraste las cuales no podemos repetir, pero realizándoles una ecualización del histograma (diagrama de número de pixeles contra intensidad) podemos mejorarlas y no perder dicha imagen. Cuando hablamos ecualizar hacemos referencia a que el promedio de los pixeles tengan el mismo nivel de intensidad, haciendo que cosas que estaban poco definidas o borrosas sean más claras y se noten más. Otra forma de mejorar imágenes es mediante la aplicación de diversos filtros ya que algunos de ellos pueden quitar líneas, quitar puntos blancos o puntos negros y pueden cambiar el contraste o el brillo de las imágenes.

Palabras clave: Imágenes digitales, MatLAB, matrices, intensidad, ecualizar

UN CONCEPTO GENERALIZADO DEL RADIÁN PARTIENDO DE SU REFERENTE GEOMÉTRICO Y LA IMPLEMENTACIÓN DE NUEVAS FUNCIONES TRIGONOMÉTRICAS

Héctor Hernando Díaz Ardila
Universidad de Santander — UDES
Grupo de Investigación: MUISCA
E-mail: hdiaz@udes.edu.co

RESUMEN

Cuando se mide un ángulo, que es una abertura delimitada por dos semirrectas situadas en un mismo plano y que tienen origen común, utilizando como unidad el radio, lo que realmente se está midiendo es el arco de la circunferencia y no el ángulo, puesto que el radio es una distancia y no es posible medir en forma directa un ángulo, que es una superficie, utilizando unidades de longitud. Esto significa que el radián no mide directamente el ángulo sino el arco de la circunferencia. Si la Matemática afirma que el radián es una medida de ángulos (y da a entender que sólo sirve para medir ángulos), se debe aclarar que es una medida indirecta a través del correspondiente arco de circunferencia.

Por otra parte, si tomando igualmente el radio como unidad de medida, en la Circunferencia Trigonométrica Unitaria, con esta unidad como medida se logran representar cada una de las funciones trigonométricas por medio de segmentos de recta y el valor de estas funciones está dado por la longitud de este segmento. Eso significa que el valor de cada una de las funciones trigonométricas también está expresado en radianes. Ahora bien, si aplicamos este mismo procedimiento a otros objetos matemáticos cuya longitud sea también proporcional al ángulo central, como la cuerda y la sagita definidas por la Geometría euclidiana, es posible crear nuevas funciones trigonométricas cuyo valor a su vez estará también expresado en radianes.

Palabras clave: ángulo, grado sexagesimal, radián, arco de circunferencia, radio de circunferencia, trigonometría.
