


**PROSPERIDAD
PARA TODOS**
**SISTEMA INTEGRAL DE GESTIÓN DE
PROYECTOS**

PRESENTACIÓN DEL PROYECTO

[Generalidades](#)
[Entidades del proyecto](#)
[Entidad Representante](#)
[Descripciones](#)
[Palabras clave](#)
[Cronograma](#)
[Resultados formación](#)
[Resultados publicaciones](#)
[Otros resultados](#)
[Cobertura - Regiones de impacto](#)
[Tipo personal](#)
[Personas](#)
[Presupuesto](#)
[Resumen por rubros](#)
[Presupuesto por entidad](#)
[Presupuesto detallado](#)
[Presupuesto global total](#)
[Presupuesto global por año](#)

Recuerde validar y enviar la información del proyecto a Colciencias

GENERALIDADES DEL PROYECTO

[Ir al menú](#)

Tipo de Proyecto	PROYECTO		
Título	Diversidad funcional de microorganismos asociados al ciclaje de C, N y P en el manglar la Ranchería (La Guajira) mediante un acercamiento de metatranscriptómica		
Convocatoria	659-2014 CONVOCATORIA PARA PROYECTOS DE CTI EN BIO-PNCTI MAR Y RECURSOS HIDROBIOLÓGICOS		
Programa	PROGRAMA NACIONAL DE CIENCIAS Y TECNOLOGÍA DEL MAR		
Línea Temática	BIODIVERSIDAD Y ECOSISTEMAS MARINOS, COSTEROS Y DULCEACUÍCOLAS		
Tipo de financiación	RECUPERACIÓN CONTINGENTE		
Duración en meses	30		
Investigador principal	Javier Vanegas	CEDULA DE CIUDADANIA:	80225579
Lugar ejecución	BOGOTÁ - DISTRITO CAPITAL		
Dirección electrónica	VCTI@uan.edu.co		

ENTIDADES DEL PROYECTO (2)

[Ir al menú](#)

Nombre de la entidad	Rol
Universidad Antonio Nariño	EJECUTOR
Universidad Nacional de Colombia	COEJECUTOR

ENTIDAD EJECUTORA

[Información completa de la entidad aquí](#)

[Ir al menú](#)

Entidad	Universidad Antonio Nariño		
Nit	860056070	Dígito de verificación	7
País	COLOMBIA		
Ciudad	BOGOTÁ - DISTRITO CAPITAL		
Dirección	Calle 58 A No. 37 - 94		
Teléfono	018000123060	Fax	
Página web	www.uan.edu.co		
Dirección electrónica	VCTI@uan.edu.co		

Representante legal

Nombre	Marta Losada Falk		
Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA	Número de identificación	51899621
Clasificación			
Sector	EDUCATIVO		
Tipo de entidad	UNIVERSIDAD PRIVADA		

Grupos de investigación (Total: 2)[Menú entidad](#)

Código	COL0027895	Nombre	Biología aplicada, química de materiales y ambiental
Código	COL0057079	Nombre	Bioingeniería

INFORMACIÓN GENERAL DE FINANCIACIÓN[Ir al menú](#)

Valor solicitado a Colciencias:	249942000
Valor contrapartida en especie:	259631379
Valor contrapartida en dinero:	0
Valor total:	509573379

ENTIDADES - INFORMACIÓN GENERAL (Total: 2)**Entidad 1 de 2**

[Información general](#) [Grupos](#)
[Menú del proyecto](#)

[Menú entidad](#)

Información general			
Entidad	Universidad Antonio Nariño		
NIT	860056070	Dígito de verificación	7
País	COLOMBIA	Ciudad	BOGOTA - DISTRITO CAPITAL
Dirección	Calle 58 A No. 37 - 94		
Teléfono	018000123060	Fax	
Página web	www.uan.edu.co		
Dirección electrónica	VCTI@uan.edu.co		
Representante legal			
Nombre	Marta Losada Falk		
Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA	Número de identificación	51899621
Datos de contacto			
Primer contacto	Nombre	Javier Vanegas Guerrero	
	Cargo	Docente-Investigador	

	Teléfono	300 3834325
	Dirección electrónica	javanegas100@uan.edu.co
Clasificación		
Sector	EDUCATIVO	
Dirección	Calle 58 A No. 37 - 94	
Teléfono	018000123060	
Tipo de entidad	UNIVERSIDAD PRIVADA	
Información adicional		
Exporta	No	
Capital		
Nacional	Público	0
	Privado	0
Extranjero	Público	0
	Privado	0
Ventas del último año	0	

Grupos (Total: 2)[Menú entidad](#)

Código	COL0027895	Nombre	Biología aplicada, química de materiales y ambiental
Código	COL0057079	Nombre	Bioingeniería

Entidad 2 de 2

[Información general](#) [Grupos](#)
[Menú del proyecto](#)

[Menú entidad](#)

Información general			
Entidad	Universidad Nacional de Colombia		
NIT	899999063	Dígito de verificación	3
País	COLOMBIA	Ciudad	BOGOTA - DISTRITO CAPITAL
Dirección	Trans 38a No 40 -04		
Teléfono	3165383	Fax	
Dirección electrónica	rectoriaun@unal.edu.co		
Representante legal			
Nombre	IGNACIO MANTILLA PRADA		
Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA	Número de identificación	19328350
Datos de contacto			
Primer contacto	Nombre	Jaime Polania	
	Cargo	Docente-Investigador	

	Teléfono	3128345067
	Dirección electrónica	jpolaniv@unal.edu.co
Clasificación		
Sector	EDUCATIVO	
Dirección	Trans 38a No 40 -04	
Teléfono	3165383	
Tipo de entidad	UNIVERSIDAD PUBLICA	
Información adicional		
Exporta	NO	
Capital		
Nacional	Público	0
	Privado	0
Extranjero	Público	0
	Privado	0
Ventas del último año	0	

Grupos (Total: 1)[Menú entidad](#)

Código	COL0068199	Nombre	Ecología y Conservación de Fauna Silvestre
---------------	------------	---------------	--

DESCRIPCIONES DEL PROYECTO (Total: 15)[Ir al menú](#)**Descripción 1 de 15****CONFORMACIÓN DEL EQUIPO DE INVESTIGACIÓN**

Grupo. Ecología y Conservación de Fauna Silvestre.

Código: COL0068199

Investigador: Jaime Polanía

Dedicación: 5h Semana

Funciones: Muestreo, análisis de datos, escritura de artículos

Grupos: Biología aplicada, química de materiales y ambiental (COL0027895)

Investigador: Javier Vanegas Guerrero

Dedicación: 20 h a la semana.

Funciones: Investigador principal. Involucrado en todas las actividades del proyecto.

Grupo. Bioingeniería

Código: COL0057079

Investigador: Paula Helena Reyes Herrera

Dedicación: 8 h Semana

Funciones: Análisis bioinformático, análisis de datos, escritura de artículos

Asesora nacional: Laura Emilia Cerón Rincón

Funciones: Asesoría en análisis enzimático, extracción DNA, RNAm, análisis bioinformático

Asesor nacional: Guillermo Gonzalo Torres Estupiñán

Funciones: Asesor en análisis bioinformático y análisis de datos.

Descripción 2 de 15

ANTECEDENTES Y RESULTADOS PREVIOS DEL EQUIPO DE INVESTIGACIÓN SOLICITANTE EN LA TEMÁTICA ESPECÍFICA DEL PROYECTO

Composición del equipo de trabajo: El grupo proponente de este proyecto está conformado por tres doctores, una candidata a doctorarse y un master representantes de la Universidad Nacional de Colombia, Universidad Antonio Nariño y Universidad Militar Nueva Granada. El grupo tiene toda la idoneidad científica y la experiencia para desarrollar esta propuesta. Cuenta con un ecofisiólogo (Dr Polanía) con experiencia -nacional e internacional- de más de 20 años en ecología y desarrollo sostenible en ecosistemas de manglar. El Dr Vanegas, microbiólogo con más de seis años de experiencia en manglares. La Dra (c) Cerón, química con experiencia en diversidad molecular taxonómica y funcional. Un elemento esencial en los trabajos de metagenómica es la bioinformática. En este grupo contamos con dos bioinformáticos, Dra Reyes y el MSc Torres, expertos en bioinformática con experiencia en acercamientos de metagenómica. Igualmente se cuenta con la asesoría del Dr Sergio Galindo Torres de la Universidad de Queensland quien suministrará un Cluster para el análisis de datos. El cluster es denominado Macondo y cuenta con las siguientes características: 128 núcleos Intel(R) Xeon (R) CPU E5-46200 @ 2.20GHz con 0.5TB de memoria y capacidad de almacenamiento de 3TB valorado en US 40K. La asesoría en el manejo de la información del Dr (c) Santiago Herrera del Massachusetts Institute of Technology.

Experiencia del grupo con respecto a la temática del proyecto:

Proyecto de investigación en microbiología de manglares:

Sánchez J., Vanegas J., Galindo T., Polanía J., Valencia H., Moreno N., Lozano A., Melgarejo L.M. Caracterización y determinación de la actividad biológica de microorganismos asociados al manglar. Financiación: Universidad Nacional de Colombia-Colciencias-CONACYT. 2004-2007.

Dos tesis de pregrado en microbiología de manglares.

Vanegas J 2004. "Determinación de la actividad fijadora de nitrógeno de diazótrofos asociados a plántulas de *Rhizophora mangle* y *Avicennia germinans* en manglares del Caribe colombiano". Trabajo de grado meritario. Directores. Jimena Sánchez Nieves y Jaime Polanía.

Galindo 2006. Capacidad solubilizadora de fosfatos de microorganismos rizosféricos asociados a dos manglares del Caribe Colombiano. Directores. Jimena Sánchez Nieves y Jaime Polanía.

Dos tesis de maestría en microbiología de manglares.

Vanegas J 2007 "Mitigación del estrés salino en plántulas de *Avicennia germinans* y *Capsicum annuum* por bacterias promotoras de crecimiento vegetal". Sugerido como Trabajo de grado meritario. Directores: Jimena Sánchez Nieves y Gina Holguín. Asesor externo: Macario Bacilio

Galindo 2008. Dinámica de la producción de ácido indol-acético de rizobacterias asociadas a las plantas de mangle *Laguncularia racemosa*, *Avicennia germinans* y *Rhizophora mangle* y su relación con moléculas señal tipo N-acil homoserin lactonas.

Artículos en microbiología de manglares y diversidad microbiana

Galindo T., Polanía J., Sánchez J., Moreno N., Vanegas J. 2006. Efecto de inoculantes microbianos sobre la promoción de crecimiento de plántulas de mangle y plantas de *Citrullus vulgaris* San Andrés Isla, Colombia. *Acta Biológica Colombiana*. 11(1): 83-97 ISSN 0563-0592.

Vanegas J., Landazábal G., Melgarejo L.M., Beltrán M., Uribe-Vélez D. 2013. Structural and functional characterization of the microbial communities associated with the upland and irrigated rice rhizospheres in a neotropical Colombian savannah. *European Journal of Soil Biology* (55) 1-8.

Artículo en análisis de metagenomas y metatranscriptomas edáfico y bioinformática

Torres-Estupiñan, G. G., & Barreto-Hernández, E. (2014). In Silico Hybridization System for Mapping Functional Genes of Soil Microorganism Using Next Generation Sequencing. In *Advances in Computational ...* (Vol. 232, pp. 337-344). Cham: Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-01568-2_48

Reyes-Herrera, Paula H & Ficarra, Elisa & Acquaviva, Andrea & Macii, Enrico. (2011). miREE: miRNA recognition elements ensemble. *BMC bioinformatics*, 12.

Reyes Herrera, Paula H & Ficarra, Elisa. (2012). One Decade of Development and Evolution of MicroRNA Target Prediction

Algorithms. Genomics, proteomics & bioinformatics, 10.

Cuatro capítulos de libro en microbiología de manglares

Holguín G., Vázquez P., Sánchez J., López Y., Flores- A.L., Melgarejo L. M., Dávila A., Galindo T., Vanegas J., Polanía, Ruíz M. 2011. Microbiología del Manglar. En: Los manglares de la península de Baja California. Páginas 155 a 183. Editores. Félix E.F., Serviere E., Rodríguez R.R., León J.L. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas-Instituto Politécnico Nacional-Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, Universidad Autónoma de Baja California Sur. ISBN 978607763406-05.

Polanía J., Vanegas J, Galindo T, Pérez A, Campos S, Sánchez J, Sosa T, Melgarejo L.M. 2012. Grupos funcionales de microorganismos de manglar del Caribe colombiano. Páginas 9-38. Editores LM Melgarejo, García CB. Investigación en Ciencias del Mar: Aportes de la Universidad Nacional de Colombia. Por Universidad Nacional de Colombia y Red de Estudios del Mundo Marino. 202 pág ISBN 978-958-761-631-6.

Vanegas J. 2007. Bacterias promotoras de crecimiento vegetal, una estrategia para facilitar el crecimiento vegetal en suelos salinos. J Sánchez (Ed) Potencial biotecnológico de microorganismos en ecosistemas naturales y agroecosistemas. Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, p. 104-113. ISBN: 958-701-571-1.

Vanegas J. 2004. Bacterias fijadoras de nitrógeno y solubilizadoras de fosfato en la rizósfera del manglar, San Andrés isla. En: Polanía J. Cuadernos del Caribe N°5. Construyendo redes en el Caribe. Universidad Nacional de Colombia, sede San Andrés. 98 p. ISSN 1794-7065.

Dos pasantías de investigación con investigadores líderes en microbiología de manglares.

Vanegas J y Galindo T. Estancias de Investigación en el Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste de México (CIBNOR) con la Dra Gina Holguín Zehfuss en el Laboratorio de Microbiología Ambiental. Del 23 de Junio del 2006 al 3 de Marzo del 2007. Líder del grupo de investigación: Yoav Bashan. bashan@cibnor.mx.

Dos Visitas de profesores investigadores con investigadores líderes en microbiología de manglares

Polanía J y Sánchez J. Visita al Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste de México (CIBNOR) con la Dra Gina Holguín Zehfuss en el Laboratorio de Microbiología Ambiental. Líder del grupo de investigación: Yoav Bashan. bashan@cibnor.mx.

Descripción 3 de 15

RESUMEN EJECUTIVO

Los manglares prestan importantes servicios ecológicos para el bienestar de la población humana. No obstante, existe una limitada información de estos servicios debido a las complejas relaciones biológicas que se establecen en este ecosistema. El estudio de la diversidad taxonómica y funcional de los microorganismos del manglar relacionado con parámetros bioquímicos y físico químicos del suelo puede contribuir a generar indicadores para la valoración de servicios ecosistémicos y la conservación de este sistema. Los microorganismos de manglar participan activamente de la transformación de la materia orgánica y su enriquecimiento, en especial de N y P. Este detrito es fundamental para el funcionamiento del manglar y por ende de los servicios ambientales que este presta, como la productividad de la pesca costera. Igualmente los microorganismos rizosféricos, mediante procesos que incluyen la fijación de N, solubilización y translocación P, suministran elementos limitantes para el crecimiento del manglar, lo que permite su establecimiento bajo condiciones de crecimiento restringidas. A pesar de la relevancia de los microorganismos en manglares, la mayoría de investigaciones se han limitado a técnicas dependientes de cultivo que no representan la diversidad de una muestra. En este proyecto se plantea como objetivo general identificar indicadores de servicios ecosistémico a través de la comparación de la diversidad taxonómica y funcional de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del nitrógeno, fósforo y carbono a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería (Departamento de la Guajira) mediante el uso de secuenciamiento de alto rendimiento. Los siguientes objetivos específicos planteados son: (1) Caracterizar la físico-química y la bioquímica del manglar del Ranchería a lo largo de un gradiente de salinidad; (2) Determinar la estructura de la población de bacterias y hongos a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar del Ranchería; (3) Comparar la transcripción de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del C, N y P a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar del Ranchería. Este trabajo podría contribuir a entender el funcionamiento de los manglares, establecer indicadores de servicios ecológicos, y lineamientos de calidad y salud del ecosistema para el desarrollo de políticas de conservación. Igualmente, se generaría información para futuras investigaciones para determinar el potencial biotecnológico de este ecosistema en áreas estratégicas como la agricultura, farmacéutica, industrial, ambiental o ciencias de la salud.

Descripción 4 de 15

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

El suelo y la diversidad microbiana de este, juegan un importante papel en el funcionamiento de diversos ecosistemas al moderar los ciclos hídricos, determina la disponibilidad de nutrientes y generar diversos servicios ambientales para el bienestar de la población humana [1]. Desde el punto de vista funcional los ciclos biogeoquímicos, especialmente el C, N y P, hacen parte de moléculas vitales como ácidos nucleicos y proteínas, adicionalmente son un factor limitante para el crecimiento vegetal y por ende afectan la capacidad productiva de los ecosistemas. Los ciclos biogeoquímicos del C, N y P están gobernados por diversas redes de actividad microbiana que determinan el funcionamiento de los manglares [1, 2] y, por lo tanto, los recursos ambientales y económicos que los manglares prestan a la sociedad. En este sentido, diversos grupos de investigación han planteado diferentes modelos conceptuales del papel ecológico de los microorganismos asociados a manglares, desde Odum y Heald [3], Alongi et al. [4], Holguín et al. [1] y Thatoi et al. [5]. Lamentablemente, estos modelos han estado limitados a técnicas no moleculares, las cuales pueden representar solo el 1% de la diversidad de los manglares. Este trabajo aportaría significativamente al entendimiento del papel de los microorganismos de manglar ya que integra (1) una caracterización físico-química y bioquímica, (2) una caracterización molecular de la diversidad taxonómica de bacterias y hongos, y (3) una caracterización de la diversidad funcional mediante un acercamiento de metatranscriptómica de los ciclos biogeoquímicos del C, N, P. El desconocimiento de la biodiversidad taxonómica y funcional de microorganismos de nuestros manglares es una pérdida para el desarrollo de políticas de conservación y el desarrollo de procesos de bioprospección para el desarrollo del país.

Las estrategias de metagenómica y metatranscriptómica hacen uso de técnicas de secuenciación de alto rendimiento que, a través de herramientas bioinformáticas, han permitido revelar con elevada resolución la diversidad taxonómica y funcional de comunidades microbianas [6 - 8]. Mientras, la metagenómica permite saber el contenido genético de la comunidad microbiana, la metatranscriptómica revela el contenido de expresión genética en un específico momento y lugar [9]. La metatranscriptómica supera las limitaciones de la qPCR y microarreglos al no limitarse el número de genes y sondas a estudiar, y la necesidad de seleccionar los genes objetivo [10]. Por otra parte, la metatranscriptómica requiere bajos recursos comparativos para estudiar la diversidad microbiana [11]. No obstante, existen grandes retos en el análisis bioinformático debido a la complejidad de la información que se pretende abordar; la mayor parte de las técnicas se basan en obtener resultados por interpolación sobre datos ya existentes. Por otra parte, la información biológicamente significativa y organizada coherentemente no está disponible en cantidades deseables. Debido a la rápida evolución de la genómica es necesaria la creación de herramientas matemáticas e informáticas altamente flexibles para la realización de tareas muy concretas que permitan manejar grandes volúmenes de datos con un acceso ordenado y racional a repositorios públicos de información [12 - 14].

Por tanto, el desafío de este proyecto es resolver la siguiente pregunta:

¿La caracterización de la diversidad taxonómica y funcional de microorganismos de manglar podría permitir establecer un mapa conceptual del funcionamiento del manglar y generar indicadores que permitan valorar los servicios ecosistémicos de este?

Descripción 5 de 15

JUSTIFICACIÓN

Se estima que los manglares ocuparon alguna vez el 75% de las costas tropicales y subtropicales del mundo [15]. Sin embargo, su cobertura se ha reducido a un 50% [16, 17] debido a proyectos de acuicultura, tala para obtención de leña y taninos, cultivo de tierras, construcciones costeras, expansión de los centros hoteleros y contaminación, entre otras [18 - 21]. Estos disturbios afectan adversamente tanto a los microorganismos como a la macrofauna del manglar y dificultan su funcionamiento, reforestación y rehabilitación [1].

La deforestación de áreas de manglar es considerada una de las principales razones para la disminución de la pesca costera en muchos países del trópico y subtrópico del mundo [19, 22]. La situación de los manglares en el Caribe colombiano es crítica: se estima que una superficie de 40.000 ha ha sido alterada y deteriorada, al punto de perder su arbolado y en la actualidad se presentan como zonas de alta salinidad con componentes faunísticos bastante disminuidos [18, 23- 25]. En la Guajira (Riohacha) existen áreas de marcado deterioro del manglar que podrían requerir acciones de restauración inmediatas [26]. A pesar de la relevancia de los microorganismos del manglar para el ciclaje de nutrientes [1-3] su diversidad taxonómica y funcional ha sido poco estudiada a nivel genético [27 - 31]. Este proyecto plantea la posibilidad de generar un mapa conceptual del papel de los microorganismos mediante un acercamiento de metatranscriptómica.

A partir de este trabajo no solo se establecería la diversidad y función de los microorganismos sino que se abre la oportunidad para determinar el potencial genético de los manglares en diversas áreas de interés biotecnológico. [32]. Se considera que los microorganismos de ambientes marinos son una fuente de nuevos metabolitos con potencial biomédico y biotecnológico poco explorada [33]. De manglares se han recuperado organismos con actividad nitrogenasa, solubilización de P, bacterias sulfato reductoras, bacterias desnitrificantes, amonificantes, bacterias fotosintéticas anoxigénicas, metanogénicas, hongos degradadores de madera (revisión de Holguín et al. [1] y Polanía [26]), organismos con potencial biodegradador de agentes xenobióticos como hidrocarburos [34, 35], metales pesados [36, 37], plásticos y polietileno [38], organismos mitigadores del estrés salino en cultivos comerciales [39, 40], bacterias productoras de moléculas señal [41], actinomicetos con actividad antimicrobiana [33], *Bacillus thuringiensis* con actividad insecticida [42] y aislamiento con actividad antitumoral [43].

Descripción 6 de 15

MARCO CONCEPTUAL

Los manglares y su importancia.

El manglar es un ecosistema que se desarrolla en la zona intermareal de las costas tropicales y subtropicales del mundo [44]. Este ecosistema tiene un importante papel como zona de cría, refugio y alimentación para numerosos organismos, tales como nematodos, poliquetos, crustáceos, moluscos, insectos y peces, algunos de estos de importancia comercial como, camarón, ostiones, mejillones, juveniles de pargos, róbalo y corvinas, entre otros [45, 46]. De los manglares dependen aves, tanto residentes como migratorias, que se encuentran amenazadas o están sujetas a protección especial [47 - 49]. Igualmente, los manglares proporcionan beneficios ecológicos que, a su vez, sostienen diferentes actividades económicas, como la protección a inundaciones y huracanes, reducción de la erosión de la línea de costa, mantenimiento de la diversidad, regulación climática, evitan la eutrofización del cuerpo lagunar y zonas marinas adyacentes [44-46].

Importancia de los microorganismos en el manglar.

La mayoría de manglares son ricos en materia orgánica pero deficientes en nutrientes, especialmente N y P [1, 50 - 53]. No obstante, los manglares son altamente productivos, lo cual puede ser explicado por un sistema de reciclaje de nutrientes en el que los escasos nutrientes son retenidos y los nuevos son regenerados por descomposición de las hojas del bosque [2, 5, 53-55].

En la transformación de nutrientes dentro del manglar existe una cíclica relación entre microorganismos - nutrientes - plantas como el principal mecanismo de reciclaje y conservación de nutrientes [1, 5]. La alta productividad y diversidad microbiana en los ecosistemas de manglar transforma continuamente la necromasa en fuentes de N, P y otros elementos que pueden ser utilizados por las plantas [1, 53]. A su vez, las plantas exudan a nivel radicular fuentes alimenticias (ácidos orgánicos, carbohidratos, aminoácidos, moléculas de señalización, entre otros) para mantener los organismos en el ecosistema [1]. La interrupción parcial de la actividad microbiana tendría un impacto negativo sobre la productividad de mangle y podría conducir a una pérdida severa de la producción pesquera y de camarón en aguas costeras [1, 22].

11. Estado del arte: Revisión actual de la temática en el contexto nacional e internacional, avances, desarrollos y tendencias.

Diversidad microbiana en manglares.

Los métodos dependientes de cultivo no representan la diversidad microbiana de una muestra, y podrían constituir únicamente el 1% de la diversidad total [56]. La microbiología en manglares se ha limitado al número más probable de bacterias, cambios espaciales y temporales de la abundancia de bacterias y la productividad bacterioplanctónica [57 - 60]. Pocos estudios han abordado la diversidad taxonómica molecular de las bacterias de manglar [27 - 29, 31, 61, 62,]. Por ejemplo, Jiang et al. [31], mediante secuenciación masiva de Illumina, estableció la diversidad microbiana de suelos de manglar. Ellos reportaron la presencia de Actinobacteria, Acidobacteria, Nitrospirae, Verrucomicrobia, Proteobacteria y Deferribacterias. Por otra parte, Pires et al. [62], estableció la diversidad de arqueas mediante pirosecuenciación y DGGE (electroforesis de gel en un gradiente denaturante). La mayor diversidad de arqueas fue registrada en la rizósfera de árboles de *Laguncularia racemosa*, seguida de sedimentos y la rizósfera de *Rhizophora mangle* [62].

Días et al. [61] determinó en manglares bien preservados del Brasil, mediante DGGE y amplificación del gen 16S RNAr, predominio de Alphaproteobacteria (40%), Gammaproteobacteria (19%) y Acidobacteria (27%). Mientras, los grupos menos representados fueron Actinobacteria, Bacteroidetes, Betaproteobacteria, Deltaproteobacteria y Firmicutes. En manglares subtropicales de la China, las Proteobacterias fueron predominantes (67%), mientras los menos representados fueron Actinobacteria, Chloroflexi, Cytophaga-Flexibacter-Bacteroides, Firmicutes y Fusobacteria, entre otros [27]. Días et al. [61] estableció que la estructura de la comunidad de bacterias estuvo influenciada principalmente por los cambios en el contenido de materia orgánica, pH, conductividad, concentración de nutrientes, temperatura y disponibilidad de O. La diversidad molecular de bacterias también depende de la especie vegetal, las características ecológicas del manglar [28], los ciclos de oleaje y la estación [63]. Por otra parte, Gomes et al. [29] no encontró diferencias en la diversidad bacteriana de manglares afectados por diferentes niveles de contaminación por hidrocarburos, lo que sugiere una gran diversidad metabólica microbiana para degradar agentes xenobióticos.

Ciclo de Carbono

La degradación de la materia orgánica en los sedimentos de manglar es un proceso mediado por microorganismos y da lugar a una biomasa rica en energía, N, y sustancias húmicas muy recalcitrantes [1, 3, 64]. En manglares se han identificado bacterias heterótrofas con actividad celulolítica, pectinolítica, amilolítica y proteolítica [65 - 67]. Igualmente, los hongos, además de degradar lignina y celulosa, pueden presentar actividad pectinolítica, proteolítica y amilolítica [1, 52, 68 - 70]. La descomposición de la madera de mangle por hongos marinos se restringe a las capas exteriores y ocurre casi inmediatamente [1, 71]. No obstante, existe una gran diversidad de hongos endofíticos de plantas manglar [72]. En todo caso, el papel de los hongos en el reciclaje de nutrientes en los manglares se conoce pobremente. Es indispensable implementar técnicas para

determinar su abundancia, así como estudiar la naturaleza y las actividades de enzimas extracelulares y su rol en la dinámica del detrito manglar. En la degradación de la materia orgánica también han sido reportados algas y actinomicetes [73]. El detrito generado por esta actividad microbiana es considerado base de una extensa red trófica [22, 74]. Es de resaltar que un 40% de la materia orgánica foliar del manglar se disuelve y es rápidamente convertido en biomasa microbiana [75].

Metano. Los microorganismos metanogénicos son favorecidos en los manglares por la falta de oxígeno a pocos centímetros de la superficie y la abundancia de materia orgánica [76]. Dado el descubrimiento de actividad metanogénica en algunos suelos de manglar [2, 77], se cree que pueden ser una fuente de metano a la atmósfera mayor de lo que se creía hasta ahora. Entre las especies reportadas se encuentran las bacterias *Methanococcoides methylutens*, *Methanosarcina semesiae* [78], *Methanopyrus kandleri* y *Methanothermococcus thermolithotrophicus* [79]. Por otra parte, la metanogénesis explica sólo 1-10% de toda la descomposición de C microbiano en suelos manglares, Kreuzwieser et al. [80] descubrieron tasas de emisión (3,9-5,0 $\mu\text{mol CH}_4 \text{ m}^{-2}$) en raíces zanco de *R. stylosa* de bosques australianos, mientras que Purvaja et al. [81] detectaron metanógenos en los tejidos aerenquimáticos de neumatóforos de *A. marina* y tasas de emisión correlacionadas positivamente con sus densidades. Igualmente, Strangmann et al. [82] indican que el enriquecimiento orgánico derivado de la acuicultura y las aguas servidas, las altas concentraciones y los flujos de metano reducen el crecimiento de las plántulas de mangle.

Ciclo del Nitrógeno

Los manglares son, generalmente, deficientes en N, pero presentan altas tasas de fijación, que pueden contribuir entre el 40 y 60% del requerido por el ecosistema [1, 83]. La alta actividad nitrogenasa en los manglares obedece a la acumulación y degradación de materia orgánica, suministro de fuentes de C por exudados radiculares [51, 83], bajas concentraciones de N [4] y diversos microhábitats, donde los diazótrofos pueden establecerse para encontrar las concentraciones ideales de O para fijar N [84]. Dicha actividad puede ser limitada por fuentes de C [43], baja disponibilidad de O [85] y altas concentraciones de N inorgánico [63]. La mayoría de estudios de fijación de N en manglares ha estimado la actividad de la nitrogenasa por el ensayo de reducción de acetileno [85, 86] o recuentos bacterianos en medios libres de N [51, 39]. Sin embargo, pocos trabajos han abordado la diversidad molecular de bacterias fijadoras de N o diazótrofos [87, 88].

Zhang et al. [88] estudiaron la diversidad molecular de diazótrofos mediante el polimorfismo del gen *nifH*, empleando DGGE; y Flores-Mireles et al. [87] por polimorfismos de fragmentos terminales de restricción (T-RFLP). En los manglares predominan las Proteobacterias [87, 88] de géneros como *Azotobacter*, *Desulfuromonas*, *Sphingomonas*, *Geobacter*, *Pseudomonas*, *Bradyrhizobium* y *Derxia* [88]. La variabilidad en la estructura de diazótrofos se correlacionó con la concentración de C orgánico y la disponibilidad de K en el suelo [88].

La fijación de N en manglares depende del grado de alteración del ecosistema, las condiciones climáticas y las características físico-químicas del sedimento [85, 86, 89]. La mayor diversidad de diazótrofos se ha presentado en lugares con altos contenido de materia orgánica, alto porcentaje de humedad, y menor concentración de O en el agua [63, 87]. Entre manglares conservados y restaurados -natural y artificialmente- no se encontraron diferencias en la actividad nitrogenasa, mientras en los alterados hay una disminución de la fijación de N [85]. Ésta fue mayor durante las épocas de más precipitación y altas temperaturas, donde aumentaron los niveles de pH y disminuyó la salinidad [85]. Por otra parte, la disminución de la fijación de N en manglares alterados está asociada con el incremento del amonio, la salinidad y el pH [86].

En manglares conservados las tasas de fijación de N y la diversidad de diazótrofos fue superior a las de desnitrificación y diversidad de desnitrificantes [63, 87, 90], a pesar de que muchos diazótrofos tienen la facultad tanto de fijar N como de desnitrificar [91]. La entrada de fuentes nitrogenadas por contaminación por fertilizantes y aguas residuales puede romper este balance, inhibiendo la fijación de N y aumentar las tasas de desnitrificación [1]. El proceso de desnitrificación es estimulado por bajos niveles de O y la presencia de un óxido de N respirable [63, 92].

El ciclo del fósforo

El fosfato, en su forma soluble, puede ser retenido por algunos suelos y su disponibilidad para las plantas disminuye [93]. En suelos alcalinos, como los estudiados en el Caribe colombiano, el P es retenido por el calcio [94]. La transformación del P en los suelos de manglar aún no se ha entendido cabalmente. Los manglares consumen P soluble, lo cual implica interrelaciones entre las bacterias, los hongos y las raíces. Por ejemplo, los hongos micorrízicos del manglar se benefician del O trasladado por los árboles a sus raíces, y la presencia de vesículas en células radiculares de algunas especies de mangle, sugiere que los simbiontes desempeñan un papel en el aporte de nutrientes [95]. No obstante, los estudios de micorrizas asociados a manglares son escasos [95- 98]. Por otra parte, los microorganismos solubilizadores de P asociados a las raíces pueden liberar fosfato, el cual podría ser tomado por las hifas y transferido al anfitrión o tomado directamente por las raíces [2].

Solubilizadores de fosfato. Los microorganismos que producen altas cantidades de ácidos orgánicos o poseen fosfatasas en el medio en donde crecen se denominan solubilizadores de fosfatos [99]. Específicamente, la solubilización microbiana ocurre debido a la producción de ácidos orgánicos, que compiten con el fosfato y forman complejos con los cationes que lo inmovilizan, liberando fosfato a la solución de suelo. Las especies más eficientes en pruebas in vitro en manglares han sido *Vibrio proteoliticus* y *Xanthobacter agilis* [100] y entre los géneros de hongos solubilizadores de fosfato se encuentran *Aspergillus* spp, *Penicillium* spp y algunas levaduras [100 - 102]. Los microorganismos solubilizadores de fosfato tienen el potencial de promover el crecimiento de plantas de manglar y ser una importante herramienta en procesos de restauración en manglares [100, 102]. A pesar de la relevancia de este grupo de microorganismos su diversidad se ha limitado a técnicas

dependientes de cultivo [103, 104].

Zonación en manglares y factores que la influyen. Los bosques de manglar tienden a formar zonas más o menos delimitadas en las cuales predominan diferentes especies vegetales [23, 105, 106], las cuales están influenciadas por gradientes de inundación, salinidad y disponibilidad de nutrientes [107]. En Colombia, las franjas de manglar expuestas al mar suelen estar dominadas por *R. mangle*, detrás de las cuales suelen aparecer *A. germinans* y/o *L. racemosa*, seguidas por *Conocarpus erectus* [108]. Esta zonación se ha interpretado como la capacidad de adaptación (o tolerancia) de las especies de manglar a diversos tensores ambientales [109] y un indicador de la salud del ecosistema o los grados de tensión que está sufriendo [110 - 112]. Nosotros evaluaremos la hipótesis que la zonación de manglares determina la distribución de los microorganismos y podría jugar un papel relevante en la mitigación de tensores (nutricionales y químicos) que debe tolerar una especie vegetal para establecerse. Igualmente, con este trabajo podríamos hacer un aporte significativo al modelo del funcionamiento de los manglares, ya que sería el primer acercamiento de la diversidad funcional descrito hasta el momento mediante técnicas de metatranscriptómica.

Descripción 7 de 15

ESTADO DEL ARTE

Diversidad microbiana en manglares.

Los métodos dependientes de cultivo no representan la diversidad microbiana de una muestra, y podrían constituir únicamente el 1% de la diversidad total [56]. La microbiología en manglares se ha limitado al número más probable de bacterias, cambios espaciales y temporales de la abundancia de bacterias y la productividad bacterioplanctónica [57 - 60]. Pocos estudios han abordado la diversidad taxonómica molecular de las bacterias de manglar [27 - 29, 31, 61, 62,]. Por ejemplo, Jiang et al. [31], mediante secuenciación masiva de Illumina, estableció la diversidad microbiana de suelos de manglar. Ellos reportaron la presencia de Actinobacteria, Acidobacteria, Nitrospirae, Verrucomicrobia, Proteobacteria y Deferribacterias. Por otra parte, Pires et al. [62]. estableció la diversidad de arqueas mediante pirosecuenciación y DGGE (electroforesis de gel en un gradiente denaturante). La mayor diversidad de arqueas fue registrada en la rizósfera de árboles de *Laguncularia racemosa*, seguida de sedimentos y la rizósfera de *Rhizophora mangle* [62].

Días et al. [61] determinó en manglares bien preservados del Brasil, mediante DGGE y amplificación del gen 16S RNAr, predominio de Alphaproteobacteria (40%), Gammaproteobacteria (19%) y Acidobacteria (27%). Mientras, los grupos menos representados fueron Actinobacteria, Bacteroidetes, Betaproteobacteria, Deltaproteobacteria y Firmicutes. En manglares subtropicales de la China, las Proteobacterias fueron predominantes (67%), mientras los menos representados fueron Actinobacteria, Chloroflexi, Cytophaga-Flexibacter-Bacteroides, Firmicutes y Fusobacteria, entre otros [27]. Días et al. [61] estableció que la estructura de la comunidad de bacterias estuvo influenciada principalmente por los cambios en el contenido de materia orgánica, pH, conductividad, concentración de nutrientes, temperatura y disponibilidad de O. La diversidad molecular de bacterias también depende de la especie vegetal, las características ecológicas del manglar [28], los ciclos de oleaje y la estación [63]. Por otra parte, Gomes et al. [29] no encontró diferencias en la diversidad bacteriana de manglares afectados por diferentes niveles de contaminación por hidrocarburos, lo que sugiere una gran diversidad metabólica microbiana para degradar agentes xenobióticos.

Ciclo de Carbono

La degradación de la materia orgánica en los sedimentos de manglar es un proceso mediado por microorganismos y da lugar a una biomasa rica en energía, N, y sustancias húmicas muy recalcitrantes [1, 3, 64]. En manglares se han identificado bacterias heterótrofas con actividad celulolítica, pectinolítica, amilolítica y proteolítica [65 - 67]. Igualmente, los hongos, además de degradar lignina y celulosa, pueden presentar actividad pectinolítica, proteolítica y amilolítica [1, 52, 68 - 70]. La descomposición de la madera de mangle por hongos marinos se restringe a las capas exteriores y ocurre casi inmediatamente [1, 71]. No obstante, existe una gran diversidad de hongos endofíticos de plantas manglar [72]. En todo caso, el papel de los hongos en el reciclaje de nutrientes en los manglares se conoce pobremente. Es indispensable implementar técnicas para determinar su abundancia, así como estudiar la naturaleza y las actividades de enzimas extracelulares y su rol en la dinámica del detrito manglar. En la degradación de la materia orgánica también han sido reportados algas y actinomicetes [73]. El detrito generado por esta actividad microbiana es considerado base de una extensa red trófica [22, 74]. Es de resaltar que un 40% de la materia orgánica foliar del manglar se disuelve y es rápidamente convertido en biomasa microbiana [75].

Metano. Los microorganismos metanogénicos son favorecidos en los manglares por la falta de oxígeno a pocos centímetros de la superficie y la abundancia de materia orgánica [76]. Dado el descubrimiento de actividad metanogénica en algunos suelos de manglar [2, 77], se cree que pueden ser una fuente de metano a la atmósfera mayor de lo que se creía hasta ahora. Entre las especies reportadas se encuentran las bacterias *Methanococcoides methylutens*, *Methanosarcina semesiae* [78], *Methanopyrus kandleri* y *Methanothermococcus thermolithotrophicus* [79]. Por otra parte, la metanogénesis explica sólo 1-10% de toda la descomposición de C microbiano en suelos manglar. Kreuzwieser et al. [80] descubrieron tasas de emisión (3,9-5,0 $\mu\text{mol CH}_4 \text{ m}^{-2}$) en raíces zanco de *R. stylosa* de bosques australianos, mientras que Purvaja et al. [81] detectaron metanógenos en los tejidos aerenquimáticos de neumatóforos de *A. marina* y tasas de emisión correlacionadas positivamente con sus densidades. Igualmente, Strangmann et al. [82] indican que el enriquecimiento orgánico derivado de la acuicultura y las aguas servidas, las altas concentraciones y los flujos de metano reducen el crecimiento de las plántulas de mangle.

Ciclo del Nitrógeno

Los manglares son, generalmente, deficientes en N, pero presentan altas tasas de fijación, que pueden contribuir entre el 40 y 60% del requerido por el ecosistema [1, 83]. La alta actividad nitrogenasa en los manglares obedece a la acumulación y degradación de materia orgánica, suministro de fuentes de C por exudados radiculares [51, 83], bajas concentraciones de N [4] y diversos microhábitats, donde los diazótrofos pueden establecerse para encontrar las concentraciones ideales de O para fijar N [84]. Dicha actividad puede ser limitada por fuentes de C [43], baja disponibilidad de O [85] y altas concentraciones de N inorgánico [63]. La mayoría de estudios de fijación de N en manglares ha estimado la actividad de la nitrogenasa por el ensayo de reducción de acetileno [85, 86] o recuentos bacterianos en medios libres de N [51, 39]. Sin embargo, pocos trabajos han abordado la diversidad molecular de bacterias fijadoras de N o diazótrofos [87, 88].

Zhang et al. [88] estudiaron la diversidad molecular de diazótrofos mediante el polimorfismo del gen *nifH*, empleando DGGE; y Flores-Mireles et al. [87] por polimorfismos de fragmentos terminales de restricción (T-RFLP). En los manglares predominan las Proteobacterias [87, 88] de géneros como *Azotobacter*, *Desulfuromonas*, *Sphingomonas*, *Geobacter*, *Pseudomonas*, *Bradyrhizobium* y *Derris* [88]. La variabilidad en la estructura de diazótrofos se correlacionó con la concentración de C orgánico y la disponibilidad de K en el suelo [88].

La fijación de N en manglares depende del grado de alteración del ecosistema, las condiciones climáticas y las características físico-químicas del sedimento [85, 86, 89]. La mayor diversidad de diazótrofos se ha presentado en lugares con altos contenido de materia orgánica, alto porcentaje de humedad, y menor concentración de O en el agua [63, 87]. Entre manglares conservados y restaurados -natural y artificialmente- no se encontraron diferencias en la actividad nitrogenasa, mientras en los alterados hay una disminución de la fijación de N [85]. Ésta fue mayor durante las épocas de más precipitación y altas temperaturas, donde aumentaron los niveles de pH y disminuyó la salinidad [85]. Por otra parte, la disminución de la fijación de N en manglares alterados está asociada con el incremento del amonio, la salinidad y el pH [86].

En manglares conservados las tasas de fijación de N y la diversidad de diazótrofos fue superior a las de desnitrificación y diversidad de desnitrificantes [63, 87, 90], a pesar de que muchos diazótrofos tienen la facultad tanto de fijar N como de desnitrificar [91]. La entrada de fuentes nitrogenadas por contaminación por fertilizantes y aguas residuales puede romper este balance, inhibiendo la fijación de N y aumentar las tasas de desnitrificación [1]. El proceso de desnitrificación es estimulado por bajos niveles de O y la presencia de un óxido de N respirable [63, 92].

El ciclo del fósforo

El fosfato, en su forma soluble, puede ser retenido por algunos suelos y su disponibilidad para las plantas disminuye [93]. En suelos alcalinos, como los estudiados en el Caribe colombiano, el P es retenido por el calcio [94]. La transformación del P en los suelos de manglar aún no se ha entendido cabalmente. Los manglares consumen P soluble, lo cual implica interrelaciones entre las bacterias, los hongos y las raíces. Por ejemplo, los hongos micorrízicos del manglar se benefician del O traslocado por los árboles a sus raíces, y la presencia de vesículas en células radiculares de algunas especies de mangle, sugiere que los simbiontes desempeñan un papel en el aporte de nutrientes [95]. No obstante, los estudios de micorrizas asociados a manglares son escasos [95- 98]. Por otra parte, los microorganismos solubilizadores de P asociados a las raíces pueden liberar fosfato, el cual podría ser tomado por las hifas y transferido al anfitrión o tomado directamente por las raíces [2].

Solubilizadores de fosfato. Los microorganismos que producen altas cantidades de ácidos orgánicos o poseen fosfatasas en el medio en donde crecen se denominan solubilizadores de fosfatos [99]. Específicamente, la solubilización microbiana ocurre debido a la producción de ácidos orgánicos, que compiten con el fosfato y forman complejos con los cationes que lo inmovilizan, liberando fosfato a la solución de suelo. Las especies más eficientes en pruebas in vitro en manglares han sido *Vibrio proteoliticus* y *Xanthobacter agilis* [100] y entre los géneros de hongos solubilizadores de fosfato se encuentran *Aspergillus* spp, *Penicillium* spp y algunas levaduras [100 - 102]. Los microorganismos solubilizadores de fosfato tienen el potencial de promover el crecimiento de plantas de manglar y ser una importante herramienta en procesos de restauración en manglares [100, 102]. A pesar de la relevancia de este grupo de microorganismos su diversidad se ha limitado a técnicas dependientes de cultivo [103, 104].

Zonación en manglares y factores que la influyen. Los bosques de manglar tienden a formar zonas más o menos delimitadas en las cuales predominan diferentes especies vegetales [23, 105, 106], las cuales están influenciadas por gradientes de inundación, salinidad y disponibilidad de nutrientes [107]. En Colombia, las franjas de manglar expuestas al mar suelen estar dominadas por *R. mangle*, detrás de las cuales suelen aparecer *A. germinans* y/o *L. racemosa*, seguidas por *Conocarpus erectus* [108]. Esta zonación se ha interpretado como la capacidad de adaptación (o tolerancia) de las especies de manglar a diversos tensores ambientales [109] y un indicador de la salud del ecosistema o los grados de tensión que está sufriendo [110 - 112]. Nosotros evaluaremos la hipótesis que la zonación de manglares determina la distribución de los microorganismos y podría jugar un papel relevante en la mitigación de tensores (nutricionales y químicos) que debe tolerar una especie vegetal para establecerse. Igualmente, con este trabajo podríamos hacer un aporte significativo al modelo del funcionamiento de los manglares, ya que sería el primer acercamiento de la diversidad funcional descrito hasta el momento mediante técnicas de metatranscriptómica.

Descripción 8 de 15**OBJETIVO GENERAL**

Identificar indicadores de servicios ecosistémico a través de la comparación de la diversidad taxonómica y funcional de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del nitrógeno, fósforo y carbono a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería (Departamento de la Guajira) mediante un acercamiento de metatranscriptómica.

Descripción 9 de 15**OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

1. Caracterización físico-química y bioquímica del manglar de la Ranchería a lo largo de un gradiente de salinidad.
2. Determinar la estructura de la población de bacterias y hongos a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería.
3. Comparar la presencia y la transcripción de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del nitrógeno, fósforo y carbono a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería.
4. Identificar indicadores de servicios ecosistémico usando los resultados de transcriptómica comparativa

Descripción 10 de 15**METODOLOGÍA**

Muestreo. Del manglar de la desembocadura del río Ranchería se determinarán tres zonas de muestreo que difieren de su nivel de salinidad y la composición florística [113, 114]. De cada zona se tomarán cuatro muestras integrales de suelo rizosféricos/raíces de plantas de *A. germinans*. Cada muestra integral consistirá de al menos cinco plantas. El suelo rizosféricos/raíces consiste en suelo adherido a raíces luego de agitar vigorosamente plantas jóvenes de *A. germinans* de altura no superior a los 60 cm. Una muestra integral se empleará para determinar el análisis físico químico del suelo.

1. Caracterización físico-química y bioquímica del manglar de la Ranchería a lo largo de un gradiente de salinidad.

Análisis físico-químico. Para cada zona se tomará una muestra integral de suelo rizosféricos para determinar el pH del suelo; el C orgánico; iones intercambiables como el Ca, K, Mg y Na; acidez intercambiable (AI); capacidad de intercambio catiónico; P aprovechable; Cu, Fe, Mn, Zn, B; porcentaje de arcillas, limo y arena; nitrógeno total; NH_4^+ y NO_3^- según procedimientos estándares de Horwitz [115].

Actividad enzimática. La actividad arilsulfatasa (EC 3.1.6.1) se determinará según metodología de Tabatabai y Bremner [116]. La actividad proteasa (EC 3.4.2.21-24) se determinará según Ladd y Butler [117]. La actividad fosfatasa ácida (EC 3.1.3.2) y fosfatasa alcalina (EC 3.1.3.1) se determinarán según lo descrito por Tabatabai y Bremner [118]. La actividad β -glucosidasa (E.C.3.2.1.21) según describe Turner et al. [119]. Estos protocolos han sido estandarizados según se describe en Cerón y Melgarejo [120] y Avellaneda [121]. Para determinar si existen diferencias estadísticas entre las zonas muestreadas se realizará una ANOVA. Diferencias con $P > 0.05$ serán consideradas significativas. Se empleará un análisis de comparaciones múltiples de Tukey para determinar diferencias entre los parámetros evaluados.

2. Determinar la estructura de la población de bacterias y hongos a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería.

Extracción DNA, amplificación por PCR y secuenciación. Se extraerá el DNA de 0,5g de peso fresco de suelo rizosféricos/raíces mediante el kit de DNA de PowerSoil (Mo Bio Laboratories Inc., USA) de cada muestra integral. Los primers 967F y 1046R se emplearán para amplificar fragmentos de la región V6 del 16S rRNA según se describe en Jiang et al., [31]. La diversidad de hongos se establecerá mediante la amplificación de ITS (internal transcribed spacers) del DNA según se describe en Arf et al., [122] empleando los primers ITS1F y ITS4. Se usarán diferentes Barcodes para identificar cada muestra integral. El triplicado de cada PCR será purificado y cuantificado. Una mezcla equimolar de amplicones será preparada para secuenciar mediante pirosecuenciación 454 (454 Life Sciences/Roche Applied Biosystems) o mediante paired-end (PE) por Solexa Genome Analyzer (GAII) usando la estrategia PE75. Esta decisión dependerá de los avances y las nuevas tecnologías que estén presentes en el momento de enviar a secuencias.

Análisis de datos. Basados en la metodología planteada por Costello et al. [123], se realizará un pre-procesamiento de las secuencias con el fin de eliminar toda la información de mala calidad que pueda generar errores en los análisis posteriores; alinear las secuencias ya procesadas con la bases de datos de referencia para marcadores moleculares con el ánimo de asignar las lecturas del metagenoma; definir las unidades taxonómicas operativas (OTUs) según similitud para evaluar la estructura ecológica de la comunidad bajo una perspectiva de diversidad alpha (riqueza y abundancia).

3. Comparar la presencia y la transcripción de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del nitrógeno, fósforo y carbono a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería

Extracción de RNAm. De cada muestra integral preservada en nitrógeno líquido a -80°C, se extraerá el RNAm según lo propuesto por Gao et al. [124] y Frias-Lopez et al. [125]. La extracción de ARN se realizará en tres fases: (1) Extracción total de ARN usando el Kit de MO BIO; (2). Enriquecimiento de ARNm de la comunidad bacteriana usando el kit mRNA-ONLY? Prokaryotic mRNA isolation de Epicentre que elimina los ARNr bacterianos (16S y 23S), cadenas sencillas de ADN y cadenas dobles de ADN con un grupo fosfato en el extremo 5'; (3). Dos rondas de amplificación de ARNm utilizando el kit μ MACS? One-Step T7 Template, previa poliadenilación de los transcritos bacterianos usando poli(A) Polymerase Tailing Kit de Epicentre. Las suspensiones de amplicones serán combinadas para cada muestra integral. La mezcla de suspensiones será sujeta a secuenciación paired-end (PE) por Solexa Genome Analyzer (GAII) usando la estrategia PE75, a menos que se presenten nuevas tecnologías para secuenciación.

Análisis de datos. Se seguirá y adaptará la metodología planteada para estudios de metatranscriptómica de suelos por Carvalhais et al. [126]. Se pre-procesarán las secuencias producto a través de la eliminación de errores y verificación de calidad. Se definirán y seleccionarán los genes claves del ciclo del C, N y P que caractericen las comunidades edáficas, posteriormente se realizará el rastreo y mapeo de dichos genes sobre las lecturas secuenciadas, utilizando algoritmos de homología. Finalmente se realizará el cálculo abundancia de los genes mapeos y se compararán los resultados obtenidos para las diferentes muestras.

El análisis de datos de secuenciamiento de alto rendimiento de corta longitud ha mostrado ser más preciso utilizando una aproximación de homología [127, 128], sin embargo el requerimiento computacional que requiere esta estrategia es considerablemente alto y proporcional al tamaño del conjunto de datos a analizar [128], por otra parte la cantidad de información generada puede contener cientos de millones de reads y algunas veces alcanzar billones, e incrementa con cada análisis bioinformático elaborado, de manera que al final el tamaño de los datos resultantes alcanzaría hasta 5 veces el tamaño original. Por otro lado, las herramientas necesarias para el análisis de este tipo de datos son en su mayoría de fuente abierta, sin embargo, su instalación y ejecución se hace a través de línea de comandos bajo plataforma Linux, lo cual propone que las herramientas computacionales deben cumplir características particulares en cuanto al software instalado.

Para suplir estas necesidades es necesario utilizar computación avanzada. En particular, se estima que para este proyecto se necesite un mínimo de 144 GB de RAM, alrededor de 40 unidades de procesamiento y varios terabytes de almacenamiento. En este sentido, el uso de la infraestructura bioinformática del país, BIOS, no solamente sería pertinentes, sino necesaria, por cuanto su construcción ha sido orientada al desarrollo de flujos de trabajo para el análisis genómico y transcriptómico global de ecosistemas, adicionalmente su recurso humano es idóneo en asistencia para la implementación, generación y desarrollo de aproximaciones bioinformática del análisis de datos de alto rendimiento que se pretenden en este proyecto.

Actividades con participación del grupo BIOS: (1) Procesamiento de secuencias, (2) recuperación de información clave de los ciclos biogeoquímicos y almacenamiento de dicha información en un sistema de información (3) instalación y ejecución de herramientas de asignación taxonómica y funcional (4) desarrollo e implementación de flujos de trabajo para la visualización de resultados y metatranscriptómica comparativa.

4. Identificar indicadores de servicios ecosistémico usando los resultados de transcriptómica comparativa.

El uso de métodos estadísticos multivariados como análisis de componentes múltiples (ACM) y/o análisis de componentes principales (PCA) permitirán integrar metadatos para relacionar variables cuantitativas y cualitativas [129]. Posteriormente a estos resultados se implementarán métodos de clusterización para identificar relaciones e identificar nuevas variables. A partir de las nuevas variables se identifican cuales caracterizan mejor los ecosistemas desde el punto de vista de servicios ecosistémicos.

Descripción 11 de 15

RESULTADOS ESPERADOS DE LA INVESTIGACIÓN

Objetivo general. Identificar indicadores de servicios ecosistémico a través de la comparación de la diversidad taxonómica y funcional de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del nitrógeno, fósforo y carbono a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería (Departamento de la Guajira) mediante un acercamiento de metatranscriptómica.

Resultado esperado: Poder establecer un modelo conceptual del papel de los microorganismos del manglar a partir de: (1) una caracterización físico química y bioquímica de los suelos del manglar a lo largo de un gradiente de salinidad, (2) la diversidad taxonómica de bacterias y hongos y (3) la diversidad de genes asociados a tres ciclos biogeoquímicos como el carbono, el nitrógeno y el fósforo. A partir de este modelo identificar puntos críticos del ecosistema que permitan evaluar los servicios

ecosistémicos que prestan los manglares y que puedan ser usados en políticas de toma de decisiones.

Objetivo específicos.

1. Caracterización físico-química y bioquímica del manglar de la Ranchería a lo largo de un gradiente de salinidad.

Resultado esperado. Caracterizar el manglar de la desembocadura del río Ranchería a lo largo de un gradiente de salinidad a nivel físico-químico y bioquímico para correlacionar esta información con la diversidad taxonómica y funcional de microorganismos.

2. Determinar la estructura de la población de bacterias y hongos asociados a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería.

Resultado esperado. Generar una lista taxonómica de bacterias y hongos en los diferentes puntos de muestreo para establecer la estructura de la comunidad microbiana del manglar de la desembocadura del río Ranchería.

3. Comparar la presencia y la transcripción de genes microbianos asociados al ciclo biogeoquímico del nitrógeno, fósforo y carbono a lo largo de un gradiente de salinidad en el manglar de la desembocadura del río Ranchería.

Resultado esperado: Generar una lista de genes, presentes y que se transcriban, asociados a los ciclos biogeoquímicos del C, N y P en los diferentes puntos de muestreo para establecer la actividad microbiana del manglar de la Ranchería. Esto permitirá construir un modelo conceptual del funcionamiento del manglar.

4. Identificar indicadores de servicios ecosistémico usando los resultados de transcriptómica comparativa.

Resultado esperado: A partir de los datos generados del estado de los ciclos biogeoquímicos del C, N y P asociados a las propiedades fisicoquímicas y bioquímicas del suelo en los diferentes puntos de muestreo se establecerán indicadores de servicios ecosistémico potencial basados en la actividad microbiana.

Descripción 12 de 15

TRAYECTORIA DEL EQUIPO DE INVESTIGACIÓN

Perspectivas de investigación: La importancia de los microorganismos de manglar ha sido resaltada desde los años setenta cuando Odum y Heald [3], establecieron el primer modelo conceptual del funcionamiento de los manglares. Este modelo ha sido mejorado por diversos autores como Alongi et al. [4], Holguín et al. [1] y recientemente con Thatoi et al. [5]. Sin embargo, las herramientas empleadas han sido muy limitantes. Con este trabajo podríamos hacer un aporte significativo al modelo del funcionamiento de los manglares ya que sería el primer acercamiento de la diversidad funcional descrito hasta el momento mediante técnicas de metatranscriptómica. La base de datos que se generaría podría ser fuente de otro tipo de acercamientos para establecer la diversidad de enzimas de interés biotecnológico en áreas como la agricultura, farmacéutica, industrial, ambiental y ciencias de la salud [5]. Esto nos permitiría garantizar material de trabajo para la formación de magister y doctores en un área como la bioinformática la cual necesita aumentar su masa crítica frente a los nuevos retos de este siglo. En este sentido la Universidad Antonio Nariño ha formulado una maestría en bioquímica la cual podría aportar nuevos candidatos con este énfasis.

Composición del equipo de trabajo: El grupo proponente de este proyecto está conformado por tres doctores, una candidata a doctorarse y un master representantes de la Universidad Nacional de Colombia, Universidad Antonio Nariño y Universidad Militar Nueva Granada. El grupo tiene toda la idoneidad científica y la experiencia para desarrollar esta propuesta. Cuenta con un ecofisiólogo (Dr Polanía) con experiencia -nacional e internacional- de más de 20 años en ecología y desarrollo sostenible en ecosistemas de manglar. El Dr Vanegas, microbiólogo con más de seis años de experiencia en manglares. La Dr (c) Cerón, química con experiencia en diversidad molecular taxonómica y funcional. Un elemento esencial en los trabajos de metagenómica es la bioinformática. En este grupo contamos con dos bioinformáticos, Dra Reyes y el MSc Torres, expertos en bioinformática con experiencia en acercamientos de metagenómica. Igualmente se cuenta con la asesoría del Dr Sergio Galindo Torres de la Universidad de Queensland quien suministrará un Cluster para el análisis de datos. El cluster es denominado Macondo y cuenta con las siguientes característica: 128 núcleos Intel(R) Xeon (R) CPU E5-46200 @ 2.20GHz con 0.5TB de memoria y capacidad de almacenamiento de 3TB valorado en US 40K. La asesoría en el manejo de la información del Dr (c) Santiago Herrera del Massachusetts Institute of Technology.

Recursos técnicos, físicos y financieros: El grupo proponente cuenta con todos los recursos técnicos y físicos para desarrollar las actividades planteadas en el proyecto. Con esta convocatoria se aumentaría los recursos en equipos y financiación para secuenciación. Este último elemento es el más crítico debido a la naturaleza del proyecto. En caso de dificultades técnicas, el grupo proponente cuenta con alianzas estratégicas en la Universidad Nacional y el SINCHI quienes podrían prestarnos una colaboración.

Actividades de los investigadores:

Son funciones del Dr Vanegas, como investigador principal, participar en todas las actividades del proyecto descritas en la metodología y el responsable de consolidar la entrega de informes y desarrollo de manuscritos. Grupo categorizado C

La Dra Reyes tendrá como funciones: Análisis bioinformático, análisis de datos y escritura de artículos. . Grupo categorizado C

El Dr Polanía se encargará del muestreo, análisis de datos, redacción de artículos. . Grupo categorizado A

La Dra (c) Cerón: Asesoría en el análisis enzimático, extracción DNA, RNAm, análisis bioinformático, análisis de datos, escritura de artículos.

El MSc Torres: asesoría en el análisis bioinformático, análisis de datos, escritura de artículos.

Dr Sergio Galindo Torres: Asesor internacional, dará soporte computacional, asesoría de manejo y almacenamiento de datos.

Dr (c) Santiago Herrera: Asesor internacional dará asesoría en el manejo de la información.

Descripción 13 de 15**POSIBLES EVALUADORES**

Dr Andrés Mauricio Pinzón Velasco, filiación: Universidad Nacional de Colombia
Correo: am.pinzon196@uniandes.edu.co

Dr Howard Junca , Filiación: Corpogen, Colombia
Correo: howard.junca@corpogen.org

Dra Luz Marina Melgarejo, filiación: Universidad Nacional de Colombia
Correo: Immelgarejom@unal.edu.co

Dr. Yoav Bashan, filiación: CIBNOR, México
Correo: bashan@cals.arizona.edu

Descripción 14 de 15**IMPACTO AMBIENTAL DEL PROYECTO**

El desarrollo de este proyecto puede ser la línea base para desarrollar políticas de conservación para ecosistemas de manglar al contribuir con nuevas técnicas para el monitoreo de manglares que estén sujetos a daños antropogénicos o natural. Igualmente, se establecerán indicadores de los servicios ecosistémicos del manglar para aumentar su valoración social. El ambiente microbiológico nos puede indicar la salud del manglar antes que los efectos deletéreos se expresen en pérdida de su componente floral o faunístico. Momento en que las medidas de control pueden ser tardías. Igualmente se podría llegar a monitorear la calidad de sus aguas y posibles vectores con implicaciones en la salud humana. Con respecto al muestreo, no puede considerarse que la colecta de microorganismos en manglar tenga un impacto perceptible para el ecosistema o el ambiente. Los procesos involucrados están estandarizados, contemplando todas las normas de bioseguridad y se desarrollan regularmente en el laboratorio de las entidades proponentes, sin que hasta el momento hayan ocurrido impactos negativos.

Descripción 15 de 15**BIBLIOGRAFÍA**

- [1] Holguín, G., Vázquez, P., Bashan, Y. 2001. The role of sediment microorganisms in the productivity, conservation, and rehabilitation of mangrove ecosystem: an overview. *Biology and Fertility of Soils* 33, 265-278.
- [2] Alongi, D.M. 2009. *The Energetics of Mangrove Forests*. Springer Verlag.
- [3] Odum, W.E., Heald, E.J. 1975. The detritus-based food web of an estuarine mangrove community. pp 265-286. In: Cronin, L.E. (Ed.) *Estuarine research*. Academic Press.
- [4] Alongi, D.M. 2005. Mangrove-microbe-soil relations. p. 85-103. In: Kristensen, E., Haese, R.R., Kostka, J.E. (Ed.) *Interactions between macro- and microorganisms in marine sediments*. American Geophysical Union.
- [5] Thatoi, H., Behera, B.C., Mishra, R.R., Dutta, S.K. 2013. Biodiversity and biotechnological potential of microorganisms from mangrove ecosystems: a review. *Annals of Microbiology*, 63, 1-19.
- [6] Gilbert, J.A., Hughes, M. 2011. Gene expression profiling: metatranscriptomics. In *High-Throughput Next Generation Sequencing* (pp. 195-205). Humana Press.
- [7] Simon, C., Daniel, R. 2011. Metagenomic analyses: Past and future trends. *Applied and Environmental Microbiology*, 77, 1153-1161.

- [8] Segata, N., Boernigen, D., Tickle, T.L., Morgan, X.C., Garrett, W.S., Huttenhower, C. 2013. Computational meta'omics for microbial community studies. *Molecular Systems Biology* 9 DOI: 10.1038/msb.2013.22
- [9] Mitra, S., Rupek, P., Richter, D. C., Urich, T., Gilbert, J. A., Meyer, F., Huson, D. H. 2011. Functional analysis of metagenomes and metatranscriptomes using SEED and KEGG. *BMC Bioinformatics*, 12 (Suppl 1)
- [10] Moran, M. A. 2009. Metatranscriptomics: eavesdropping on complex microbial communities. *Issues*.
- [11] Warnecke, F., Hess, M. 2009. A perspective: metatranscriptomics as a tool for the discovery of novel biocatalysts. *Journal of biotechnology*, 142, 91-95.
- [12] Moore, J.H., Asselbergs, F.W., Williams, S.M. 2010. Bioinformatics challenges for genome-wide association studies. *Bioinformatics*, 26, 445-455.
- [13] Treangen, T.J., Salzberg, S.L. 2012. Repetitive DNA and next-generation sequencing: computational challenges and solutions. *Nature Reviews Genetics*, 13, 36-46.
- [14] De Castro, A., Sartori da Silva, R., Quirino, F., Krüger, H. 2013. Combining "Omics" Strategies to Analyze the Biotechnological Potential of Complex Microbial Environments. *Current Protein and Peptide Science*, 14, 447-58.
- [15] Duke, N.C., Meynecke, J.O., Dittmann, S., Ellison, A.M., Anger, K., Berger, U., et al., Dahdouh-Guebas, F. 2007. A world without mangroves?. *Science*, 317, 41-42.
- [16] Spalding, M., Blasco, F., Field, C. 1997. *World Mangrove Atlas*. International Society for Mangrove Ecosystems, Okinawa, Japan.
- [17] Kairo, J.G. Dahdouh-Guebas, F. Bosire, J. Koedam, N. 2001. Restoration and management of mangrove systems a lesson for and from the East African region. *S. Afr. J. Bot.* 67, 383-389
- [18] Lacerda, L., Conde, J., Kjerfve, G., Álvarez-León R., Alarcón C., Polanía J. 2001. American Mangroves. p. 1-62. In: Lacerda, L. (ed.) *Mangrove Ecosystems. Function and management*. Springer Verlag, 292 p.
- [19] Bashan, Y., Holguín G. 2002. Plant growth-promoting bacteria: a potential tool for arid mangrove reforestation. *Tree*, 16: 159-166.
- [20] INVEMAR. 2002. Informe del estado de los ambientes marinos y costeros en Colombia. Santa Marta.
- [21] SEMARNAT. 2003. Norma Oficial de Emergencia NOM-022-SEMARNAT-2003. Que establece especificaciones para la preservación, conservación y restauración del manglar. *Diario Oficial de la Federación*. 10 April, 2003.
- [22] Chong, V.C. 2007. Mangroves-fisheries linkages?the Malaysian perspective. *Bulletin of Marine Science* 80, 755-772.
- [23] Ellison, A.M. 2000. Mangrove Restoration: Do We Know Enough? *Restoration Ecology* 8, 219-229.
- [24] Polanía, J., Santos-Martínez, A., Mancera-Pineda, J. E., Botero L. 2001. The Coastal Lagoon Ciénaga Grande de Santa Marta, Colombia. 33-46. En: U. Seeliger y B. Kjerfve (eds). *Coastal Marine Ecosystems of Latin America*. Ecological Studies 144. Springer Verlag. Heidelberg. 360 p.
- [25] Álvarez-León, R. 2003. Los manglares de Colombia y la recuperación de sus áreas degradadas: revisión bibliográfica y nuevas experiencias. *Madera y bosques* 9, 3-25.
- [26] Polanía, J., Vanegas, J., Galindo, T., Pérez, A., Campos, S., Sánchez, J., Sosa, T., Melgarejo, L.M. 2013. Grupos funcionales de microorganismos de manglar del Caribe colombiano. Páginas 9-38. Editores LM Melgarejo, García CB. *Investigación en Ciencias del Mar: Aportes de la Universidad Nacional de Colombia*. Por Universidad Nacional de Colombia y Red de Estudios del Mundo Marino. 202 pág
- [27] Liang, J.B., Chen, Y.Q., Lan, C.Y., Tam, N.F.Y., Zan, Q.J., Huang, L.N. 2007. Recovery of novel bacterial diversity from mangrove sediment. *Marine Biology* 150, 739-747.
- [28] Bharathkumar, S., RameshKumar, N., Paul, D., Prabavathy, V.R., Nair, S. 2008. Characterization of the predominant bacterial population of different mangrove rhizosphere soils using 16S rRNA gene-based single-strand conformation polymorphism (SSCP). *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 24, 387-394
- [29] Gomes, N.M., Borges, L.R., Paranhos, R., Pinto, F.N., Mensonça-Hagler, L., Smalla, K. 2008. Exploring the diversity of bacterial communities in sediments of urban mangrove forests. *FEMS Microbiology Ecology*, 66, 96-109.
- [30] Díaz, A.C.F., Andreote, F.D., Rigonato, J., Fiore, M.F., Melo, I.S., Araújo, W.L. 2010. The bacterial diversity in a Brazilian non-disturbed mangrove sediment. *Antonie van Leeuwenhoek* 98, 541-551.
- [31] Jiang, X.T., Peng, X., Deng, G.H., Sheng, H.F., Wang, Y., Zhou, H.W., Tam, N.F.Y. 2013. Illumina Sequencing of 16S rRNA Tag Revealed Spatial Variations of Bacterial Communities in a Mangrove Wetland. *Microbial Ecology*, 6, 1-9.
- [32] Melgarejo, L.M., Sánchez, J., Chaparro, A., Newmark, F., Santos Acevedo, M., Burbano, C., Reyes, C. 2002. Aproximación al estado actual de la bioprospección en Colombia. *Invemar* 10: 1-122
- [33] Jensen, P.R., Mincer, T.J., Williams, P.G., Fenical, W. 2005. Marine actinomycete diversity and natural product discovery. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 87, 43-48.
- [34] Guo, C.L., Zhou, H.W., Wong, Y.S., Tam, N.F.Y. 2005. Isolation of PAH-degrading bacteria from mangrove sediments and their biodegradation potential. *Marine Pollution Bulletin*, 51, 1054-1061.
- [35] Santos, H.F., Carmo, F.L., Paes, J.E., Rosado, A.S., Peixoto, R.S. 2011. Bioremediation of mangroves impacted by petroleum. *Water, Air, Soil Pollution*. 216, 329-350.
- [36] Lacerda, L.1997. Trace metals in mangrove plants: why such low concentrations. *Mangrove ecosystems Studies in Latin America Nd Africa*. UNESCO, Paris. Francia. 171-178
- [37] Ding, Z.H, Wu, H., Feng, X.B., Liu, J.L., Liu, Y., Yuan, Y.T. 2011. Distribution of Hg in mangrove trees and its implication for Hg enrichment in the mangrove ecosystem. *Applied Geochemical* 26: 205-212.
- [38] Kathiresan, K. 2003. Polythene and Plastics-degrading microbes from the mangrove soil. *Revista de biología tropical*, 51, 629-633.
- [39] Ravikumar, S., Kathiresan, K., Ignatiammal, S., Selvam, M.B., Shanthi, S. 2004. Nitrogen-fixing azotobacters from

- mangrove habitat and their utility as marine biofertilizers. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 312, 5-17.
- [40] Vanegas, J. 2007. Mitigación del estrés salino en plántulas de *Avicennia germinans* y *Capsicum annum* por bacterias promotoras de crecimiento vegetal. Tesis de Maestría en Microbiología Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá. 86 p
- [41] Flores-Mireles, A.L. 2005. Bacterias diazotróficas y desnitrificantes asociadas a raíces del mangle negro: Caracterización de las comunidades a nivel molecular y su producción de moléculas señal tipo acilo homoserina lactonas. Tesis de Maestría en uso, manejo y preservación de los recursos naturales. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, La Paz, BCS, México.
- [42] Lee, H.L., Seleena, P., Winn, Z. 1990. *Bacillus thuringiensis* serotype H-14 isolated from mangrove swamp soil in Malaysia. *Mosquito-Borne Diseases Bulletin*, 7, 134-135.
- [43] Sahoo, K., Dahl, N.K. 2009. Potential microbial Diversity in mangrove ecosystems: A review. *Indian Journal of Marine Sciences* 38, 249-256.
- [44] Walters, B.B., Rönnbäck, P., Kovacs, J.M., Crona, B., Hussain, S.A., Badola, R., Dahdouh-Guebas, F. 2008. Ethnobiology, socio-economics and management of mangrove forests: a review. *Aquatic Botany* 89, 220-236.
- [45] Flores-Verdugo, F.J., Day, J.W., Jr., Briseño-Dueñas, R. 1987. Structure, litter fall, decomposition, and detritus dynamics of mangroves in a Mexican coastal lagoon with an ephemeral inlet. *Marine Ecology Progress Series* 35, 83-90.
- [46] Rönnbäck, P. 1999. The ecological basis for economic value of seafood production supported by mangrove ecosystems. *Ecol. and Econ.* 29 235-252.
- [47] Whitmore, R.C., Brusca R.C., de la Luz J.L., González-Zamorano, P., Mendoza-Salgado, R., Amador-Silva, E.S., Holguín, G., Galván-Magaña, F., et al., McIvor, C.C. 2005. The Ecological importance of mangrove ecosystems in Baja California Sur: Conservation implications for an endangered ecosystem. In: J.-L. E. Cartron, G. Ceballos y R. S. Felger (ed.). *Biodiversity, Ecosystems, and Conservation in Northern Mexico*. Oxford University Press, New York.
- [48] Cannicci, S., Burrows, D., Fratini, S., Smith III, T.J., Offenberg, J., Dahdouh-Guebas, F. 2008. Faunal impact on vegetation structure and ecosystem function in mangrove forests: a review. *Aquatic Botany*, 89, 186-200.
- [49] Nagelkerken, I., Blaber, S.J.M., Bouillon, S., Green, P., Haywood, M., Kirton, L.G., et al., Somerfield, P.J. 2008. The habitat function of mangroves for terrestrial and marine fauna: a review. *Aquatic Botany*, 89, 155-185.
- [50] Sengupta, A., Chaudhuri, S. 1991. Ecology of heterotrophic dinitrogen fixation in the rhizosphere of mangrove plant community at the Ganges river estuary in India. *Oecologia* 87, 560-564.
- [51] Holguín, G., Guzmán, M.A., Bashan, Y. 1992. Two new nitrogen-fixing bacteria from the rhizosphere of mangrove trees: Their isolation, identification and in vitro interaction with rhizosphere *Staphylococcus* sp. *FEMS Microbiology Letters* 101, 207-216.
- [52] Kathiresan, K., Bingham, B.L. 2001. Biology of Mangroves and Mangrove Ecosystems. *Advances in Marine Biology*, 40, 81-251.
- [53] Chakraborty, S.K. 2013. Interactions of environmental variables determining the biodiversity of coastal-mangrove ecosystem of west Bengal, India. *The ecoscan* 3, 251-265
- [54] Holguín, G., Bashan, Y. 1996. Nitrogen-fixation by *Azospirillum brasilense* Cd is promoted when co-cultured with a mangrove rhizosphere bacterium (*Staphylococcus* sp). *Soil Biology and Biochemistry* 28, 1651-1660.
- [55] Bano, N., Nisa, M.U., Khan, N., Saleem, M., Harrison, P.J., Ahmed, S.I., Azam, F. 1997. Significance of bacteria in the flux of organic matter in the tidal creeks of the mangrove ecosystem of the Indus river delta, Pakistan. *Marine Ecology Progress Series* 157, 1-12.
- [56] Borneman, J., Skroch, P.W., O'Sullivan, K.M., Palus, J.A., Rumjanek, N.G., Jansen, J.L., Nienhuis, J., Triplett, E.W. 1996. Molecular microbial diversity of an agricultural soil in Wisconsin. *Applied and Environmental Microbiology* 62, 1935-1943.
- [57] Gocke, K., Hernández, C., Giesenhausen, H., Hoppe, H.G. 2004. Seasonal variations of bacterial abundance and biomass and their relation to phytoplankton in the hypertrophic tropical lagoon Ciénaga Grande de Santa Marta, Colombia. *Journal of Plankton Research* 26, 1429-1439.
- [58] Lee, C.W., Bong, C.W. 2006. Carbon flux through bacteria in a eutrophic tropical environment: Port Klang waters. p 329-345. In: Wolanski, E. (Ed.) *The environment of Asia Pacific harbours*. Springer Verlag.
- [59] Lee, C.W., Bong, C.W. 2007. Bacterial respiration, growth efficiency and protist grazing rates in mangrove waters in Cape Rachado, Malaysia. *Asian Journal of Water Environment Pollution* 4, 11-16
- [60] Seymour, J.R., Seuront, L., Mitchell, J.G. 2007. Microscale gradients of planktonic microbial communities above the sediment surface in a mangrove estuary. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 73, 651-666.
- [61] Dias, A.C.F., Andreote, F.D., Rigonato, J., Fiore, M.F., Melo, I.S., Araújo, W.L. 2010. The bacterial diversity in a Brazilian non-disturbed mangrove sediment. *Antonie van Leeuwenhoek* 98, 541-551.
- [62] Pires, A.C., Cleary, D.F., Almeida, A., Cunha, Á., Dealtry, S., Mendonça-Hagler, L.C., Gomes, N.C. 2012. Denaturing gradient gel electrophoresis and barcoded pyrosequencing reveal unprecedented archaeal diversity in mangrove sediment and rhizosphere samples. *Applied and Environmental Microbiology*, 78, 5520-5528.
- [63] Lee, R.Y., Joye, S.B. 2006. Seasonal patterns of nitrogen fixation and denitrification in oceanic mangrove habitats. *Marine Ecology Progress Series* 307, 127-141.
- [64] Kristensen, E., Bouillon, S., Dittmar, T., Marchand, C. 2008. Organic carbon dynamics in mangrove ecosystems: A review. *Aquatic Botany* 89, 201-219.
- [65] Matondkar, S.G.P., Mahtani, S., Mavinkurve, S. 1981. Studies on mangrove swamps of Goa. I. Heterotrophic bacterial flora from mangrove swamps. *Mahasagar Bulletin of the National Institute of Oceanography* 14, 325-327.
- [66] Taylor, L.E., Henrissat, B., Coutinho, P.M., Ekborg, N.A., Hutcheson, S.W., Weiner, R.M. 2006. Complete cellulase system in the marine bacterium *Saccharophagus degradans* strain 2-40 T. *J Bacteriol* 188, 3849-3861

- [67] Tabao, N.C., Moasalud, R.G. 2010. Characterisation and identification of high cellulose-producing bacterial strains from Philippine mangroves. *Philipp J System Biol* 4, 13-20
- [68] Raghukumar, S., Sharma, S., Raghukumar, C., Sathe-Pathak, V., Chandramohan, D. 1994. Thraustochytrid and fungal component of marine detritus. IV. Laboratory studies on decomposition of leaves of the mangrove *Rhizophora apiculata* Blume. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 183, 113-131.
- [69] Bremer, G.B. 1995. Lower marine fungi (Labyrinthulomycetes) and the decay of mangrove leaf litter. *Hydrobiologia* 295, 89-95.
- [70] Raghukumar, S., Sathe-Pathak, V., Sharma, S., Raghukumar, C. 1995. Thraustochytrid and fungal component of marine detritus. III. Field studies on decomposition of leaves of the mangrove *Rhizophora apiculata*. *Aquatic Microbiology and Ecology* 9, 117-125.
- [71] Gupta, N, Mishra S, Basak U.C. 2009. Microbial population in phyllosphere of mangroves grow in different salinity zones of Bhitarkanika (India). *Acta Bot Malactina* 34, 1-5
- [72] Liu, A., Wu, X., Xu, T. 2007. Research advances in endophytic fungi of mangrove. *Chin J Appl Ecol* 18, 912-918
- [73] Sivakumar, K., Sahu, M.K., Thangaradjou, T., Kannan, L. 2007. Research on marine Actinobacteria in India. *Ind J Microbiol* 47:186-196
- [74] McKee, K.L., Feller, I.C., Popp, M., Wanek, W. 2002. Mangrove isotopic (^{15}N and ^{13}C) fractionation across a nitrogen vs phosphorus limitation gradient. *Ecology* 83, 1065-1075.
- [75] Benner, R., Moran, M.A., Hodson, R.E. 1986. Biogeochemical cycling of lignocellulosic carbon in marine and freshwater ecosystems: Relative contributions of procaryotes and eucaryotes. *Limnological Oceanography* 31, 89-100.
- [76] Dar SA, Kleerebezem R, Stams AJM, Kuenen JG, Muyzer G 2008. Competition and coexistence of sulfate-reducing bacteria, acetogens and methanogens in a lab-scale anaerobic bioreactor as affected by changing substrate to sulfate ratio. *Appl Environ Microbiol* 78:1045-1055.
- [77] Kristensen, E. 2007. Carbon balance in mangrove sediments: The driving processes and their controls. Pp 61-78. In: Tateda, Y. (Ed.) *Greenhouse gas and carbon balances in mangrove coastal ecosystems*. Gendai Tosho.
- [78] Lyimo, T.J., Pol, A., Jetten, SMM., Opden Camp, HJM. 2008. Diversity of methanogenic archaea in a mangrove sediment and isolation of a new *Methanococcoides* strain. *FEMS Microbiol Lett* 291, 247-253
- [79] Taketani, G.R., Yoshiura, A.C., Dias, F.C.A., Andreote, D.F., Tsai, M.S. 2010 Diversity and identification of methanogenic archaea and sulphate-reducing bacteria in sediments from a pristine tropical mangrove. *Antonie van Leeuwenhoek* 97, 401-411
- [80] Kreuzwieser, J., Buchholz, J., Rennenberg, H. 2003. Emission of methane and nitrous oxide by Australian mangrove ecosystems. *Plant Biology* 5, 423-431.
- [81] Purvaja, R., Ramesh, R., Frenzel, P. 2004. Plant-mediated methane emission from an Indian mangrove. *Global Change Biology* 10, 1825-1834.
- [82] Strangmann, A., Bashan, Y., Giani, L. 2008. Methane in pristine and impaired mangrove soils and its possible effect on establishment of mangrove seedlings. *Biology and Fertility of Soils* 44, 511-519.
- [83] Zuberer, D.A., Silver, W.S. 1978. Biological dinitrogen fixation (acetylene reduction) associated with Florida mangroves. *Applied and Environmental Microbiology* 35, 567-575.
- [84] Toledo, G., Bashan, Y., Soeldner, A. 1995a. Cyanobacteria and black mangroves in Northwestern Mexico: colonization, and diurnal and seasonal nitrogen fixation on aerial roots. *Canadian Journal of Microbiology* 41, 999-1011.
- [85] Vovides, A.G., Bashan, Y., López-Portillo, J.A., Guevara, R. 2011. Nitrogen fixation in preserved, reforested, naturally regenerated and impaired mangroves as an indicator of functional restoration in mangroves in an arid region of Mexico. *Restoration Ecology* 19, 236-244.
- [86] Vovides, A.G., López-Portillo, J.A., Bashan, Y. 2010. N_2 -fixation along a gradient of long-term disturbance in tropical mangroves bordering the gulf of Mexico. *Biology and Fertility of Soils* 47, 567-576.
- [87] Flores-Mireles, A.L., Winans, S.C., Holguín, G. 2007. Molecular characterization of diazotrophic and denitrifying bacteria associated with mangrove roots. *Applied and Environmental Microbiology* 73, 7308-7321.
- [88] Zhang, Y., Fournier, J., Pointing, S.B., Hyde, K.D. 2008. Are *Melanomma pulvis-pyrius* and *Trematosphaeria pertusa* congeneric? *Fungal Diversity* 23, 351-390.
- [89] Toledo, G., Bashan, Y., Soeldner, A. 1995b. In vitro colonization and increase in nitrogen fixation of seedling roots of black mangrove inoculated by a filamentous cyanobacteria. *Canadian Journal of Microbiology* 41, 1012-1020.
- [90] Kristensen, E., Jensen, M.H., Banta, G.T., Hansen, K., Holmer, M., King, G.M. 1998. Transformation and transport of inorganic nitrogen in sediments of a southeast Asian mangrove forest. *Aquatic Microbial Ecology* 15, 165-175.
- [91] Rösch, C., Mergel, A., Bothe, H. 2002. Biodiversity of denitrifying and dinitrogen-fixing bacteria in an acid forest soil. *Applied and Environmental Microbiology* 68, 3818-3829.
- [92] Zumft, W.G. 1997. Cell biology and molecular basis of denitrification. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 61, 533-616.
- [93] Smith, F.W. 2002. The phosphate uptake mechanism. *Plant and Soil* 245, 105-114.
- [94] Bohn, H.L., MacNeal, B.L., O'Connor, G.A. 2001. *Soil chemistry*. 3rd Ed. John Wiley & Sons. 307 p.
- [95] Kothamasi, D., Kothamasi, S., Bhattacharayya, A., Chander Kuhad, R., Babu, C.R. 2006. Arbuscular mycorrhizae and phosphate-solubilizing bacteria of the rhizosphere of the mangrove ecosystem of Great Nicobar Island, India. *Biology and Fertility of Soils* 42, 358-361.
- [96] Kumar, T., Majumdar, A., Das, P., Sarafis, V., Ghose, M. 2008. Trypan blue as a fluorochrome for confocal laser scanning microscopy of arbuscular mycorrhizae in three mangroves. *Biotechnic and Histochemistry: official publication of the Biological Stain Commission* 83, 153-159.

- [97] Cheng, Z.S., Pan, J.-H., Tang, W.C., Chen, Q.J., Lin, Y.C. 2009. Biodiversity and biotechnological potential of mangrove-associated fungi. *Journal of Forestry Research* 20, 63-72.
- [98] Wang, Y., Qiu, Q., Yang, Z., Hu, Z., Tam, N.F.Y., Xin, G. 2009. Arbuscular mycorrhizal fungi in two mangroves in South China. *Plant and Soil* 331, 181-191.
- [99] Velázquez, E., Rodríguez-Barrueco, C. (Ed.). 2007. First International Meeting on Microbial Phosphate Solubilization. Springer Verlag. 361 p.
- [100] Vázquez, P., Holguín, G., Puente, M., López-Cortés, A., Bashan, Y. 2000. Phosphate-solubilizing microorganisms associated with the rhizosphere of mangroves in a semiarid coastal lagoon. *Biology and Fertility of Soils* 33, 265-278.
- [101] Vassilev, N., Vassileva, M., Azcon, R., Medina, A. 2001. Application of free and Ca-alginate-entrapped *Glomus deserticola* and *Yarrowia lipolytica* in a soil - plant system. *Journal of Biotechnology* 31, 237-242.
- [102] Galindo T. 2005. Capacidad solubilizadora de fosfatos de microorganismos rizosféricos asociados a dos manglares del Caribe colombiano. Trabajo de grado de Biología. Universidad Nacional de Colombia Sede Bogotá. 28 p.
- [103] Mishra, R.R., Prajapati, S., Das, J., Dangar, T.K., Das, N., Thatoi, H.N. 2010. Reduction of selenite to red elemental selenium by moderately halotolerant *Bacillus megaterium* strains isolated from Bhitarkanika mangrove soil and characterization of reduced product. *Chemosphere* 84(9):1231-1237.
- [104] Ramanathan, A.L., Singh, G., Majumdar, J., Samal, A.C., Chauhan, R., Ranjan, R.K., Rajkumar, K., Santra, S.C. 2008 A study of microbial diversity and its interaction with nutrients in the sediments of Sundarban mangroves. *Indian J Mar Sci* 37, 159-165
- [105] Ellison, A.M. 2002. Macroecology of mangroves: large-scale patterns and processes in tropical coastal forests. *Trees-Structure and Function* 16, 181-194.
- [106] Krauss, K.W., Lovelock, C.E., McKee, K.L., López-Hoffman, L., Ewe S.M.L, Sousa, W.P. 2008. Environmental drivers in mangrove establishment and early development: A review. *Aquatic Botany* 89, 105-127
- [107] McKee, K.L., Faulkner, P.L. 2000. Restoration of biogeochemical function in mangrove forests. *Restoration Ecology* 8, 247-259.
- [108] Álvarez-León, R., Polanía J. 1996. Los manglares del Caribe colombiano: síntesis de su conocimiento. *Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 20, 447-464.
- [109] Smith III, T.J. 1992. Forest structure. In: A.I. Robertson y D.M. Alongi. (eds.). *Tropical mangrove ecosystems*. Coast. Estuar. Stud. 41. Amer. Geophys. Union, Washington, D.C.
- [110] Ellison, A.M., Farnsworth E.J. 2001. Mangrove communities. p 423-442. In: M. D. Bertness, S. D. Gaines y M. E. Hay (eds.). *Marine Community Ecology*. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- [111] Piou, C., Feller, I.K., Berger, U., Chi F. 2006. Zonation Patterns of Belizean Offshore Mangrove Forests 41 Years After a Catastrophic Hurricane. *Biotropica* 38, 365-374.
- [112] Hogarth, P., Hogarth, P.J. 2007. *The biology of mangroves and seagrasses* (2nd Edition). Oxford University Press.
- [113] Polanía, J., Orozco-Toro, C.A., Ángel, I.F. 2006. Delta del Río Ranchería (La Guajira, Colombia): caudal, salinidad y transporte de sólidos y su posible influencia sobre composición y estructura de los manglares. *Actualidades Biológicas* 28, 27-37.
- [114] Castellanos, M.L., Daza, A., Deluque, H., García, Á. 2007. Distribución espacial de algunas propiedades químicas del suelo en el delta del Río Ranchería, Guajira. *Suelos Ecuatoriales* 37, 133-137
- [115] Horwitz, W. 2000. Official methods of analysis of AOAC International. AOAC international Gaithersburg, MD.
- [116] Tabatabai, M.A., Bremner J.M. 1970. Arylsulphatase activity in soil. *Soil Sci Soc Am Proc* 34, 225-229 .
- [117] Ladd, J.N., Butler J.H.A. 1972. Short-term assays of soil proteolytic enzyme activities using proteins and dipeptide derivatives as substrates. *Soil Biology and Biochemistry* 4, 19-30.
- [118] Tabatabai, M.A., Bremner J.M. 1969. Use of p-nitrophenyl phosphate for assay of soil phosphatase activity. *Soil Biology and Biochemistry* 1, 301-307.
- [119] Turner B.L., Hopkins D.W., Haygarth, P.M., Ostle, N. 2002. β -glucosidase activity in pasture soils. *Applied Soil Ecology* 20, 157-162.
- [120] Cerón, L.E., Melgarejo L.M. 2005. Enzimas del suelo: Indicadores de salud y calidad. *Revista Acta biológica Colombiana*, 10, 5-18.
- [121] Avellaneda, M. 2008. Actividades enzimáticas de suelos con y sin historia de uso agrícola y manejo convencional y de sus consorcios bacterianos. Tesis de Maestría. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.
- [122] Arfi, Y., Buée, M., Marchand, C., Levasseur, A., Record, E. 2012. Multiple markers pyrosequencing reveals highly diverse and host-specific fungal communities on the mangrove trees *Avicennia marina* and *Rhizophora stylosa*. *FEMS microbiology ecology*, 79, 433-444.
- [123] Costello, E.K., Lauber, C.L., Hamady, M., Fierer, N., Gordon, J.I., Knight, R. 2009. Bacterial community variation in human body habitats across space and time. *Science*, 326, 1694-1697.
- [124] Gao, H., Yang, Z.K., Gentry, T.J., Wu, L., Schadt, C.W., Zhou, J. 2007. Microarray-based analysis of microbial community RNAs by whole-community RNA amplification. *Applied and Environmental Microbiology* 73, 563-571.
- [125] Frias-Lopez, J., Shi, Y., Tyson, G.W., Coleman, M.L., Schuster, S.C., Chisholm, S.W., DeLong E.F. 2008. From the Cover: Microbial community gene expression in ocean surface waters. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105, 3805-3810.
- [126] Carvalhais, L.C., Dennis, P.G., Tyson, G.W., Schenk, P.M. 2012. Application of metatranscriptomics to soil environments. *Journal of microbiological methods* 91, 246-251.
- [127] Torres-Estupiñan, G., Barreto-Hernández, B. 2014. In silico hybridization system for mapping functional genes of soil

microorganism using next generation sequencing. In Advances in Computational 232, 337-344. Advances in Intelligent Systems and Computing, (Cham: Springer International Publishing, 2014), doi:10.1007/978-3-319-01568-2_48. [128] Ghosh, T.S., Haque M., Mande, S.S. 2010. DiScRIBinATE: A rapid method for accurate taxonomic classification of metagenomic sequences. BMC Bioinformatics 11: S14, doi:10.1186/1471-2105-11-S7-S14 [129] Lebart, L., Salem, A. 1994. Statistique textuelle. Paris: Dunod, 1994, 1.

PALABRAS CLAVE (Total: 5)

[Ir al menú](#)

- Metatranscriptómica
- Ciclaje de nutrientes
- Biversidad funcional
- Diversidad microbiana
- Manglares

CRONOGRAMA (Total: 14)

[Ir al menú](#)

Número	Actividad	Desde	Hasta	Tiempo
01	Compras, contratación, muestreo	1	4	Meses
02	Análisis físico-químico	4	6	Meses
03	Actividad enzimática	5	8	Meses
04	Extracción DNA y RNA	5	7	Meses
05	Amplificación por PCR y secuenciación	7	10	Meses
06	Análisis de Datos 16S e ITS	10	17	Meses
07	Análisis de genes asociados al ciclo del C	13	20	Meses
08	Análisis de genes asociados al ciclo del N	15	22	Meses
09	Análisis de genes asociados al ciclo del P	17	24	Meses
10	Integración de resultados, desarrollo de mapa conceptual	23	26	Meses
11	Análisis estadístico multivariado para determinar indicadores de servicio ecosistémicos.	25	28	Meses
12	Publicaciones	12	15	Meses
13	Publicaciones	21	24	Meses
14	Publicaciones	28	30	Meses

RESULTADOS FORMACIÓN (Total: 2)

[Ir al menú](#)

Formación	Descripción	Personas	Beneficiario
FORMACIÓN DE ESTUDIANTE DE PREGRADO	Estudiantes asociados al primer objetivo del proyecto	2	Comunidad académica
FORMACIÓN DE ESTUDIANTE DE MAESTRIA	Estudiantes asociados al 2, 3 y 4 objetivo del proyecto	2	Comunidad científica

RESULTADOS PUBLICACIONES (Total: 1)

[Ir al menú](#)

Publicación	Descripción	Cantidad	Beneficiario
PONENCIAS	Participación en dos eventos académicos para la difusión de los resultados	2	Comunidad académica

del proyecto

OTROS RESULTADOS (Total: 3)[Ir al menú](#)

Resultado	Descripción	Cantidad	Beneficiario
SOMETIMIENTO DE ARTÍCULOS EN REVISTAS INDEXADAS	2	1	La comunidad científica
ARTICULO EN REVISTA INDEXADA	1	1	La comunidad científica
ARTICULO EN REVISTA A1, A2, B, C Y D	1	1	La comunidad científica

COBERTURA(4)[Ir al menú](#)

Nombre	Porcentaje de cobertura
INTERNACIONAL	10
BOGOTA D.C.	40
ANTIOQUIA	25
COSTA ATLANTICA	25

TIPO PERSONAL (Total: 6)[Ir al menú](#)

Rol en el Proyecto	Cantidad
INVESTIGADOR PRINCIPAL	1
INVESTIGADOR	2
ASESOR NACIONAL	2
ASESOR INTERNACIONAL	2
ESTUDIANTE PREGRADO	2
ESTUDIANTE MAESTRIA	2

PERSONAS (Total: 7)[Ir al menú](#)**Persona 1 de 7**

Entidad	Universidad Antonio Nariño
Rol en el proyecto	INVESTIGADOR PRINCIPAL
Primer apellido	Vanegas
Segundo apellido	Guerrero
Nombres	Javier
Género	Masculino
Fecha de nacimiento	04/12/1979
País	COLOMBIA
Correo electrónico	javanegas100@uan.edu.co

Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA
Número	80225579
Responsabilidades	Investigador principal. Involucrado en todas las actividades del proyecto
Dedicación horas semanales	20
Número de meses	30

Persona 2 de 7

Entidad	Universidad Antonio Nariño
Rol en el proyecto	INVESTIGADOR
Primer apellido	Reyes
Segundo apellido	Herrera
Nombres	Paula Helena
Género	Femenino
País	COLOMBIA
Correo electrónico	paulareyes@uan.edu.co
Responsabilidades	Análisis bioinformático, análisis de datos, escritura de artículos
Dedicación horas semanales	8
Número de meses	30

Persona 3 de 7

Entidad	Universidad Nacional de Colombia
Rol en el proyecto	INVESTIGADOR
Primer apellido	Polanía
Segundo apellido	Vorenberg
Nombres	Jaime
Género	Masculino
País	COLOMBIA
Correo electrónico	jhpolaniav@unal.edu.co
Responsabilidades	Muestreo, análisis de datos, escritura de artículos
Dedicación horas semanales	5
Número de meses	30

Persona 4 de 7

Entidad	Universidad Nacional de Colombia
Rol en el proyecto	ASESOR NACIONAL
Primer apellido	Cerón
Segundo apellido	Rincón
Nombres	Laura Emilia
Género	Femenino
Fecha de nacimiento	05/12/1978
País	COLOMBIA
Correo electrónico	leceronr@unal.edu.co

Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA
Número	52100761
Responsabilidades	Asesoría en análisis enzimático, extracción DNA, RNAm, análisis bioinformático
Dedicación horas semanales	2
Número de meses	30

Persona 5 de 7

Entidad	Universidad Antonio Nariño
Rol en el proyecto	ASESOR NACIONAL
Primer apellido	Torres
Segundo apellido	Estupiñan
Nombres	Guillermo
Género	Masculino
Fecha de nacimiento	07/08/1981
País	COLOMBIA
Correo electrónico	guigotoe@gmail.com
Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA
Número	81345839
Responsabilidades	Asesor en análisis bioinformático y análisis de datos
Dedicación horas semanales	40
Número de meses	30

Persona 6 de 7

Entidad	Universidad Antonio Nariño
Rol en el proyecto	ESTUDIANTE MAESTRIA
Primer apellido	POR DEFINIR
Segundo apellido	
Nombres	
Género	Masculino
País	COLOMBIA
Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA
Responsabilidades	Actividades asociadas al analisis bioquímico y taxonomía molecular
Dedicación horas semanales	40
Número de meses	15

Persona 7 de 7

Entidad	Universidad Antonio Nariño
Rol en el proyecto	ESTUDIANTE MAESTRIA
Primer apellido	POR DEFINIR 2
Segundo apellido	
Nombres	
Género	Masculino

País	COLOMBIA
Tipo de identificación	CEDULA DE CIUDADANIA
Responsabilidades	Actividades asociadas al analisis de los genes del ciclo del C, N y P
Dedicación horas semanales	40
Número de meses	15

PRESUPUESTO GLOBAL(Total: 9)[Ir al menú](#)

Rubros	Financiado	Contrapartida		Total
		Ejecutora(s)	Otras	
EQUIPOS	32,500,000	36,000,000	0	68,500,000
GASTOS DE OPERACIÓN	22,060,000	0	0	22,060,000
MATERIALES E INSUMOS	23,000,000	1,700,000	0	24,700,000
PERSONAL CIENTÍFICO	119,100,000	157,500,000	64,431,379	341,031,379
PUBLICACIONES	6,000,000	0	0	6,000,000
SALIDAS DE CAMPO	3,700,000	0	0	3,700,000
SEGUIMIENTO Y EVALUACION	7,282,000	0	0	7,282,000
SERVICIOS TECNICOS	32,000,000	0	0	32,000,000
VIAJES	4,300,000	0	0	4,300,000
Totales	249,942,000	195200000	64431379	509,573,379

RESUMEN POR RUBROS (Total: 9)[Ir al menú](#)

Rubros	Financiado	%	Especie	%	Efectivo	%	Total
EQUIPOS	32500000	47,45%	36,000,000	52,55%	0	0%	68,500,000
GASTOS DE OPERACIÓN	22060000	100%	0	0%	0	0%	22,060,000
MATERIALES E INSUMOS	23000000	93,12%	1,700,000	6,88%	0	0%	24,700,000
PERSONAL CIENTÍFICO	119100000	34,92%	221,931,379	65,08%	0	0%	341,031,379
PUBLICACIONES	6000000	100%	0	0%	0	0%	6,000,000
SALIDAS DE CAMPO	3700000	100%	0	0%	0	0%	3,700,000
SEGUIMIENTO Y EVALUACION	7282000	100%	0	0%	0	0%	7,282,000
SERVICIOS TECNICOS	32000000	100%	0	0%	0	0%	32,000,000
VIAJES	4300000	100%	0	0%	0	0%	4,300,000
Totales	249,942,000	49.05	259,631,379	50.95	0	0.00	509,573,379

PRESUPUESTO POR ENTIDAD (Total: 2)[Ir al menú](#)

Entidad 1 de 2 Universidad Nacional de Colombia

Rubro	Descripción	Entidad financiadora	Financiado	%	Contrapartida				Total
					Especie - %		Dinero - %		
PERSONAL CIENTÍFICO	Jaime	COLCIENCIAS	0	0	64,431,379	100,00	0	0	64,431,379
Totales			0	0.0	64,431,379	100.0	0	0.0	64,431,379

Entidad 2 de 2 Universidad Antonio Nariño

Rubro	Descripción	Entidad financiadora	Financiado	%	Contrapartida				Total
					Especie - %		Dinero - %		
EQUIPOS	Laboratorio de microbiología: Cabina de flujo laminar, Vortex, Plancha de calentamiento, Autoclave, Agitador mecánico, Centrifuga, Espectrofómetro, Baño termostatado, Incubadoras, Neveras refrigerantes, Horno, Potenciometro, Visualizador de geles, Termociclador, Fuente de poder, Microcentrífuga, Balanza analítica.	COLCIENCIAS	0	0	36,000,000	100,00	0	0	36,000,000
EQUIPOS	Baño de maría	COLCIENCIAS	1,500,000	100,00	0	0	0	0	1,500,000
EQUIPOS	Vortex	COLCIENCIAS	2,000,000	100,00	0	0	0	0	2,000,000
EQUIPOS	Fuente poder	COLCIENCIAS	2,000,000	100,00	0	0	0	0	2,000,000
EQUIPOS	Cámara electroforesis	COLCIENCIAS	2,000,000	100,00	0	0	0	0	2,000,000
EQUIPOS	Termociclador	COLCIENCIAS	15,000,000	100,00	0	0	0	0	15,000,000
EQUIPOS	Centrifuga	COLCIENCIAS	10,000,000	100,00	0	0	0	0	10,000,000
GASTOS DE OPERACIÓN	Gastos operacionales	COLCIENCIAS	22,060,000	100,00	0	0	0	0	22,060,000
MATERIALES E INSUMOS	Reactivos químicos, material de vidrio y fungibles para el desarrollo de las actividades experimentales del proyecto	COLCIENCIAS	23,000,000	93,12	1,700,000	6,88	0	0	24,700,000
PERSONAL CIENTÍFICO		COLCIENCIAS	22,500,000	100,00	0	0	0	0	22,500,000

PERSONAL CIENTÍFICO	Guillermo	COLCIENCIAS	74,100,000	100,00	0	0	0	0	74,100,000
PERSONAL CIENTÍFICO	Javier	COLCIENCIAS	0	0	112,500,000	100,00	0	0	112,500,000
PERSONAL CIENTÍFICO		COLCIENCIAS	22,500,000	100,00	0	0	0	0	22,500,000
PERSONAL CIENTÍFICO	Paula Helena	COLCIENCIAS	0	0	45,000,000	100,00	0	0	45,000,000
PUBLICACIONES	Pago a revista internacional para la difusión de dos artículos internacionales	COLCIENCIAS	6,000,000	100,00	0	0	0	0	6,000,000
SALIDAS DE CAMPO	Viaje a la Riohacha (Guajira)	COLCIENCIAS	3,700,000	100,00	0	0	0	0	3,700,000
SEGUIMIENTO Y EVALUACION	Seguimiento y evaluación	COLCIENCIAS	7,282,000	100,00	0	0	0	0	7,282,000
SERVICIOS TECNICOS	Secuenciación masiva para diversidad taxonómica mediante media placa 454 GS FLX System, Secuenciación masiva para transcriptómica mediante Illumina (4 líneas) y análisis físico químico de suelos muestreados	COLCIENCIAS	32,000,000	100,00	0	0	0	0	32,000,000
VIAJES	Congreso internacional	COLCIENCIAS	4,300,000	100,00	0	0	0	0	4,300,000
Totales			249,942,000	56.1	195,200,000	43.9	0	0.0	445,142,000

PRESUPUESTO DETALLADO (Total: 9)

[Ir al menú](#)

Cuadro 1 de 9 EQUIPOS

Descripción	Justificación	Cantidad	Valor unitario	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
						Especie	Dinero	
Laboratorio de microbiología: Cabina de flujo laminar, Vortex, Plancha de calentamiento, Autoclave, Agitador mecánico,								

Centrifuga, Espectrofómetro, Baño termostático, Incubadoras, Neveras refrigerantes, Horno, Potenciometro, Visualizador de geles, Termociclador, Fuente de poder, Microcentrifuga, Balanza analítica.	Dotación de laboratorio para análisis molecular y pruebas bioquímicas de suelos	1	36,000,000	Universidad Antonio Nariño	0	36,000,000	0	36,000,000
Baño de maría	Desarrollo de pruebas bioquímicas de suelo	1	1,500,000	Universidad Antonio Nariño	1,500,000	0	0	1,500,000
Vortex	Indispensable para las pruebas bioquímicas y analisis molecular	1	2,000,000	Universidad Antonio Nariño	2,000,000	0	0	2,000,000
Fuente poder	Desarrollo de geles de electroforesis	1	2,000,000	Universidad Antonio Nariño	2,000,000	0	0	2,000,000
Cámara electroforesis	Desarrollo de geles de electroforesis	1	2,000,000	Universidad Antonio Nariño	2,000,000	0	0	2,000,000
Termociclador	Elemento indispensable para el desarrollo de análisis molecular	1	15,000,000	Universidad Antonio Nariño	15,000,000	0	0	15,000,000
Centrifuga	Indispensable en los análisis moleculares y pruebas bioquímicas	1	10,000,000	Universidad Antonio Nariño	10,000,000	0	0	10,000,000
Totales					32,500,000	36,000,000	0	68,500,000

Cuadro 2 de 9 PERSONAL CIENTÍFICO

Nombre	Función en el proyecto	Tipo de vinculación	Dedicación Hora/Semana	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
						Especie	Dinero	
Jaime Polanía	Muestreo, análisis de datos, escritura de artículos	EN PLANTA	5	Universidad Nacional de Colombia	0	64,431,379	0	64,431,379
	Actividades							

POR DEFINIR 2	asociadas al análisis de los genes del ciclo del C, N y P	POR CONTRATO	40	Universidad Antonio Nariño	22,500,000	0	0	22,500,000
Guillermo Torres	Asesor en análisis bioinformático y análisis de datos	POR CONTRATO	40	Universidad Antonio Nariño	74,100,000	0	0	74,100,000
Javier Vanegas	Investigador principal. Involucrado en todas las actividades del proyecto	EN PLANTA	20	Universidad Antonio Nariño	0	112,500,000	0	112,500,000
POR DEFINIR	Actividades asociadas al análisis bioquímico y taxonomía molecular	POR CONTRATO	40	Universidad Antonio Nariño	22,500,000	0	0	22,500,000
Paula Helena Reyes	Análisis bioinformático, análisis de datos, escritura de artículos	EN PLANTA	8	Universidad Antonio Nariño	0	45,000,000	0	45,000,000
Totales					119,100,000	221,931,379	0	341,031,379

Cuadro 3 de 9 SALIDAS DE CAMPO

Descripción	Justificación	Cantidad	Valor unitario	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
						Especie	Dinero	
Viaje a la Riohacha (Guajira)	Desarrollo de muestreo en manglar la Rancheria	1	3,700	Universidad Antonio Nariño	3,700,000	0	0	3,700,000
Totales					3,700,000	0	0	3,700,000

Cuadro 4 de 9 MATERIALES E INSUMOS

Descripción	Justificación	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
				Especie	Dinero	
Reactivos químicos, material de vidrio y fungibles para el desarrollo de las actividades experimentales del proyecto	Elementos indispensables para las actividades experimentales del proyecto	Universidad Antonio Nariño	23,000,000	1,700,000	0	24,700,000
Totales			23,000,000	1,700,000	0	24,700,000

Cuadro 5 de 9 SERVICIOS TECNICOS

Descripción	Justificación	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
				Especie	Dinero	

Secuenciación masiva para diversidad taxonómica mediante media placa 454 GS FLX System, Secuenciación masiva para transcriptómica mediante Illumina (4 líneas) y análisis físico químico de suelos muestreados	Secuenciación masiva para desarrollo de objetivos presupuestos y la caracterización de los suelos muestreados	Universidad Antonio Nariño	32,000,000	0	0	32,000,000
Totales			32,000,000	0	0	32,000,000

Cuadro 6 de 9 GASTOS DE OPERACIÓN

Descripción	Justificación	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
				Especie	Dinero	
Gastos operacionales	Gestión operacional del proyecto	Universidad Antonio Nariño	22,060,000	0	0	22,060,000
Totales			22,060,000	0	0	22,060,000

Cuadro 7 de 9 VIAJES

Lugar / Justificación	Nº días / Nº personas	Pasaje por persona	Estadía por persona	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
						Especie	Dinero	
Congreso internacional / Difusión de resultados	5 / 1	2,500,000	1,800,000	Universidad Antonio Nariño	4,300,000	0	0	4,300,000
Totales					4,300,000	0	0	4,300,000

Cuadro 8 de 9 SEGUIMIENTO Y EVALUACION

Descripción	Justificación	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
				Especie	Dinero	
Seguimiento y evaluación	Seguimiento y evaluación del proyecto	Universidad Antonio Nariño	7,282,000	0	0	7,282,000
Totales			7,282,000	0	0	7,282,000

Cuadro 9 de 9 PUBLICACIONES

Descripción	Justificación	Entidad	Financiado	Contrapartida		Total
				Especie	Dinero	
Pago a revista internacional para la difusión de dos artículos internacionales	Difusión de resultados	Universidad Antonio Nariño	6,000,000	0	0	6,000,000
Totales			6,000,000	0	0	6,000,000

Entidad	Financiado	Contrapartida Especie	Contrapartida Dinero	Total
Universidad Nacional de Colombia	0	64,431,379	0	64,431,379
Universidad Antonio Nariño	249,942,000	195,200,000	0	445,142,000
Totales	249,942,000	259,631,379	0	509,573,379

PRESUPUESTO GLOBAL POR AÑO (Total: 9 rubros)

[Ir al menú](#)

Rubro	Financiado	Año 1	Año 2	Año 3	Total
EQUIPOS	68,500,000	46,900,000	14,400,000	7,200,000	68,500,000
GASTOS DE OPERACIÓN	22,060,000	8,824,000	8,824,000	4,412,000	22,060,000
MATERIALES E INSUMOS	24,700,000	23,680,000	680,000	340,000	24,700,000
PERSONAL CIENTÍFICO	341,031,379	136,412,400	136,412,400	68,206,579	341,031,379
PUBLICACIONES	6,000,000	0	6,000,000	0	6,000,000
SALIDAS DE CAMPO	3,700,000	3,700,000	0	0	3,700,000
SEGUIMIENTO Y EVALUACION	7,282,000	2,913,000	2,913,000	1,456,000	7,282,000
SERVICIOS TECNICOS	32,000,000	32,000,000	0	0	32,000,000
VIAJES	4,300,000	0	4,300,000	0	4,300,000
Totales	509,573,379	254,429,400	173,529,400	81,614,579	509,573,379