



**ASOCIACION LATINOAMERICANA DE MICROBIOLOGIA (ALAM)
SOCIEDAD ECUATORIANA DE MICROBIOLOGÍA (SEM)**

**XIX CONGRESO LATINOAMERICANO DE MICROBIOLOGIA
VI CONGRESO NACIONAL DE MICROBIOLOGIA**

MEMORIAS



**HOTEL HILTON COLON
15 AL 18 DE OCTUBRE DEL 2008
QUITO, ECUADOR**

sem



Dr. ALEX FABRICIO ANDRADE ORLANDO-ECUADOR

SESA-COORDINADOR aandrade@sesa.gov.ec

EPIDEMIOLOGIA DE ENFERMEDADES PRIONICAS DE LOS ANIMALES

Las enfermedades priónicas de los animales (EPA's) también conocidas como encefalopatías espongiformes transmisibles (EET's), encefalopatías espongiformes subagudas, encefalopatías degenerativas trasmisibles, infecciones lentas virales o enfermedades lentas virales no convencionales y se constituyen en un grupo de enfermedades neurodegenerativas caracterizadas por un período de incubación muy largo con respecto a la esperanza de vida de las especies susceptibles y afectadas. Las lesiones se circunscriben al sistema nervioso central, pero la patogenia de la infección implica una etapa inicial de replicación de los agentes patógenos en los órganos linfoides, seguida de una fase de invasión del sistema nervioso. El desenlace es siempre fatal y en la actualidad no existe tratamiento ni prevención de estas enfermedades. Los agentes causantes de las EPA's constituyen desde hace años un enigma para nuestros conocimientos de los microorganismos y todavía persisten varias incógnitas sobre su naturaleza. Son denominados agentes de EET's o priones, porque se piensa que derivan de una proteína huésped modificada, la proteína prión (PrP). Una forma patológica de la proteína prión denominada PrP^{Sc} (en referencia al prurigo lumbar o scrapie en inglés) o PrP^{Res} (definición que hacer referencia a la resistencia a la digestión proteolítica) que se acumula en los tejidos destino.

DR. FÉLIX DANIEL ANDUEZA LEAL-VENEZUELA

UNIVERSIDAD DE LOS ANDES. FACULTAD DE FARMACIA U BIOANÁLISIS. VICE DECANO DE DOCENCIA

MICROORGANISMOS VIABLES NO CULTIVABLES anduezaf@ula.ve

Son diversos los microorganismos que crecen en condiciones naturales y que aun no han podido ser cultivados en el laboratorio. Especies de Salmonella, Campylobacter, Escherichia y Vibrio, así como de otros géneros, pueden existir en un estado en el que son viables pero no pueden ser cultivadas por los métodos microbiológicos tradicionales. Esta diferenciación de las células vegetativas a un estado viable pero no cultivable (VNC) representa una estrategia de supervivencia para muchas especies de microorganismos. El estado VNC es morfológicamente distinto a la célula vegetativa normal. Durante la transición al estado VNC, las células se retraen y se transforman en pequeños cuerpos esféricos que son totalmente diferentes a las esporas. Se ha observado que el estado VNC se induce principalmente por la falta de nutriente, así como por cambios en la concentración salina o por variaciones en la temperatura. El concepto de "viables no cultivables" fue introducido por el grupo Byrd and Colwell's en los años 80. De acuerdo a Oliver (1993), una bacteria en el estado de VNC se define como "célula que es metabólicamente activa, mientras que es incapaz de experimentar la división celular requerida para el crecimiento en un medio de cultivo". En el estado VNC las bacterias realizan un mínimo de las condiciones metabólicas, sin embargo pueden ser resucitadas o reanimadas y pasar a un estado normal. Los microorganismos que presentan un estado viable no cultivable exhiben a menudo una disminución del tamaño; el estado VNC es morfológicamente distinto a la célula vegetativa normal, durante la transición al estado VNC, las células de forma bacilar se retraen y se transforman en pequeños cuerpos esféricos. Durante este período un número de cambios metabólicos importantes suelen ocurrir, incluyendo reducciones en el transporte nutriente, disminuye la tasa de respiración, y la síntesis de macromoléculas. También se han reportado cambios en cuanto a la composición de los ácidos de la membrana citoplasmática, que son esenciales de las bacterias en este estado. La virulencia de algunas bacterias también se ve disminuida. Se presentan cambios importantes en los lípidos celulares y en la síntesis de proteínas. Los niveles del ATP, que declinan rápidamente en células muertas y moribundas, mientras que en las células VNC mantienen los valores altos. Son diversos los factores que pueden conllevar a que las células se incorporen al estado de VNC, este estado es una respuesta a ciertas tensiones naturales, o stress tal como falta de nutrientes, cambios en la temperatura óptima del crecimiento, concentraciones osmóticas elevadas (Ej. agua de mar), concentración de oxígeno, o exposición a luz blanca. Éstas son típicamente las tensiones ambientales que pudiesen ser mortales si las células no incorporaran a este estado de inactividad. Además, un número de estudios ha reflejado que los procesos que se asumen normalmente como bactericidas para las bacterias, pueden en algún momento dar lugar a que las células pasen al estado de VNC. Estos procesos incluyen los tratamientos como la pasteurización y de la desinfección con cloro. Los patógenos de origen alimentario en medios nutricionalmente ricos alcanzan el

estado VNC cuando alcanzan temperaturas de refrigeración. Las bacterias que permanecen en estado VNC pueden tardar varios días para su recuperación o resucitación, así que es necesario proveerle de un alto contenido de nutrientes para favorecer su cultivabilidad. Son microorganismos que pueden permanecer en el ambiente largos periodos pero no son cultivables, aún siendo capaces de producir enfermedad. La metodología que se ha seguido para llevar adelante el estudio de los microorganismos en el estado VNC, tanto en muestras ambientales, de alimentos y clínicas, han implicado la utilización de técnicas de biología molecular y microscopía electrónica, tales como el PCR, FISH, DGGE, EXPRESIÓN GÉNICA, CITOMETRIA DE FLUJO y MICROSCOPIA CONFOCAL, entre otras.

MICROBIOLOGÍA DEL AGUA MINERAL ENVASADA

Las ventas de agua mineral embotelladas a nivel mundial se han triplicado en los últimos años, representando un mercado que moviliza millones de litros de agua, con ganancias superiores a los diez mil millones de dólares anuales. La razón de este comportamiento la encontramos en la creencia de que el agua servida por los acueductos estatales (agua potable) presenta contaminantes químicos y microbiológicos.

A través de la historia de la humanidad, la búsqueda de un agua clara, limpia, fresca y palatable ha sido una prioridad para el hombre. Durante las últimas veinte décadas, se han llevado a cabo una serie de esfuerzos para servir a las comunidades con suficiente agua potable, pero sólo durante las dos últimas, se han desarrollado criterios de calidad tanto químicos como microbiológicos para el agua de consumo.

Cuando se establecieron las relaciones entre enfermedad y consumo de agua, las tecnologías para su tratamiento y desinfección se desarrollaron rápidamente. Paralelamente las autoridades de salud de cada país elaboraron estándares de calidad para el agua potable. De esta manera Instituciones como la Organización Mundial de la Salud, agencia especializada en asuntos de salud de la Organización de Naciones Unidas (ONU), en el año 1984 publica una guía para el control del agua potable (WHO, 1984). De igual forma la Comunidad Económica Europea (EEC) promulga en el año 1980 unas directrices sobre la calidad y los estándares de calidad química y microbiológica del agua de consumo, así como también lo hizo el Codex alimentario internacional.

Dentro de este contexto de las aguas de consumo se ubican las aguas minerales envasadas. Tanto el Codex alimentario como la Comunidad Económica Europea han reglamentado con claridad que requisitos debe reunir el agua mineral envasada. Según las directrices generales, para que un agua lleve en la etiqueta la palabra mineral, debe provenir de un manantial o fuente reconocida y no ser tratada, a excepción de la necesaria oxigenación que se realiza luego del filtrado y decantación. El agua que no pretende ser mineral si puede ser tratada, siempre que cumpla con las normas que rigen para el agua potable.

En los Estados Unidos de Norteamérica la calidad del agua mineral envasada es regulada por la normativa de la Agencia de Protección del Medio Ambiente (USEPA). La Legislación Americana no distingue entre aguas envasadas y aguas minerales envasadas, las clasifica todas como aguas envasadas.

El crecimiento desmesurado de las ciudades, aunado a la creciente intervención del hombre sobre su entorno, ha traído como consecuencia que muchas de las fuentes naturales de agua mineral se contaminen, alterando de esta manera su composición química y microbiológica.

Las aguas minerales naturales envasadas no son estériles. En este producto se pueden distinguir dos grupos de bacterias con diferentes orígenes y propiedades. Un grupo puede entrar al agua como contaminante ocasional, procedente de las botellas, empaaduras, aire, tuberías y maquinarias del envasado. Generalmente representa una población transitoria y no puede crecer en un sustrato con niveles de nutrientes extremadamente bajos, como lo es el agua mineral, por lo que mueren rápidamente.

DRA. MARIA SOLEDAD BENÍTEZ PONCE- ECUADOR

THE OHIO STATE UNIVERSITY.PHD CANDIDATE.FITOPATOLOGÍA: ECOLOGÍA MICROBIANA Y CONTROL BIOLÓGICO.SALA 2 INDUSTRIAL msbenitezponce@gmail.com

Análisis de perfiles moleculares en comunidades bacterianas para la identificación de microorganismos asociados a la supresión de enfermedades del suelo

Parámetros físico-químicos en el suelo y características de la comunidad vegetal afectan la estructura de la comunidad microbiana en suelos y raíces. Estos factores son, a su vez, afectados por el manejo del suelo y los cultivos. En este trabajo se presenta la asociación entre miembros de la comunidad bacteriana de suelos y raíces con distintos tipos de cultivo que contribuyen a distintos niveles de supresión de mortandad en plántulas. Múltiples ensayos demostraron que, un cultivo perenne de pastos, trébol y alfalfa, presentó una reducción en la mortandad de plántulas de soya y tomate comparado con un cultivo de vegetales y una zona en descanso. Los perfiles de la comunidad bacteriana, obtenidos por medio de un mapeo en sitios terminales de restricción (polimorfismo en el fragmento terminal T-RFLP) de amplicones de 16S rADN, fueron analizados utilizando estadística múltiple. Las diferentes pruebas estadísticas fueron usadas con el fin de identificar asociaciones entre miembros de la comunidad bacteriana (representados por un fragmento de restricción terminal, TRF) y diferencias en la supresión de enfermedades de suelo observadas. El análisis de los componentes principales, obtenidos con datos de T-RFLP, permitió reconocer los cambios en la estructura de la comunidad bacteriana, así como identificar los miembros de la comunidad (TRF) que más contribuyen a la separación de cada tipo de manejo. A través de análisis de variancia se identificaron varios TRF significativamente más abundantes en los suelos cultivados con pasto. Finalmente, la asociación entre distintos TRF (más abundantes en suelos supresores) y la supresión de enfermedades de suelos fue corroborada por medio de coeficientes de correlación entre la abundancia de TRF y el índice de mortandad observado para cada contexto. Este trabajo representa el primer paso en el estudio e identificación de microorganismos asociados a la supresión de mortandad de plántulas a partir del análisis de perfiles microbianos.

DRA. HEBE MABEL BIANNCHINI - ARGENTINA

CEMIC.ASESOR.BACTERIOLOGÍA CLÍNICA

SENSIBILIDAD DE BACTERIAS ANAEROBIAS. CUÁNDO Y CÓMO?

El uso indiscriminado de antibióticos en medicina, veterinaria y agricultura ha sido acompañado por el aislamiento de bacterias resistentes a altas concentraciones de los mismos. Las bacterias anaerobias no escapan a este fenómeno. En los últimos 15 años se ha descrito en el mundo la aparición de bacterias anaerobias, especialmente gram-negativas, resistentes a diferentes antibióticos recomendados para el tratamiento de infecciones en humanos. Aunque la terapia de las infecciones por anaerobios responde generalmente a un protocolo preestablecido por lo que efectuar estudios de sensibilidad de la bacteria aislada no parecería necesario, sin embargo es interesante conocer los cambios en la sensibilidad que van apareciendo. Suelen efectuarse pruebas de sensibilidad sobre aislamientos recientes en las siguientes situaciones: infecciones del sistema nervioso central, articulaciones, óseas y protésicas, bacteriemias y fallas clínicas después de usar tratamientos empíricos adecuados. Que especies deben ser probadas? La mayoría de los cambios en la sensibilidad fueron observados especialmente entre Bacteroides del grupo fragilis y los pertenecientes a los géneros Fusobacterium, Prevotella y Porphyromonas. También deberían incluirse algunas especies de Clostridium como C. perfringens, C. ramosum, C. innocuum y otros. En Estados Unidos y en América, la mayoría de los anaerobios (excepto los bacilos gram positivos no esporulados) son sensibles a imipenem, cloranfenicol y metronidazol, aunque en Europa y Japón se han detectado cepas resistentes a estos antibióticos. Por eso estas drogas no se ensayan de rutina en la mayoría de los países pero se hace necesario el monitoreo periódico en centros de referencia para detectar la resistencia de cepas emergentes. Las cefalosporinas, penicilinas, asociaciones de beta lactámicos con inhibidores de beta lactamasa, clindamicina, macrólidos y algunas nuevas quinolonas tienen actividad variable frente a anaerobios.. Por lo tanto la sensibilidad de una cepa aislada de un proceso agudo no puede ser predecible por datos publicados. En estos casos un método apropiado para medir sensibilidad debe ser elegido Sin lugar a dudas dilución en caldo o agar son los métodos de elección como método de referencia. Con E test o elución de discos en caldo se obtienen buenos resultados con fines clínicos, considerando además que son fáciles de usar. Desafortunadamente no hay acuerdo sobre cual es el mejor método para ser usado con fines clínicos, pero todos estamos de acuerdo de que el médico necesita datos

generados por su propio laboratorio para predecir si un antibiótico será útil en el tratamiento de un caso particular,

EDUCACIÓN A DISTANCIA, en la actualización en MICROBIOLOGÍA CLÍNICA

Como la Microbiología Clínica es una ciencia en continuo desarrollo, adoptamos esta metodología para llegar a aquellos profesionales que trabajan lejos de los centros universitarios, dado la enorme superficie de nuestro país y que están interesados en actualizar sus conocimientos a aplicar en el diagnóstico de las enfermedades infecciosas. El curso se desarrolla en 20 módulos con un tiempo de estudio estimado en 600 horas a cumplirse en dos años. El programa está dividido en dos partes: 8 módulos de Microbiología básica y 12 de integración Microbiología-Infectología. Participaron del dictado 19 coordinadores de los módulos y 36 docentes. El curso se inició en septiembre de 1996 cuando la Asociación Argentina de Microbiología convencida de la utilidad de la Educación a Distancia, convocó al Colegio de Bioquímicos de Entre Ríos, con experiencia en esta modalidad y a la Universidad Nacional del Litoral para iniciar esta nueva experiencia en Microbiología Clínica. Hasta la fecha se inscribieron 2253 alumnos, 1437 en los dos primeros años y el resto a un promedio de 80 alumnos por año, la mayoría de Argentina y 13 alumnos de otros países de Latinoamérica: Panamá, Bolivia, Paraguay y Guatemala. Los alumnos reciben periódicamente los módulos con la información, acompañados de audio o videocasetes cuando el tema lo requiere. Cada módulo se acompaña de un cuestionario de autoevaluación y un heteroevaluación. Esta última nos la envían cuando la resuelven y es obligatorio aprobar el 80 % de los módulos para rendir el examen final que es presencial. El examen final consiste en 60 preguntas (modalidad “multiple choice”) que el alumno debe contestar en el término de 2 horas. Para aprobar debe contestar correctamente el 70 % de las preguntas tanto en la heteroevaluación como en el Creemos haber cumplido satisfactoriamente con los objetivos planteados

DRA. NORMA BINSZTEIN-ARGENTINA

INSTITUTO NACIONAL DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS (INEI)-ANLIS “CARLOS G.MALBRAN”

PROFESIONAL DEPARTAMENTO DE BACTERIOLOGÍA nbisztein@anlis.gov.ar

Vibrio cholerae EN AMERICA LATINA: REVISION HISTORICA Y NUEVOS DESAFIOS. V cholerae

Desde 1817 se reportaron 7 pandemias de cólera, todas producidas por *V. cholerae* del serogrupo O1. El cólera es una enfermedad re-emergente en América a partir de la epidemia iniciada en Perú en enero de 1991 y propagada a 18 países del continente. Los principales factores de patogenicidad de *V. cholerae* con potencial epidémico son la toxina de cólera (CT) y la fimbria TCP (toxin coregulated pilus), que media la adherencia específica y actúa además como receptor para el fago $\text{ctx}\phi$, portador de los genes que codifican CT. En Argentina, se han realizado estudios de diversidad genética utilizando la metodología de electroforesis en campo pulsado (PFGE). Los resultados permitieron determinar que todos los brotes de cólera (ocurridos desde 1992 hasta 1998) fueron causados por un mismo clon de *V. cholerae* O1, CT+, TCP+, que a su vez fue el mismo identificado en otros países de la Región. La aplicación de PFGE permitió, además, el hallazgo de un grupo de aislamientos genéticamente relacionados, Variante Tucumán, que no producían CT ni TCP, a pesar de haber causado diarrea. Estos aislamientos sí producían hemolisina El Tor y por MLST se demostró que se encuentran distantes del serogrupo O1 y cercano a no-O1, adquiriendo el antígeno O1 por transferencia horizontal. Estudios realizados en *V. cholerae* no-O1, no-O139 mostraron que este grupo, de alta diversidad genética, en general carece de CT y TCP, pero persiste como agente causal de diarreas. El reservorio natural de *V. cholerae* es el ambiente acuático. En condiciones ambientales desfavorables puede sobrevivir largo tiempo en un estado durmiente, denominado “viable-no cultivable”(VNC), capaz de retener su potencial patogénico. En Argentina, se ha demostrado la existencia de reservorios ambientales de *V. cholerae* O1 VNC, CT+, TCP+ por PCR y por inmunofluorescencia.. Además se puso en evidencia la asociación de *V. cholerae* VNC con *Noctiluca scintillans* un dinoflagelado marino. Estos hallazgos indican la importancia de mantener el alerta y la vigilancia activa de *V. cholerae* O1 y también la de *V. cholerae* no-O1, por la capacidad de transferencia horizontal de genes y el surgimiento de nuevas cepas con potencial epidémico

Vigilancia Basada en Laboratorio. Importancia de la información y de las redes internacionales, WHO Global Salmonella Surveillance y PulseNet, para la vigilancia integrada de las Enfermedades de Transmisión Alimentaria (ETA)

Vigilancia es la recolección continua y sistemática de datos, su análisis, interpretación y difusión para tomar acciones con impacto en salud pública, permite mantener un alerta continuo y por ende detectar e investigar eventos inusuales como son los brotes. La vigilancia de las ETA es un proceso complejo, de amplio espectro, de la granja a la mesa, con actividad multidisciplinaria en la que participan muy diferentes actores y puede ir desde una modalidad “informal” hasta la “integrada”. La vigilancia integrada de las ETA se basa en el análisis y comparación de los datos a través de toda la cadena alimentaria, (animales, alimentos, humanos), con activa participación de epidemiología, para identificar y prevenir fuentes de contaminación y evaluar intervenciones. Un pilar fundamental de esta integración lo constituye el laboratorio ya que muchos patógenos se presentan con síntomas similares (p ej diarrea). La vigilancia basada en laboratorio alerta y le da especificidad al sistema de salud, detecta brotes e identifica las fuentes de contaminación y los alimentos de alto riesgo, más aún con la utilización de herramientas moleculares como electroforesis en campo pulsado (PFGE). Una de las más importantes estrategias para fortalecer la vigilancia de las ETA es la constitución de redes de trabajo nacionales e internacionales, basadas en la Vigilancia Integrada. Dos de estas redes que se están desarrollando en todo el mundo y de gran impacto en la región de América Latina y Caribe son el programa de la OMS, WHO Global Salmonella Surveillance (WHO GSS) y la red de PulseNet, en las que participan casi todos los países de la Región. La visión de ambos programas es de salvar vidas y reducir las pérdidas sociales y económicas debidas a las enfermedades transmitidas por alimentos y por agua. Ambos, aunque se complementan y comparten los actores, difieren en las herramientas de laboratorio que utilizan, mientras el WHO GSS se basa en la tipificación, PulseNet se basa en la subtipificación por métodos genotípicos estandarizados, en particular PFGE, que permite, entre otras cosas, relacionar casos aparentemente esporádicos con brotes e identificar la fuente de contaminación. Las redes internacionales aseguran las tres C de la Vigilancia Integrada: comunicación, colaboración, coordinación y además la obtención de resultados comparables en todo el mundo por el uso de metodología estandarizada y programas de evaluación de la calidad.

DRA. MARIA ELENA CAZAR RAMÍREZ-ECUADOR

UNIVERSIDAD DEL AZUAY.DOCENTE – INVESTIGADORA.BIOTECNOLOGÍA DE MICROORGANISMOS mcazar@uazuay.edu.ec

Antagonismo Microbiano como estrategia en el control de plagas

Las enfermedades causadas por patógenos de plantas pueden conducir a grandes pérdidas de cultivos de importancia económica. Ejemplos sobre los efectos que pueden producir las enfermedades de plantas se encuentran citados en la historia. Los brotes epidémicos del tizón tardío de la papa, causado por el hongo *Phytophthora infestans*, causaron efectos devastadores en Irlanda durante 1846 y 1846. El ataque de *Hemileia vastatrix* provocó la desaparición de los cultivos de café de la India y Ceilán, siendo éstos sustituidos por el té. Normalmente, las prácticas agronómicas relacionadas con el control de plagas se apoyan principalmente en los pesticidas de síntesis química, sea por su fácil aplicación, sus costos económicos y sus efectos rápidos sobre las plagas. Sin embargo, en corto plazo se han notado los problemas asociados a las excesivas e indiscriminadas aplicaciones de agroquímicos. Las plagas se han vuelto resistentes contra la mayoría de estos, los enemigos naturales fueron eliminados, mientras los residuos tóxicos de los insumos agrícolas han envenenado el suelo, el agua, el aire y los mismos productos agropecuarios. En la sombra de la tristemente famosa “Revolución Verde” de los años 70, la mayoría de los profesionales agrónomos han aceptado, como alternativa viable y sostenible, la filosofía del Manejo Integrado de Plagas.El Manejo Integrado de Plagas involucra prácticas que utilizan enemigos naturales de los patógenos para su eliminación. Investigaciones recientes demuestran la efectividad de biocontroladores de plagas (hongos, bacterias y nemátodos entomopatogénicos) en diversos cultivos y en procesos de postcosecha. No obstante, se requieren estudios enfocados a la dosificación y efectos asociados a la introducción de estos agentes de biocontrol en los ecosistemas agrícolas.El reino fungi se caracteriza por una elevada biodiversidad. Actualmente son conocidas alrededor de 70 000 especies de un total estimado de 1.5 millones de hongos en total (4). En su mayoría se trata de hongos filamentosos y uno de sus hábitats preferidos es el suelo. La mayoría de suelos naturales son capaces de controlar la germinación y crecimiento de hongos. Este fenómeno es definido como fungistasis. La intensidad de la fungistasis depende de las propiedades físicas y químicas del suelo así como su actividad microbiana. El efecto antagonista desarrollado por hongos de suelo contra patógenos vegetales demuestra que este nicho ecológico es una importante fuente de cepas biocontroladoras. En efecto, hongos del género *Trichoderma* son comercializados como biopesticidas

específicos contra Rhizoctonia, Pythium y Fusarium, incrementando el crecimiento de raíces y la captación de nitrógeno hasta en un 25%. La búsqueda de cepas nativas procedentes de ecosistemas no antropizados puede generar nuevos biocontroladores como alternativa al uso de pesticidas químicos.

Metabolismo Secundario Fungal: Bioactividad y Aplicaciones Industriales

Los hongos conforman una agrupación cosmopolita de eucariontes heterótrofos, usualmente microscópicos, cuyo cuerpo vegetativo consiste en filamentos ramificados los cuales tienen paredes celulares definidas constituidas por celulosa y quitina. Principalmente se reproducen por esporas, cuerpos reproductivos especializados constituidos por una o más células. La mayoría de las cien mil especies de hongos conocidos son estrictamente saprófitas, siendo su hábitat la materia orgánica en descomposición. En la historia de los pueblos la presencia de los hongos ha marcado giros culturales y sociales. En la Edad Media, la temible enfermedad conocida como “Fuego de San Antonio” causó estragos en brotes epidémicos. Actualmente es conocido que los alcaloides de ergot producidos por el hongo parásito *Claviceps purpurea* eran responsables de los síntomas de esta enfermedad hoy conocida como ergotismo: extrañas aberraciones mentales, alucinaciones, abortos y gangrena.

Aunque los alcaloides de ergot tienen interesantes propiedades medicinales, la producción de antibióticos por hongos condujo al desarrollo de una era en el descubrimiento de drogas de interés medicinal. El primer reporte del potencial antibacteriano de los hongos se dio en 1876 donde Tyndall describió el efecto antagonista de *Penicillium* sp. en bacterias. En 1896, Gosio reportó el aislamiento de una sustancia cristalina con propiedades antibióticas. Posteriormente el compuesto fue identificado como ácido micofenólico. A pesar de estos tempranos reportes, el puntal principal del descubrimiento de antibióticos ocurrió en 1929 donde Alexander Fleming describe los efectos de *Penicillium notatum* y penicilina en bacterias. No obstante, la importancia de su trabajo no fue totalmente entendida hasta inicios de 1940 cuando un grupo de científicos en Oxford investigaron el uso de la penicilina en seres humanos (Bugni e Ireland, 2004). De los diez antibióticos fungales comercialmente producidos, las penicilinas, cefalosporinas, griseofulvinas y ácido fusídico tienen un uso mayoritario en aplicaciones clínicas (Gibson y Krasnoff, 1999). El metabolismo secundario de hongos se ramifica del metabolismo primario en relativamente pocos puntos. La acetilcoenzima A es la precursora más importante ya que se involucra en la síntesis de terpenos, esteroides, ácidos grasos y policétidos. Además, una variedad de compuestos aromáticos son sintetizados a partir del intermedio glicolítico fosfoenolpiruvato y eritrosa-4-fosfato. Otros metabolitos secundarios son derivados de amidas. Muchas de las enzimas del metabolismo secundario son relativamente no específicas y dan lugar a la formación de una red compleja de vías alternativas. Esta aproximación justifica la diversidad de estructuras reportadas en metabolitos de hongos. Actualmente, también se estudia su rol como factores esporogénicos, en la inducción de producción de otros metabolitos bioactivos y en procesos de transducción de señales

DR. RICARDO CEDEÑO-ECUADOR

FUNDACION CENAIM ESPOL .INVESTIGADOR AREA DE MICROBIOLOGIA .MICROBIOLOGIA

vr@cenaim.espol.edu.ec

EVALUACION DE ACTIVIDAD ENZIMÁTICA E INMUNOESTIMULANTE DE CEPAS BACTERIANAS COMO POTENCIALES PROBIÓTICOS PARA EL CULTIVO DE CAMARONES PENAEUS VANNAMEI

El trabajo evaluó el efecto del uso de cepas bacterianas probióticas en un sistema de cultivo (engorde) de camarón *Litopenaeus vannamei*, y estudio las comunidades bacterianas presentes en muestras de estómago de camarón, sedimento y agua. El estudio de la comunidad bacteriana estimado de las densidades promedios obtenidas en agua, sedimento y camarón, mostraron que existió un incremento en el conteo bacteriano en AM en muestras de camarón y una disminución del conteo de Vibrios en TCBS en todas las muestras sin embargo no mostraron ser estadísticamente significativos. La caracterización de los aislados obtenidos en muestras de estómago de camarón y sedimento revelaron que existen diferencias significativas ($p < 0.05$) en el contenido de microorganismos gram-positivos y gram-negativos dentro de los tratamientos con predominio de gram-negativos; sin embargo entre los tratamientos no se evidenció diferencias significativas. Dentro de los grupos aislados en las muestras de sedimento y estómago de camarón encontramos la presencia de los géneros *Vibrio* y *Aeromonas* en ambos tratamientos con una reducción del porcentaje de ambos géneros y un incremento del porcentaje de otros microorganismos gram-negativos en el tratamiento con probiótico. No se reportó la

presencia del género *Pseudomonas* en las muestras de estómago de camarón y sedimento en los tratamientos. Los perfiles de 16S rRNA obtenidos por DGGE (Gel de electroforesis con gradiente denaturante) empleado para estimar los índices mostraron que la diversidad bacteriana fue estadísticamente diferentes ($p < 0.05$) entre tratamientos en las muestras de sedimento en lo que se refiere a riqueza, número y abundancia de especies; mientras que para la microflora de estómago de camarón no mostraron diferencias significativas entre los tratamientos; sin embargo los geles compuestos ilustraron el desplazamiento de especies dentro de la microflora de estómago de camarón que no fue reportada por los índices durante todo el periodo de muestreo. Se evidenció diferencias estadísticamente significativa en la homogeneidad (E) entre el tratamiento con probiótico y control ($p < 0.05$) en la microflora de agua. Los dendogramas que grafican la similaridad entre los perfiles de 16S rRNA y representan la comunidad bacteriana en las muestras de estómago de camarón, sedimento y agua en ambos tratamientos permitieron determinar que la estructura de la comunidad entre los tratamientos cambió pero la diversidad no fue reducida durante la aplicación del probiótico, observándose las comunidades bacterianas más similares dentro de los tratamientos en las muestras de estómago de camarón. Mientras que en las muestras de sedimento el cambio de la estructura de las comunidades bacterianas es menor comparada con la de estómago de camarón, tornándose más similares las comunidades entre tratamientos, mientras que las comunidades en muestras de agua presentan estructuras más similares entre tratamientos, posiblemente por poseer especies filogenéticamente más relacionadas.

DGGE COMO HERRAMIENTA PARA EL ESTUDIO DE PERFILES MOLECULARES DE COMUNIDADES BACTERIANAS EN SISTEMAS DE CULTIVO DE CAMARONES *PENAEUS VANNAMEI* EN ECUADOR

Actualmente el uso de antimicrobianos en los sistemas de producción de alimentos acuáticos esta fuertemente regulado. Las alternativas de tratamiento o profilaxis para el tratamiento de patologías estan fuertemente ligado al uso de productos naturales o que tengan poco efecto sobre el ambiente, los probióticos y estrategias de vacunación han ganado una gran aceptación por lo que la búsqueda de posibles probióticos es una necesidad actual en el sector camaronero local. El objetivo de este trabajo fue seleccionar y evaluar in vitro e in vivo potenciales cepas probióticas para el cultivo del camarón *L. vannamei*. Para ello se realizó un proceso de selección de bacterias basados en sus capacidades in vitro, se evaluó la capacidad de inhibición de los aislados frente a patógenos, su actividad enzimática (producción de lipasas, proteasas, amilasas). Adicionalmente se evaluó la actividad inmunitaria de los animales tratados y no tratados por medio de varios tests miniaturizados estandarizados en el CENAIM en años pasados. Con estos datos a partir de 14 aislados escogidos inicialmente se seleccionaron 4 aislados que fueron posteriormente ensayados in vivo con animales, para ello se suministró por 33 días alimento conteniendo las cepas evaluadas y se incluyeron tratamientos controles. Al finalizar el ensayo se realizó un desafío experimental con bacterias para determinar si las cepas aplicadas en el alimento eran capaces de conferir algún tipo de protección frente a la infección experimental.

DRA. MARIA BELÉN CEVALLOS ALMEIDA-ECUADOR

UNIVERSIDAD ALAS PERUANAS. DOCENTE. BACTERIOLOGÍA Y MICOLOGÍA

TEMA: *CAMPYLOBACTER JEJUNI* PROBLEMÁTICA ACTUAL Y SITUACIÓN EN ECUADOR

CAMPYLOBACTER JEJUNI EN ALIMENTOS DE ORIGEN ANIMAL:

La campylobacteriosis es una zoonosis de distribución mundial. Las especies de *Campylobacter* (*Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli*) que producen diarrea se encuentran habitualmente como comensales del tracto gastrointestinal de una gran variedad de mamíferos y de aves, tanto domésticos como de vida libre. Estas especies son termofilicas ya que crecen en temperatura óptima de 42° C. Otras especies como *Campylobacter upsaliensis* y *Campylobacter lari*, se han reportado como patógenas para el hombre (Lake et al 2003). El problema de la campylobacteriosis en salud pública se incrementa notablemente y los reportes de incidencia de ésta enfermedad en humanos han aumentado durante los pasados 20 años y especialmente desde 1990. A pesar de la importancia del incremento de *Campylobacter* en países desarrollados y en vías de desarrollo, muchos de éstos no poseen sistemas de diagnóstico de ésta enfermedad, ni medidas sanitarias, así como tampoco se detectan focos ni se elaboran estadísticas. Pocos países supervisan animales y otras fuentes de *Campylobacter* lo cual impide la investigación de las rutas de transmisión de esta enfermedad. La OMS ha recomendado a los gobiernos reconocer la importancia de *Campylobacter* en el mismo nivel que el de *Salmonella* y *Shigella*. Los

principales factores de riesgo de la transmisión de *Campylobacter* que han sido identificados en países en desarrollo son la manipulación y consumo de carne de pollo y alimentos de origen animal como leche cruda y agua, el contacto con mascotas y animales de granja. En países desarrollados, en cambio los factores de riesgo establecidos incluyen el agua tratada inadecuadamente y el contacto con animales de granja

DRA. MARCELA DUCIEL VALENZUELA CORREA-CHILE

UNIVERSIDAD MAYOR ducielm@gmail.com

Toxoplasmosis felina: una visión Médico Veterinaria y en la salud pública

La infección por *Toxoplasma gondii* es muy común en los gatos y humanos, se encuentra distribuido a lo largo del todo el mundo. La seroprevalencia de la infección varía entre la región y los países, y es alrededor de un 30 al 40%. Cuando un gato o una persona se infecta con *T.gondii*, probablemente puede permanecer en los tejidos de por vida. Los gatos son los huéspedes definitivos, y se eliminan como ooquistes por las fecas

Los ooquistes son infectantes después de su esporulación, la cual puede ocurrir después de 1 a 5 días en el medio ambiente. Los humanos son infectados por la ingestión de ooquistes esporulados o de quistes en los tejidos. La toxoplasmosis puede generar una severa infección transplacentaria en los niños y en otros individuos inmunosuprimidos o inmunocomprometidos. La mayoría de los gatos están infectados y son subclínicos, pero potencialmente pueden activarse la enfermedad y morir. Los principales órganos afectados son el SNC, músculos y vísceras. La transmisión puede ser por vía lactogénica, transplacentaria o por vía oro - fecal. Si ocurre en el primer trimestre gestación en humanos genera aborto, enfermedad del SNC. En los gatitos neonatales se puede observar neumonía intersticial, hepatitis necrótica, miocarditis, encefalitis no supurativa y uveitis. Si la infección ocurre en el segundo y tercer trimestre gestación, afecta principalmente feto. El diagnóstico se realiza con la citología y análisis de fluido cerebro espinal, También con la observación microscópica de los ooquistes en fecas. La serología es por medio de Elisa, Anticuerpos innumofluorescentes, western blot. La medición de IgM, IgG e IgA. Los niveles de Ig M se correlacionan con la enfermedad. En el caso de IgG, es detectada 3 a 4 sem. post inoculación, se puede realizar hasta 6 años de después de infección e incluso de por vida. Altos títulos no sugiere infección reciente y activa, puede haber gatos sanos con títulos sobre 10.000. El diagnóstico definitivo se efectúa con la demostración de Ac. en suero, humor acuoso o FCE , así los niveles de Ig M > 1: 256 (representan una infección reciente y activa), El aumento de IgG es mayor al IgM.

Dra. M^a del Carmen de la Rosa Jorge

Departamento de Microbiología II. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense de Madrid. e-mail: delarosa@farm.ucm.es

El ser humano necesita el agua para vivir, tanto para realizar su propio metabolismo como para el desarrollo de diversas actividades socio- económicas: agrícolas, ganaderas, industriales, sanitarias y lúdicas. Por esta razón los gobiernos de todos los países del mundo deben proporcionar a sus ciudadanos agua de calidad para cubrir estas necesidades.

Las enfermedades más graves son las denominadas “clásicas”: cólera, fiebres tifoideas y disentería bacilar, causadas por bacterias, y las hepatitis infecciosas debidas a virus, que todavía son comunes en los países con escasos recursos sanitarios. Menos graves, pero mas frecuentes en los países desarrollados, son las gastroenteritis ocasionadas tanto por bacterias: *Salmonella enterica*, *Escherichia coli*, *Yersinia enterocolitica* y *Campylobacter jejuni*, como por virus (*Adenovirus*, *Rotavirus*, *Norovirus*, *Enterovirus*, *Calicivirus* y *Astrovirus*) (Nombela et al. 2004; WHO, 2006).

Entre las bacterias patógenas emergentes relacionadas con el agua se encuentra *Helicobacter pylori*, causante de gastritis y úlceras pépticas, (Warren y Marshall, 1986) y que ha sido detectada en aguas de consumo humano pero su posible transmisión por el agua de bebida, debe ser confirmada (WHO, 2006). Así como, *Legionella pneumophila*, descubierta en 1976 (Mc Dade et al., 1977), que produce la legionelosis, una infección respiratoria transmitida por la inhalación de aerosoles procedentes de diversos sistemas de distribución de agua colonizados por esta bacteria (Codony et al.,2002). La presencia en el agua de consumo de bacterias autóctonas, capaces de sobrevivir y multiplicarse en los sistemas de distribución de agua, formando biopelículas, causa cierta preocupación a las autoridades sanitarias, ya que pueden actuar como patógenas oportunistas, originando infecciones en personas inmunodeprimidas. Destacamos como posibles patógenos oportunistas algunas especies

de los géneros: Acinetobacter, Aeromonas, Arcobacter, Burkholderia, Mycobacterium, Pseudomonas, Stenotrophomonas y Tsukamurella. Se han descrito infecciones hospitalarias producidas por especies de estas bacterias (P. aeruginosa, S. maltophilia, Mycobacterium avium complex). Los virus emergentes más importantes son, por su frecuencia, Rotavirus A y B y Norovirus, causantes de gastroenteritis, y por su gravedad Hepevirus que produce hepatitis tipo E con una alta mortalidad en mujeres embarazadas debido a una insuficiencia hepática (WHO, 2006). Otro problema nuevo es la producción de toxinas por cianobacterias (Anabaena, Lyngbya, Microcystis, Oscillatoria) que en condiciones ambientales favorables crecen en lagos y embalses eutróficos y pueden llegar al agua de abastecimiento, originando diversas afecciones graves: hepáticas, renales, neurológicas y gastrointestinales (Carrasco et al., 2006; WHO, 2006).

DR. JACOBUS H. DE WAARD - VENEZUELA

UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA. JEFE DEPARTAMENTO DE TUBERCULOSIS, INSTITUTO DE BIOMEDICINA

DIAGNÓSTICO Y EPIDEMIOLOGÍA DE INFECCIONES POR MICOBACTERIAS

Infecciones por Micobacterias no tuberculosas; diagnóstico, tratamiento y epidemiología.

Dr. Jacobus H. de Waard, E-mail: jacobusdeward@gmail.com

En esta conferencia se describen las características clínicas y epidemiológicas, el diagnóstico microbiológico, el tratamiento y el seguimiento de infecciones por micobacterias no tuberculosas en tejido blando en pacientes con antecedentes de mesoterapia, cirugía plástica o inmunosupresión. Se discute un método de biología molecular para la identificación de Micobacterias (PRA) y su aplicación en el diagnóstico directo en muestras clínicas. El uso de esta técnica permitió el diagnóstico en Venezuela de los primeros casos de infección por M. genavense y M. haemophilum. La investigación de la fuente de infección en el caso de brotes posterior a cirugía o mesoterapia a través del uso de técnicas de biología molecular, reveló productos contaminados con micobacterias o fallas en la desinfección de material crítico y semicrítico. Se discute los desinfectantes disponibles en Latinoamérica que están registrados como desinfectantes de alto nivel. Se concluye que hay varios desinfectantes de "alto nivel" disponibles que resultan inadecuados cuando son evaluados según las normas internacionales y se advierte que el uso para la desinfección de materiales críticos y semicríticos podría resultar en infecciones iatrogénicas, especialmente con micobacterias. Se concluye que los médicos y microbiólogos deben estar atentos ante aquellos pacientes inmunosuprimidos o con antecedentes de mesoterapia o cirugía (plástica) que desarrollen tardíamente lesiones en piel y tejidos blandos, que no respondan al tratamiento con antibióticos ya que éstas podrían ser causadas por agentes como las micobacterias no tuberculosas.

DR. RICAHRD DOUCE- QUITO

HOSPITAL VOZANDES QUITO. COORDINADOR DE DOCENCIA MÉDICA. INTERNISTA CON SUBESPECIALIZACIÓN EN ENFERMEDADES INFECCIOSAS rdouce@hcjb.org.ec

Epidemia Febril Fatal del Oriente Ecuatoriano

En Julio 2005, dos pacientes ingresaron a Cuidados Intensivos del Hospital Vozandes Quito con parálisis ascendente con historia de una enfermedad misteriosa de su comunidad en Jatún Molino, población situada en el Río Bobonaza, Provincia Pastaza, Ecuador. Se presenta el diagnóstico diferencial del cuadro clínico, las dificultades en confirmar rabia, y la investigación epidemiológica del brote. Durante el mes de Junio 2005, el 5% de la población murió de un cuadro relacionado con rabia paralítica. Dos autopsias hechas en Quito confirmaron rabia, y la biología molecular del virus mostró una cepa de rabia previamente aislada en murciélagos vampiros de la Amazonía. Con esta información el Ministerio de Salud Pública vacunó a cien pobladores de la comunidad y el brote terminó.

Investigación de un brote de Infección de Catéteres Centrales por Burkholderia cepacia y Myroides odoratus.

Se describe un brote de infección de torrente sanguíneo asociado con catéteres venosos centrales en un hospital de Quito, Ecuador. Se presenta la investigación epidemiológica y las posibles causas investigadas. Se aisló Burkholderia cepacia y Myroides odoratus de agua destilada utilizada para disolución de antibióticos provenientes de una casa farmacéutica ecuatoriana. El retiro de estos frascos bajó la incidencia de infección de líneas centrales desde 30 infecciones por mil catéter-días a menos de 3 infecciones por mil catéter-días. Este estudio fue publicado en la revista, Infect Control Hosp Epidemiol 2008; 29:364-366

DRA. TERESA ESTRADA-GARCÍA - MEXICO

CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS AVANZADOS DEL INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL (CINVESTAV-IPN). PROFESOR INVESTIGADOR testrada@cinvestav.mx

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE LAS ENFERMEDADES DIARRÉICAS CON ÉNFASIS EN PATOTIPOS DE E.COLI DIAREOGÉNICAS.

Los patotipos de Escherichia coli diarreogénicas (PECD) son un problema de salud pública en el mundo. Sin embargo, a pesar de su importancia la presencia de E. coli en heces de pacientes con diarrea continúan reportándose como flora intestinal normal, ya que por pruebas bioquímicas tradicionales no es posible identificar a estos patotipos. Nosotros hemos desarrollado 2 PCR que nos permiten reconocer al menos a 6 de los 7 patotipos de E. coli descritos hasta el momento: enterotoxigénica (ETEC), enteroinvasora (EIEC), productora de toxinas Shiga (STEC), enteroagregativa (EAEC) y enteropatógena típica (EPECt) y atípica (EPECa). Estas técnicas han mostrado ser más rápidas y sensibles que la tradicionalmente empleada “colony blot”.

Utilizando éstas PCR hemos realizado en México varios estudios. Los cuales han permitido establecer, en la ciudad de México, que los aderezos de tacos de venta callejera (salsas picantes caseras, cebolla cilantro y lechuga) están contaminados aproximadamente el 40% con E. coli y el 5% con PECD: como ETEC, EPECa siendo STEC el patotipo más prevalente (no se busco EAEC). Así como establecer que en niños ≤ 5 años con diarrea aguda que requiere hospitalización, éstos patotipos son el segundo grupo más importante de patógenos causantes de diarrea en éstos niños, solo por debajo de Rotavirus pero por arriba de Shigella y Salmonella. Estos estudios consistieron en analizar las heces de niños para la presencia de virus, bacterias y parásitos gastrointestinales durante 3 años: en 3 hospitales de la Ciudad de México (zona templada, 1999-2001) y en el principal hospital infantil de Villahermosa, Tabasco (zona tropical, 2003-2006). Se reclutaron un total de 815 y 610 niños respectivamente. Por paciente se colectaron 5 colonias de E. coli y se analizaron para la presencia de PECD cuya prevalencia fue del 16.3% en la Ciudad de México y del 40% en Tabasco, EAEC fue el patotipo más prevalente, el tercero STEC, el cuarto EPECt y el menos EIEC, ETEC fue el segundo más prevalente en la Ciudad de México y EPECa en Tabasco. En ambos estudios se observó que las infecciones por PECD se asociaron significativamente ($p < 0.01$) con el estatus de desnutrición de los niños. Los PECD en México, están presentes en alimentos de venta callejera y son importantes patógenos causantes de diarrea infantil aguda grave, particularmente en niños desnutridos

DR. HERIBERTO FERNANDEZ JARAMILLO - CHILE

INSTITUTO DE MICROBIOLOGÍA CLÍNICA. UNIVERSIDAD AUSTRAL DE CHILE. PROFESOR TITULAR

Universidad Austral de Chile. Casilla 567. Fono 56 63 214377. Fax 56 63 293300e-mail: hfernand@uach.cl

MICROBIOLOGÍA CLÍNICA – CAMPYLOBACTER Y MICROORGANISMOS RELACIONADOS

CAMPYLOBACTER Y ARCOBACTER : BACTERIAS ZONÓTICAS DE IMPORTANCIA MÉDICA TRANSMITIDAS POR ALIMENTOS

La Familia Campylobacteraceae comprende los géneros Campylobacter y Arcobacter agrupando bacilos Gram negativos curvos de carácter zoonótico.

Las infecciones por especies de esta familia se conocen colectivamente como campylobacteriosis, siendo la enteritis por *Campylobacter* la de mayor importancia en salud pública, producida principalmente por *C. jejuni* y *C. coli*. También puede ser producida por otras especies de *Campylobacter* y de *Arcobacter*.

C. jejuni, es la especie aislada con mayor frecuencia. Produce diarrea en todos los grupos etáreos aunque en América Latina (AL) es más frecuente en los 2 primeros años de vida. En AL ha sido aislado de una gran variedad de animales domésticos y salvajes, que representan un reservorio de grandes proporciones. También se le ha aislado de agua y de alimentos de origen animal (leche y carne), en especial de carne y subproductos aviares. En los países del área, su frecuencia de aislamiento en el hombre fluctúa entre un 0,6% en Cuba a un 23% en la región de Iquitos (Perú). La tasa de portadores asintomáticos fluctúa entre el 2% en Costa Rica y del 14,3% en Brasil.

Campylobacter jejuni y otras especies del género de importancia clínica

Las 19 especies y 6 subespecies de *Campylobacter* son bacilos Gram negativos curvos de naturaleza zoonótica que reconocen como reservorio a mamíferos y aves, tanto domésticos como de vida libre. *C. jejuni* ssp. *doylei*: Especie cuya temperatura óptima de crecimiento es de 35-37°C. Aislada en baja frecuencia del epitelio gástrico como también de niños con diarrea. La gallina y el perro han sido identificados como reservorios de esta bacteria.

C. jejuni ssp. *jejuni* (*C. jejuni*): Bacteria enteropatógena que eventualmente invade el sistema circulatorio. Es el primer agente de diarrea en los países industrializados y el segundo o tercero en aquellos en vías de desarrollo. Es ubicua, encontrándosele en agua, alimentos de origen animal e intestinos del hombre y de animales domésticos y de vida libre. El hombre adquiere la infección por ingesta de agua y alimentos contaminados o por contacto con animales. El período de incubación varía de uno a siete días. Normalmente cursa como una diarrea aguda (leve a severa), generalmente autolimitada. Se ha descrito secuelas postinfecciosas como el síndrome de Guillain Barré y el de Miller Fisher.

C. coli: Especie muy semejante a *C. jejuni*, reconoce al cerdo como su principal reservorio. En los países industrializados produce el 3-5% de los casos de diarrea por *Campylobacter*. En los países en desarrollo esta frecuencia puede llegar al 25%.

C. lari: Agente de diarrea y septicemia en el hombre. Su reservorio más importante son aves marinas, principalmente gaviotas. También puede ser aislada de otros animales.

C. fetus ssp. *fetus*: Especie tipo del género, aislada de varios animales. Es un patógeno oportunista, produciendo infecciones sistémicas en individuos inmunocomprometidos.

C. upsaliensis: Aislado de perros, gatos, patos, monos, pelicanos, gorriones y gallinas. Produce diarrea y bacteriemia en niños y adultos inmunocompetentes e inmunocomprometidos. El SGB y el síndrome urémico hemolítico han sido descritos como secuelas postinfección.

C. insulaenigrae: Aislada en 2004 de mamíferos marinos en Escocia. Podría ser una especie oportunista pues el 2007 se aísla de bacteriemia y diarrea en una paciente inmunocomprometida. Recientemente fue aislada en Chile de leones marinos (datos no publicados de nuestro laboratorio).

DRA. MIRTHA ELENA FLOCCARI-ARGENTINA

ASOCIACIÓN ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA. INVESTIGADORA – FACULTAD DE INGENIERÍA
UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES mir@qb.fcen.uba.ar

MESA REDONDA DE COLECCIONES DE CULTIVOS DE AMÉRICA LATINA Y SUS SERVICIOS

Establecimiento y operación de una Colección.

En las últimas décadas surgieron colecciones de cultivos, como consecuencia del creciente interés en la región, por la biodiversidad y sus potenciales aplicaciones biotecnológicas. Para alcanzar el desarrollo a largo plazo de una colección, es importante tener en cuenta algunos criterios desde su establecimiento. El motivo de su creación debe ser definido, ya sea de referencia para un servicio de identificación o pruebas de muestreo, de

apoyo para un proyecto de investigación científica, para proteger el patrimonio de una industria o como resultado de la investigación de la biodiversidad. La disponibilidad de personal idóneo y equipamiento adecuados, será el principal limitante para el tamaño de la colección, el rango de microorganismos a preservar y la condiciones de seguridad biológica para el personal y intercambio con exterior. Desde sus inicios se establecerán programas de mantenimiento, de seguridad biológica y de control de la calidad, que aseguren no sólo la viabilidad y estabilidad de los cultivos preservados por largos períodos de tiempo y sin contaminaciones, sino que estén documentados correctamente, respetando las normas internacionales. Una vez establecida la Colección, desde el ingreso de un cultivo, cualquiera sea su origen, se establecerá un continuo registro desde sus características originales y los métodos aplicados de identificación, personal responsable, técnica de preservación a utilizar, programa de control de la calidad, condiciones de bioseguridad hasta su posterior distribución y condiciones de reactivación del cultivo. Una vez ingresado el cultivo se realizan cultivos para "reserva" o banco de semillas y de "distribución". Los de reserva generarán los de distribución, manteniendo el mínimo número de transferencias desde el original. El mismo no debe ser utilizado para distribución general y el acceso debe estar restringido a personal clave. Por último se recomienda un sistema de auditorías internas y/o externas, por profesionales idóneos.

DRA. SILVIA GIONO-CEREZO-MEXICO

ESCUELA NACIONAL DE CIENCIAS BIOLÓGICAS (ENCB). INSTITUTO POLITECNICO NACIONAL.
INVESTIGADOR

MESA REDONDA DE COLECCIONES DE CULTIVOS DE AMERICA LATINA Y SUS SERVICIOS

Departamento de Microbiología. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Carpio y Plan de Ayala s/no. Colonia Santo Tomás CP 11340. Delegación Miguel Hidalgo. México D.F. México. Teléfono 5255 57296300 extensión 62374 fax 57296307 E-mail: sgiono@yahoo.com

"Métodos de preservación de microorganismos".

Desde el inicio de la Microbiología y la investigación científica, las instituciones dedicadas a la microbiología y sus ramas, emplean microorganismos que garanticen trazabilidad y control de calidad de sus ensayos. La Microbiología, emplea microorganismos viables con sus características morfológicas, fisiológicas típicas y reproducibles. La conservación o preservación de microorganismos, consiste en mantenerlos viables, cultivables, íntegros durante periodos de tiempo largos, accesibles de recuperarlos, con la condición de que mantengan sus características genotípicas y fenotípicas; reproducibles, además de VIABILIDAD, PUREZA, y ESTABILIDAD. Las CEPAS DE REFERENCIA se emplean en la preparación de pruebas estándar y de Control de Calidad, son esenciales para validar un proceso son microorganismos que proceden de una colección nacional o internacional reconocida, con una clave o número asignado de antemano, que amerita saber conservarlas. CEPAS DE RESERVA: Cepas obtenidas a partir del cultivo de referencia preparada y conservada por un laboratorio.

Si es una cepa de uso industrial para la producción de un antibiótico o metabolito, éste se produce en igual proporción y calidad que cuando se aplico el método de conservación.

Los microorganismos son seres vivos, por lo tanto no es fácil mantenerlos, y se pueden dar cambios, espontáneamente o por un mal manejo de las condiciones de conservación. El personal responsable de su manejo, debe verificar que la cepa esta bien; tener los registros correspondientes y ser capaz de mantener un programa de capacitación para que el personal nuevo que manipule a los microorganismos no los contaminen y los puedan conservar. Las condiciones de biodisponibilidad, se hacen con normas internacionales de bioseguridad. Cualquier sugerencia y experiencias personales en preservación de microorganismos, serán bienvenidas. Gracias.

DR. EDUARDO ALFREDO GÓMEZ LANDIRES - ECUADOR

UNIVERSIDAD CATÓLICA DE GUAYAQUIL, FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS. PROFESOR PRINCIPAL DE MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

MEDICINA TROPICAL Y PARASITOLOGÍA

LEISHMANIASIS, DIAGNÓSTICO Y SITUACIÓN EN ECUADOR Y PERU

En esta conferencia se presenta un estudio comparativo entre la Leishmaniasis andina de Ecuador y Perú, que ha existido en estos países, desde la época precolombina y posiblemente desde mucho antes. La ecología en la zona andina de ambos países es parecida pero no igual, y en algunas zonas, es totalmente diferente. Hay una clara diferencia en la presentación clínica, ya que en Ecuador es inpetiginosa y benigna, mientras que en Perú es más agresiva e inflamatoria. Los vectores en Perú son varios, siendo los más importantes, *Lu. Peruensis*, *Lu. Herreri*, y *Lu. Ayacuchensis*, según los estudios realizados por nuestro grupo. En el Ecuador, los reservorios hasta aquí incriminados, son *R. rattus* y *Canis familiaris*, mientras que en Perú hemos encontrado la infección en un roedor silvestre que está siendo identificada actualmente. Los modelos de transmisión son muy parecidos entre los dos países, al igual que los métodos de diagnóstico y tratamiento

DRA. LUISA CAROLINA GONZÁLEZ RAMÍREZ-VENEZUELA

UNIVERSIDAD DE LOS ANDES. FAC. DE FARMACIA Y BIOANÁLISIS. PROFESORA ASOCIADA

PARASITOLOGÍA.

Parásitos de Transmisión Hídrica

El agua, elemento indispensable para la vida, puede tornarse en determinadas ocasiones en un vehículo de muerte, siendo utilizado por protozoarios, helmintos, artrópodos e incluso vertebrados parásitos para su diseminación y transmisión. El principal problema lo genera el drenaje de aguas negras en cuerpos de aguas blancas de consumo humano, también debe tenerse en cuenta la contaminación de frutas y verduras con materia fecal, que es utilizada como abono orgánico y el riego de los cultivos con aguas servidas, así como la construcción de canales de riego abiertos, prácticas de uso rutinario en la agricultura empírica. Otro factor que contribuye a la implantación de parasitosis de origen hídrico, es la falta de educación sanitaria y la no aplicación de medidas higiénicas, se ha comprobado la relación directa entre prevalencia de parásitos intestinales y consumo de agua sin tratar. El parásito intestinal que afecta con mayor frecuencia al hombre es *Blastocystis hominis*, protozoario que presenta diferentes serotipos de comprobada patogenicidad, que requiere tratamiento de los pacientes. Existen otros protozoarios oportunistas que causan serios problemas en individuos inmunocomprometidos, como es el caso de *Cryptosporidium*. Otro parásito que puede llevar a la muerte de embriones o fetos es *Toxoplasma gondii*, siendo la fuente de infección heces de gatos que contaminen agua o alimentos. Vale la pena destacar la infección de piel o sistema nervioso central por amibas de vida libre, que afectan a personas que se sumergen en lagos, aguas termales y piscinas (sin la cloración adecuada). El único caso conocido de parasitismo por vertebrados lo ocasiona el pez *Vandellia cirrosa* que se introduce por la uretra nadando a través de la orina, adhiriéndose con púas que provocan intenso dolor, además de la hematofagia que puede llevar a un cuadro anémico del paciente.

Fascioliasis

La Fascioliasis es una parasitosis compleja que ha emergido / reemergido en muchas áreas de diferentes países, relacionándolo principalmente al cambio climático, modificaciones naturales del ambiente o intervenciones hechas por el hombre, situación que requiere esfuerzos para su control. La fascioliasis es una zoonosis causada por trematodos del Género *Fasciola*, autóctonos de Europa, su introducción en América se atribuye a la colonización española, estudios moleculares prueban que en Centro y Sudamérica solo circula *F. hepatica*, mientras que *F. gigantica* está circunscrita a África y Asia, donde existen zonas que se solapan ambas especies. *F. hepatica* ha desarrollado estrategias para colonizar y adaptarse a ambientes con marcadas diferencias climáticas, condicionadas sobre todo por la altitud, así se encuentra a gran altitud en los Altiplanos de Bolivia y

Perú, mediana altitud en los Valles Andinos de Perú, Ecuador, Venezuela, Chile y Argentina o baja altitud en las islas del Caribe, siendo así, el parásito de transmisión alimentaria e hídrica de mayor dispersión altitudinal, latitudinal y longitudinal. Estudios recientes indican la alta mortalidad, hasta del 50%, que causa en niños menores de 5 años en áreas hiperendémicas humanas, como el Altiplano Norte Boliviano, es imprescindible realizar estudios que esclarezcan como el parásito y los moluscos vectores son capaces de instalarse presentando un ciclo de vida silvestre. Resulta de vital importancia caracterizar la zona, región o país desde diferentes perspectivas, referidas a características biológicas y moleculares del binomio parásito-hospedador, características generales de la zona (fisiográficas, edáficas, hidrológicas, medioambientales, de flora y fauna, higiénico-sanitarias) y particulares referidas tanto a los habitantes (hábitos, dietas, nivel socioeconómico, tradiciones, religión), como a la fauna asociada de gasterópodos susceptibles de actuar como hospedadores intermediarios y de vertebrados domésticos y silvestres susceptibles de actuar como hospedadores definitivos, todo lo cual habrá de permitir el establecimiento de las adecuadas medidas de control en cada área, región o país en cuestión.

DR. MARCEL GUTIÉRREZ CORREA- PERU

LABORATORIO DE MICOLOGÍA Y BIOTECNOLOGÍA, UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA LA MOLINA (UNALM)

PROFESOR Y DIRECTOR.ASM AMBASSADOR TO ANDEAN REGION MICROBIOLOGÍA Y BIOTECNOLOGÍA INDUSTRIAL mgclmb@lamolina.edu.pe

LA MICROBIOLOGÍA INDUSTRIAL EN EL CONTEXTO DE LA BIOECONOMÍA

El desarrollo de la economía en el siglo XX estuvo basado en el empleo del petróleo, el carbón y el gas natural para la producción de combustible, químicos, materiales y energía en general. Ahora, el mundo se encamina a un nuevo tipo de economía de base biológica. Definimos la bioeconomía como “una economía basada en la biotecnología que usa materias primas renovables, particularmente la biomasa y sus genes, para producir productos y energía al menor costo ambiental, generando trabajo e ingresos”. Este nuevo enfoque proveerá beneficios en lo: a) Económico: Costos reducidos, mejor control de las propiedades del producto, nuevos productos y oportunidades de mercado, mejor balanza comercial e independencia energética; b) Ambiental: Prevención de la polución, emisiones reducidas de gases y tóxicos, combustibles ‘Verdes’, químicos y materiales, productos reusables y reciclables; c) Social: Diversificación y crecimiento de la economía rural, y los países en desarrollo pueden acceder a la bioeconomía, se avizoran mejoras en la salud ambiental/humana y en la calidad de vida. En este sentido es una economía sostenible.

Una de las bases de la bioeconomía, es un esquema industrial denominado biorefinería, teniendo a la biomasa como materia prima y mediante el uso de biocatalizadores (células y/o enzimas) en combinación con procesos químicos y termoquímicos desarrollará productos que reemplazarán a los producidos a partir del petróleo. Así como en la “vieja” economía los hidrocarburos son la unidad básica del comercio, en la bioeconomía los genes serán la unidad de comercio. A medida que se avance en la bioeconomía y más procesos industriales estén basados en biotecnología, la demanda sobre la innovación de los mismos o de nuevos productos se incrementará. Esto derivará en una demanda de genes a partir de los cuales lograr innovaciones de los procesos biológicos implicados en la producción blanca. Dentro del esquema de biorefinerías, la Biotecnología Blanca (“White Biotechnology”, Biotecnología Industrial) se constituye en la tercera ola de la biotecnología brindando inmensas promesas para transformar una amplia variedad de procesos industriales previniendo la polución, reduciendo costos, conservando los recursos naturales y generando productos de innovación para mejorar nuestra calidad de vida.

La microbiología industrial es la base experimental de la biotecnología blanca siendo, por tanto, pieza fundamental en el nuevo contexto económico. El aislamiento de nuevos microorganismos incluye ahora la bioprospección, definida como la búsqueda dirigida de (micro)organismos con capacidades económicas útiles como la producción de nuevas drogas y enzimas. El crecimiento de la bioprospección refleja una ligazón interesante entre la biodiversidad y la biotecnología y ambas conectadas mediante la genómica a través de las tecnologías de secuenciamiento. También incluye a la metagenómica que estudia el análisis genómico de los microorganismos no cultivables. De otro lado, la genómica funcional es la encargada de conectar las secuencias génicas con sus correspondientes expresiones. La genómica funcional integrará las secuencias de ADN a los

genes y a la fisiología (y, tal vez, al comportamiento ecológico), mediante tres conjuntos informativos: el transcriptoma, proteoma y metaboloma, los cuales serán procesados con las herramientas de la bioinformática. Dos nuevas herramientas moleculares son también importantes dentro del contexto de la bioeconomía: la evolución dirigida y la ingeniería metabólica, con las cuales se mejoran las características de las enzimas y se construyen nuevas funciones productivas, generando factorías celulares y sistemas enzimáticos.

ING. DANIEL FRANCISCO HIDALGO LASSO-ECUADOR

PETROECUADOR - VICEPRESIDENCIA AMBIENTAL. RESPONSABLE PRINCIPAL DEL LABORATORIO DE CIENCIAS BIOTECNOLÓGICAS (LACIB). BIOTECNOLOGÍA
dani_hidalgo@yahoo.com

Biorremediación de suelos contaminados con hidrocarburos. Situación actual en el Ecuador

La limpieza de suelos contaminados con hidrocarburos en el Ecuador se ha venido realizando mediante procesos físicos, químicos y/o biológicos. Existen varias empresas nacionales y extranjeras que ofertan servicios de remediación, cada una de ellas aplicando su propia tecnología con el uso de equipos, químicos, o microorganismos cuyos resultados son variados.

En el presente trabajo se realiza un recorrido a través de lo que ha venido realizando PETROECUADOR a través del Laboratorio de Ciencias Biotecnológicas (LACIB) del Proyecto Eliminación de Piscinas y limpieza de derrames en el Distrito Amazónico (PEPDA). A lo largo de dos años se han tenido diversas experiencias en la biorremediación de suelos contaminados procedentes de derrames, piscinas y fosas, con el desarrollo de un sistema de tratamiento netamente biológico basado en la utilización de microorganismos nativos aislados del propio suelo contaminado. El sistema se desarrolló utilizando unidades experimentales de 50 m³ de suelo contaminado bajo cubierta, el suelo fue dispuesto en un área impermeabilizada y preparado para su tratamiento mediante la homogenización con materiales orgánicos para favorecer el flujo de aire a través del suelo. Una vez homogenizado, se procedió a modificar las relaciones de los macronutrientes principales (Carbono, Nitrógeno, Fósforo) para poder realizar la bioaumentación de microorganismos nativos degradadores de hidrocarburos mediante la adición de cultivos bacterianos conformados por un consorcio masificado en fermentador biológico. Ya que el procedimiento es netamente biológico, para favorecer la acción de los microorganismos fue necesario controlar parámetros tales como pH, temperatura, humedad y aireación. Los resultados del proceso se evaluaron mediante el monitoreo de la concentración de Hidrocarburos Totales de Petróleo (TPH). Al cabo de 16 semanas de establecido el tratamiento se logró una disminución en la concentración de TPH del suelo de 7630 mg/kg hasta 264.6 mg/kg, lo cual se encuentra bajo el límite permisible establecido en la Tabla 6 del Reglamento Sustitutivo al Reglamento Ambiental para las Operaciones Hidrocarburíferas en el Ecuador (RS-RAOH), el cual establece 2500 mg/kg. Es importante mencionar que el trabajo se realizó en suelos cuyos eventos de contaminación sucedieron hace más de 20 años, razón por la cual, los hidrocarburos eliminados corresponden a las fracciones más recalcitrantes, es decir, las más difíciles de degradar. Con el objetivo de tener una mejor apreciación de la situación actual de la biorremediación de suelos contaminados en el Ecuador, además del trabajo realizado por PETROECUADOR, se indican datos proporcionados por compañías que ofertan el servicio, cada una con sus propias técnicas, metodologías y resultados.

DR. OSCAR LEÓN - CHILE

UNIVERSIDAD DE CHILE.PROFESOR ASOCIADO.BIOLOGÍA MOLECULAR/VIROLOGÍA

oleon@med.uchile.cl

Búsqueda de inhibidores de la RNAsa H de la transcriptasa inversa de VIH-1. León, O. Farias, R., Coté, M., Valenzuela, B y Roth, M. La transcriptasa reversa (RT) del VIH-1 es un heterodímero formado por las subunidades p66 y p51 que derivan del mismo gen. La ribonucleasa H (RNasa H) es una actividad que se encuentra localizada en la porción carboxilo terminal de la subunidad p66 de la transcriptasareversa (RT) del virus y no está presente en p51. Esta actividad es fundamental en el ciclo replicativo del VIH. Hasta ahora no ha sido posible utilizar la RNasa H como blanco para labúsqueda de inhibidores debido a que, en la RT, no es posible establecer si un inhibidor está actuando a nivel de la polimerización de DNA o en el sitio de la RNasa H, pues ambos sitios son interdependientes. En este trabajo se presenta la caracterización de una RNasa H que no contiene el sitio de polimerización del DNA construida mediante la fusión de porciones de p66 y p51. Esta

construcción se expresó en *E. coli* y se caracterizó mediante estudios cinéticos para determinar su validez como modelo para realizar estudios de “screening” de bibliotecas de compuestos químicos, para seleccionar inhibidores de la actividad RNasa H.

Mecanismo de integración del virus M-MuLV. La integrasa (IN) es una proteína viral esencial para el ciclo replicativo de los retrovirus que cataliza el procesamiento e integración del DNA viral en el genoma de la célula huésped. Las INs poseen tres dominios, el dominio central, que posee la actividad catalítica, presenta una región que forma un asa flexible. En el virus de leucemia murina de Moloney (M-MuLV) esta asa corresponde a los aminoácidos 208 a 220. En este trabajo se presentan algunos estudios de modelamiento y mutagenesis sitio dirigida destinados a determinar el papel del asa flexible en la integración. Se observó que algunas mutaciones producen la inactivación de la actividad catalítica corresponden a cambios que producen una mayor rigidez del asa. Nuestros resultados sugieren que el asa flexible de la integrasa participa en la estabilización del DNA intermediario de la integración.

DRA. LAI-KING NG WINNIPEG - CANADA

PUBLIC HEALTH AGENCY OF CANADA.DIRECTOR, BACTERIOLOGY AND ENTERIC DISEASES

MOLECULAR EPIDEMIOLOGY; ANTIMICROBIAL RESISTANCE; ENTERIC PATHOGENS; GONOCOCCUS; SURVEILLANCE; MICROARRAY; RECOMINANT DNA MOLECULAR EPIDEMIOLOGY; ANTIMICROBIAL RESISTANCE; ENTERIC PATHOGENS; GONOCOCCUS; SURVEILLANCE; MICROARRAY; RECOMBINANT DNA

LABORATORY PREPAREDNESS FOR EMERGING BACTERIAL PATHOGENS

Antimicrobials are essential for treating both human and animal diseases. The emergence of antimicrobial resistance in bacterial pathogens poses a threat to the well being of both humans and animals. To ensure the efficacies of recommended therapies used for treating infections, it is important to detect and monitor the trends of antimicrobial resistance. In 1996, a program was jointly launched by the Pan American Health Organization and the National Microbiology Laboratory (NML) to collect surveillance data of antimicrobial resistance of foodborne pathogens in the Latin America and Caribbean countries. To ensure the comparability of data between countries, an external quality assurance program was provided by the NML. The information collected was shared globally and submitted to the WHO Global Salm-Surv database. Both Canada and USA also have surveillance of antimicrobial resistance programs. In Canada, surveillance data is used to evaluate the policies on antimicrobial use in animals used for food. In the NML, the mechanisms of resistance and their potential inter-species spread were also studied. Recently, the observation that both domestic and food producing animals are carrying antibiotic resistant *S. aureus* is a concern. It indicates that the control of antimicrobial resistance requires the efforts of multiple sectors. Emerging Bacterial Pathogens

Past public health interventions including the use of antimicrobial treatment have not eliminated human infectious diseases. Human and microbes have coexisted through evolution and have had dramatic influences on each other. Climate change, urbanization, globalization, increasing international trade and travel, lifestyle changes, and closer interaction with animals are some of the factors that increase the risks of exposure to emerging pathogens. These emerging pathogens pose challenges to diagnostic laboratories in providing timely results for patient care. In several recent events, the lessons learned showed that collaborations between clinical, local and national reference laboratories are important for the early detection and identification of the etiological agents. The national reference laboratory should have adequate capacity to complement the functions other jurisdictions. To be successful in mitigating the impact of emerging pathogens, it requires collaborations between laboratories, clinicians and epidemiologists. The bacteriology program at the National Microbiology Laboratory has access to level 2 and level 3 laboratories for safe handling of the most deadly bacterial pathogens. Several platforms have been implemented to assist scientists in rapidly identifying and characterizing pathogens of national public health concern. Some examples of our most recent experiences include events of potential intentional threats (e.g. *B. anthrax*), nosocomial outbreaks due to a new clone of *C. difficile*, community acquired methicillin resistant *S. aureus*, the re-emergence of lymphogranuloma venereum (LGV), the appearance and spread of a multiple antibiotic resistant genetic element between different bacterial pathogens, and enteric pathogens in fresh produce.

How Safe is Our Food?

Although many countries have “safe food” supplies, food-borne illnesses still occur due to a number of factors. Continuous vigilance and improvement of public health policies and interventions are required. Surveillance systems play a critical role in preparedness and emergency response plans that address outbreaks of disease, natural disasters or intentional events. Timely collection of surveillance data serves as an early warning system to detect abnormal events. Rapid and efficient dissemination of these warnings permit stakeholders to make timely decisions and take action to mitigate the impact on human health. Microbial hazards may be accidentally or intentionally introduced at any point along the “farm to fork” food chain, therefore multiple partners from all jurisdictional levels are responsible to contribute in reducing the risk of outbreaks of food borne disease. Sharing of information across all jurisdictions is necessary to adequately define risk, guide interventions, direct public awareness campaigns and to inform policy decisions for regulatory guidelines. Rapid and effective laboratory responses also play a role in the mitigation of public health threats posed by natural or intentional disasters. In Canada, laboratory surveillance of enteric pathogens such as Salmonella, verotoxigenic E. coli, Campylobacter, Shigella and some parasitic diseases has mitigated the impact of outbreaks, lowered the risk of food borne illnesses. Information from surveillance has been used to identify vulnerable points in the food chain and contributed to improved food safety policies and guidelines for handling food.

Antimicrobial Resistance in Foodborne Pathogens

Antimicrobials are essential for treating both human and animal diseases. The emergence of antimicrobial resistance in bacterial pathogens poses a threat to the well being of both humans and animals. To ensure the efficacies of recommended therapies used for treating infections, it is important to detect and monitor the trends of antimicrobial resistance. In 1996, a program was jointly launched by the Pan American Health Organization and the National Microbiology Laboratory (NML) to collect surveillance data of antimicrobial resistance of foodborne pathogens in the Latin America and Caribbean countries. To ensure the comparability of data between countries, an external quality assurance program was provided by the NML. The information collected was shared globally and submitted to the WHO Global Salm-Surv database. Both Canada and USA also have surveillance of antimicrobial resistance programs. In Canada, surveillance data is used to evaluate the policies on antimicrobial use in animals used for food. In the NML, the mechanisms of resistance and their potential inter-species spread were also studied. Recently, the observation that both domestic and food producing animals are carrying antibiotic resistant S. aureus is a concern. It indicates that the control of antimicrobial resistance requires the efforts of multiple sectors.

DR. MARCELO LÓPEZ-LASTRA- CHILE

PONTÍFICA UNIVERSIDAD CATÓLICA DE CHILE. PROFESOR ASISTENTE. VIROLOGÍA MOLECULAR

REGULACIÓN DE LA TRADUCCIÓN DE LOS VIRUS VIH Y HCV

The Elav-like protein, HuR, is a modulator of HIV-1 and HCV IRES-mediated translation initiation.

The human embryonic lethal abnormal vision (ELAV)-like protein, HuR, has been extensively characterized as a factor that enhances mRNA stability through binding to consensus AU-rich elements (ARE) in 3'-UTR sequences. HuR has also been found to regulate mRNA nuclear export and recent reports have shown that HuR has the capacity to negatively or positively influence translational efficiency. For example, HuR inhibits translation of several cellular mRNAs such as the CDK inhibitor p27 and the type I insulin-like growth factor receptor (IGF-IR) mRNAs, yet positively influences translation of those encoding p53, hypoxia-inducible factor (HIF)-1 α and COX-2. In this study we present both in vitro and ex vivo data showing that HuR participates in the IRES-mediated translational control of HIV-1 and HCV. We showed that while HuR represses the translation of HIV-1 IRES it acts as a translational activator for HCV IRES. Assays were conducted using dual luciferase bicistronic vectors harboring the HIV-1 or HCV IRES in the intercistronic region. The effect of HuR in HIV-1 and HCV IRES-driven translation was evaluated in micrococcal nuclease-treated RRL. Similar results were obtained ex vivo in transfection studies using bicistronic and HuR DNA constructs. A functional relationship between endogenous HuR and both viral IRES elements was confirmed by knockdown experiments. Transfection of HuR siRNA in HeLa cells resulted in a dramatic decrease in endogenous HuR

levels, accompanied by a significant increase in HIV-1 IRES activity and an important decrease of HCV IRES activity. Finally, bicistronic RNAs were microinjected into *Xenopus* oocytes demonstrating that both viral IRESs were functional in this translation system. Over expression of HuR in *Xenopus* oocytes inhibited HIV-1 IRES yet stimulated HCV IRES activity. These last observations suggest that HuR mediated regulation of both HIV-1 and HCV IRESes does not require the nuclear translocation of the IRES-containing RNAs. Together, our observations not only identify HuR as a molecular modulator of both HIV-1 and HCV IRES elements but yield novel insights into the role of this cellular protein in the post-transcriptional regulation of viral gene expression.

NEW INSIGHTS INTO Hepatitis C Virus Internal Ribosome Entry Site, Characterization of a putative therapeutical target.

The HCV IRES spans a region of approximately 340 nt that encompasses most of the 5' untranslated region (UTR) of the viral mRNA and the first 24-40 nt of the core coding region. In this study we identify naturally occurring mutations within the HCV IRES and evaluate their effect on translation initiation when in the context of RLuc/FLuc bicistronic RNAs. The 1b IRES recovered from the HCV replicon pFK-I377neo/NS3-3'/wt (AJ242654) was considered the wild type (wt) IRES. HCV IRESes were isolated from viruses circulating in plasma samples or present in PBMCs of chronically infected individuals and cloned into the RLuc/FLuc reporter vector. All isolated IRESs were sequenced and their ability to initiate translation of the downstream FLuc reporter was assessed. Sequence analysis revealed that different isolates displayed diverse sets of mutations. Each identified mutation was introduced independently, or in combination, in the sequence of the wt 1b IRES and their effect on IRES activity were assessed. Results show that depending on their location within the RNA structure, mutations cause a range of effects on IRES activity. However, we find that mutations within the IRES IIIId domain inhibit HCV IRES activity. In an attempt to explain these observations the dynamic behavior of the mutant IRESs was analyzed by means of molecular dynamic simulations and compared to the dynamic behavior of the reference wt-IRES. Strikingly, and despite of the loss of function the *in silico* analysis predicted that one of the isolated IIIId mutant (MutD) exhibits structural conservation with respect to the wt-IRES. Validation of this prediction was obtained by experimentally analyzing the secondary structure of isolated HCV IIIId RNAs by circular dichroism (CD) spectroscopy. CD was also used to study structural changes of subdomain IIIId that occur upon thermal melting followed by renaturation in the presence or absence of Mg²⁺ ions. Assays revealed that, in isolation, structuring of subdomain IIIId is dependent on ion concentration. Interestingly, the renaturation pattern of MutD resembled that of the wt-IIIId at all tested Mg²⁺ concentrations. Together results confirm the stringent structure/function relationship exhibited by the HCV IRES, but also suggest that the primary sequence of subdomain IIIId plays a role, and is required, for IRES-mediated translation initiation. Furthermore, HCV IRES subdomain IIIId emerges as a putative target for the development on novel antiviral therapies. novel approach to the problem African Pouch Rats have been used to 'smell' tuberculosis in sputum. Breath tests are also being developed, either to detect volatile compounds or the presence of antigen. During this overview the new technologies will be described and compared and contrasted with traditional microbiological and molecular tests.

DRA. ROSA MARÍA AHIDÉ LÓPEZ MERINO-MEXICO

ESCUELA NACIONAL DE CIENCIAS BIOLÓGICAS, INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

PROFESOR INVESTIGADOR ahide99@hotmail.com MICROBIOLOGÍA DE BRUCELLA, BACTERIOFAGOS DE BRUCELLA Y BRUCELLOSIS HUMANA. MESA REDONDA AGUAS

UTILIZACIÓN DE BACTERIOFAGOS EN EL CONTROL DE LA CALIDAD DEL AGUA.

La calidad del agua es una preocupación de salud pública en el mundo entero. En países en desarrollo existe un inadecuado acceso a fuentes de agua limpia y agua para beber confiable. El uso de agua impura, sin tratamientos de ningún tipo, causa alrededor de 1.7 millones de muertes anuales en el mundo. La mayoría, producida por diarreas infecciosas en niños de países en desarrollo debido a que las aguas que emplean para beber, bañarse o para lavar trastos están contaminadas con heces que además les pueden causar dermatitis e infecciones respiratorias. Más aún, en países en desarrollo se reportan brotes de enfermedades relacionadas con el agua, a pesar de las regulaciones existentes para las aguas de desecho y para controlar la calidad del agua de beber y de los monitoreos que realizan para el control del agua en su conjunto.

Los microorganismos indicadores de contaminación fecal son los coliformes, *Escherichia coli* y enterococos, en algunos países se busca *Clostridium perfringens*, todos ellos se emplean para medir la eficacia de los

tratamientos realizados al agua de beber, aguas de desecho y para determinar la calidad sanitaria de aguas para uso recreativo y para cultivo de mariscos. Las bacterias son indicadores empleados de rutina, sin embargo, una gran cantidad patógenos del agua son virus entéricos, de los que existen más de 140 identificados y para los cuales, las bacterias indicadoras son poco confiables en ciertas circunstancias, ya que ambos virus y bacteriófagos son muy resistentes a los procesos de tratamiento de las aguas, para uso humano y de desecho; además que tanto virus como bacteriófagos son muy persistentes en agua dulce y marina.

Enterovirus empleados como indicadores de contaminación fecal, son los virus más comunes que infectan una amplia variedad de mamíferos están asociados con infecciones humanas y de animales. Todos infectan el tracto intestinal causando con frecuencia infecciones asintomáticas o leves. Las partículas virales contenidas en las heces son muy estables bajo una amplia gama de condiciones ambientales (pH, temperatura y salinidad). Por lo que pueden permanecer infectivos por largos periodos en el suelo, especímenes biológicos y medios acuáticos, numerosos reportes describen agua contaminada con enterovirus humanos, especialmente en sitios cercanos a áreas urbanas y relacionados con brotes de infecciones humanas. Por lo anterior, se ha planteado la necesidad de contar con indicadores virales seguros, fáciles de usar y rápidos, así como métodos efectivos para descubrirlos y caracterizarlos.

Los métodos para detectar las bacterias indicadoras usados con el fin de monitorear la calidad del agua ambiental requieren de 18 a 96 horas para obtener los resultados, lo que retrasa varios días las decisiones y la implantación de medidas de seguridad para controlar el evento. La contaminación fecal de las aguas son eventos intermitentes y a menudo las cuentas bacterianas se reducen en pocas horas a valores por debajo del umbral de detección. Las bacterias indicadoras que se determinan no permiten conocer el origen de las excretas, humanas o de animales, información valiosa y necesaria para delinear y controlar la fuente de contaminación, además de carecer de información acerca de los virus entericos. En algunos países (USA) se ha calculado que cerca del 75% de determinaciones que excedían el límite de bacterias indicadoras fueron causados por fuentes desconocidas de contaminación fecal que no se pudo identificar ni controlar.

Los colifagos son una alternativa, entre otras a las bacterias indicadoras, son indicadores útiles para los usuarios del agua y consumidores de mariscos; en algunos estudios la presencia de colifagos se ha correlacionado con la presencia de virus humanos patógenos en agua o mariscos con riesgo potencial de producir enfermedades virales.

La detección de bacteriófagos tiene como ventaja que solo revela bacterias vivas, con lo que se reduce el número de falsos positivos que se obtienen al emplear métodos como PCR. Aunque, el establecimiento de métodos basados en la detección de fagos para monitorear el ambiente, requiere de la identificación y caracterización previa de los fagos específicos de la bacteria que se va a identificar antes de emprender cualquier determinación que lleve a resultados erróneos.

Finalmente, la detección de fagos es un método más simple, barato y de fácil realización en prácticamente cualquier laboratorio microbiológico con pocos recursos en equipo que se puede realizar por personal con una capacitación adecuada y sin el empleo de reactivos costosos.

Dr. Mario F. Martínez Mora- Asunción -Paraguay

E-mail: mmartinez@sce.cnc.una.py

Rol del laboratorio de Microbiología en la epidemia de Fiebre Amarilla en Paraguay.

La fiebre amarilla (FA), enfermedad infecciosa vírica aguda de corta duración, es una zoonosis propia de algunas regiones tropicales de las Américas y África, que a través del tiempo ha causado numerosas epidemias con elevadas tasas de mortalidad.

En Paraguay, los últimos casos de FA selvática ocurrieron en el año 1974, y la transmisión de la FA urbana no ha sido documentada desde el año 1904.

Luego de más de 3 décadas, en enero del año 2008, un hospital de Asunción notificó un caso sospechoso de FA: un paciente procedente de una localidad distante a unos 200 kilómetros de Asunción, obteniéndose en el Laboratorio Central de Salud Pública (LCSP) un resultado positivo de IgM para FA en el suero de este paciente.

A partir de esa fecha y hasta abril del año 2008, ingresaron al LCSP más de 600 muestras de pacientes con sospecha de FA, 27 de ellos fueron confirmados por diferentes técnicas: ELISA (IgM de captura), RT-PCR, aislamiento viral y pruebas de neutralización. Resultaron fatales 10 de los casos confirmados. El último caso confirmado se registró el 4 de marzo de 2008. Además, estas muestras fueron analizadas para otras enfermedades icterohemorrágicas (hepatitis virales, dengue, leptospirosis), encontrándose en 61 de ellas reacción positiva para hepatitis virales (81 % correspondieron al VHA) y una muestra con reacción positiva para leptospirosis. Por otro lado, el LCSP, ante el brote de FA, no solo se limitó a una vigilancia pasiva, ya que conformó con otras dependencias del Ministerio de Salud, grupos de “respuesta rápida” que ante la notificación de un caso sospechoso se dirigían a la zona para estudios de campo y búsqueda activa de febriles sospechosos. Los casos confirmados de FA ingresaron en su mayoría (69 %) por investigación y captación de casos realizados por estos grupos.

Durante la epidemia, el laboratorio de microbiología del LCSP tuvo un papel fundamental desde el inicio de la misma, tanto en la detección y confirmación de los primeros casos de FA en Paraguay como en la de otras patologías con manifestaciones icterohemorrágicas, que favorecieron la respuesta rápida y apropiada del Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social para controlar el brote, evitando su extensión en la región.

DRA. MARIA MERCEDES MARTÍNEZ SALGADO-COLOMBIA

PONTÍFICA UNIVERSIDAD JAVERIANA. DIRECTOR LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA AMBIENTAL Y DE SUELOS

MICROBIOLOGÍA DE SUELOS Y AMBIENTAL mmmartin@javeriana.edu.co

Importancia de la calidad microbiológica de abonos

Los abonos se definen como productos obtenidos de la transformación de residuos orgánicos de diferente procedencia, sea estos animales, vegetales o mixtos, cuya finalidad es aportar nutrientes, materia orgánica y microorganismos al suelo. Los abonos orgánicos se pueden clasificar en estiércol, gallinaza, vermicompost, compost, bocachi, purines (Simpson et al., 1991) y se emplean como aporte de materia orgánica a suelos, en especial para producción orgánica. Los abonos se pueden obtener de diferentes formas y de echo existen tecnologías muy desarrolladas para producción industrial de abonos siguiendo como parámetros de calidad las características físicas y químicas, desde tamaño de partícula, distribución, densidad aparente, humedad, %materia seca, y desde el punto de vista químico, contenido de N, P, K solubles, otros macro y microelementos, CIC, % Materia Orgánica, entre otros. Su uso está ampliamente difundido entre los agricultores y se considera en muchos lugares una práctica rutinaria en especial a la hora de la preparación del terreno. Tiene efectos directos en suelo tanto a nivel físico como en la formación y estabilización de agregados, en control de plagas y enfermedades, en la transformación de nutrientes y por su puesto en la estimulación de actividad vegetal. Sin embargo, pese a ser productos orgánicos, y a que su calidad tradicionalmente se ha medido en términos composición química asociada a N,P,K, y tamaño de partícula buscando efectos en aireación y retención de humedad, es muy importante conocer la calidad biológica de los mismos. Dicha calidad biológica puede ser medida en términos de organismos benéficos o patógenos, humanos y vegetales, asociados a la mesofauna o a la microflora, de manera que también se cuente criterios de aplicación y efectos positivos o negativos a partir de las características biológicas. Particularmente, la presencia de patógenos humanos en diferentes alimentos y su posible causal de brotes dentro de la comunidad, asociados al tipo y procedencia de la materia orgánica aplicada o al agua de riego, son una preocupación que se hizo mas sensible a partir de los brotes de gastroenteritis producto de consumo de vegetales frescos. Microorganismos como E. coli o Salmonella sp. pueden ser transmitidos por la utilización de insumos agrícolas de mala calidad.

Uso de Microorganismos en la Producción de Biofertilizantes

Se define como bioinoculante un producto biológico compuesto por bacterias o metabolitos capaces de establecerse en rizósfera transformando nutrientes, como nitrógeno, fósforo, potasio, o produciendo sustancias biológicas activas. Estos microorganismos tienen la capacidad para fijar nitrógeno, solubilizar fósforo y producir sustancias activas con el objetivo de aumentar los nutrientes del suelo y facilitando su movilidad por las plantas

(Tovar et al., 1999). Autores como Vassilev et al., (2001) toman la figura de un inoculante biológico como una preparación de microorganismos que puede sustituir parcial o totalmente la fertilización química. Estos inoculantes microbianos contienen uno o más microorganismos benéficos que se pueden encontrar libres en un caldo de cultivo, en polvo o granulado e inmovilizados en soportes. Otras definiciones describen a los bioinoculantes como vehiculizantes de inóculos, que contiene las células eficientes de microorganismos específicos principalmente bacterias, usados por los agricultores para la fijación del nitrógeno atmosférico o solubilización del fósforo del suelo para estimular el crecimiento vegetal, por la síntesis de sustancias promotoras de éste (Dhaneswar 1999, citado por Barragán et al., 2003)..

DRA. RUTH MCNERNEY- INGLATERRA

LONDON SCHOOL OF HYGIENE & TROPICAL MEDICINE. SENIOR LECTURER. TUBERCULOSIS

Ruth.Mcnerney@lshtm.ac.uk

New technologies for diagnosing tuberculosis.

There are currently more people in the world with tuberculosis than at any other time in history. Mortality remains tragically high with nearly 2 million deaths each year. In the absence of an effective vaccine control of this disease depends on prompt detection and treatment of infectious cases. Unfortunately current global strategies for its control are failing, particularly in sub-Saharan Africa where in some settings TB is now the most frequently reported cause of adult death. Traditional methods of diagnosis such as smear microscopy and chest radiography are proving insufficient and new diagnostic technologies are urgently needed to improve access to treatment. A global initiative was recently launched to improve laboratory facilities and expand capacity to undertake rapid culture and nucleic acid amplification tests. However, these technologies require the transfer of patients or specimens to specialist diagnostic facilities which often results in delay and patient dropout. Attention is now turning to the development of rapid 'Point-of-Care' tests that can be used close to the patient to provide a diagnostic result on the spot. Simplification of molecular technologies may enable them to be used in local health clinics. Efforts are also being made to develop tests that could be used outside of the laboratory. Dipsticks to detect circulating biomarkers and antigens are being investigated. Rapid tests may also come from detecting volatile organic compounds (VOC) in the headspace of specimens.

DRA. MARIA ANGELES MOSSO ROMEO-ESPAÑA

UNIVERSIDAD COMPLUTENSE MADRID – ESPAÑA. PROFESOR TITULAR DE UNIVERSIDAD

CALIDAD SANITARIA EN EL AGUA Y LAS NORMATIVAS EN LATINOAMÉRICA

Universidad Complutense de Madrid. España a.mossoromeo@farm.ucm.es

El control microbiológico del agua de bebida, se inició a finales del siglo XIX para asegurar que no tuviera microorganismos patógenos y así proteger la salud de las personas. En esa época tres enfermedades bacterianas causaban graves epidemias a través del agua: el cólera, las fiebres tifoideas y la disentería. Desde entonces, la vigilancia de la calidad de las aguas destinadas al consumo humano ha sido una constante preocupación de las autoridades sanitarias de todo el mundo. Actualmente, se conocen numerosos tipos de microorganismos patógenos (bacterias, virus y protozoos) que pueden transmitirse por el agua y producir enfermedades (WHO, 2006), por lo que ha sido necesario elaborar Normas y Reglamentaciones, sobre la calidad del agua de abastecimiento público, en los diferentes países. Existe el criterio unánime de que un agua apta para el consumo humano debe tener ausencia de microorganismos patógenos e indicadores de contaminación fecal (WHO, 2006), por lo que en los aspectos esenciales las normas son bastante semejantes, sin embargo, presentan algunas diferencias en relación con los métodos de análisis, los microorganismos indicadores investigados y los límites de bacterias aerobias heterótrofas permitidos.

Los métodos de investigación de los microorganismos patógenos que se transmiten a través del agua son complejos y laboriosos por lo que no es factible analizar cada uno de ellos. Por ésta razón, desde finales del siglo XIX se han desarrollado métodos sencillos para detectar los microorganismos indicadores de la calidad sanitaria, como el número de bacterias aerobias heterótrofas y los indicadores de contaminación fecal, en vez de los patógenos. En esa época se definieron las características que debía tener un indicador fecal y se investigaron,

por primera vez, las bacterias coliformes totales y específicamente, *Escherichia coli*. Sin embargo, la búsqueda de un único indicador fecal no fue suficiente para garantizar la ausencia de microorganismos patógenos por lo que se añadieron otros indicadores como estreptococos fecales y esporas de bacterias anaerobias sulfitorreductoras (WHO, 2003). Estos métodos de control de la calidad microbiológica del agua fueron rápidamente adoptados por las autoridades sanitarias de los diversos países europeos y americanos y son los que se vienen utilizando a lo largo de más de cien años. Tanto las Normativas Europeas como las de Latinoamérica tienen especificaciones diferentes en relación al agua de consumo y al agua de bebida envasada. Actualmente, en la mayoría de los países de Latinoamérica se investigan como microorganismos indicadores de contaminación fecal del agua de consumo, los coliformes totales, coliformes fecales o termorresistentes y *Escherichia coli*. La Unión Europea y sus Estados miembros han modificado, en los últimos años, la Normativa relativa a la calidad sanitaria de las aguas destinadas al consumo humano, estableciendo como bacterias indicadoras de contaminación fecal, más específicas, a *Escherichia coli*, enterococos y *Clostridium perfringens*, exigiendo ausencia en 100 ml de agua (UE, 1998). Otros parámetros estudiados, como los coliformes totales y el recuento de bacterias aerobias heterótrofas a 22° C y/o 37° C indican la eficacia del tratamiento de depuración o el crecimiento de biofilms en la red de distribución y depósitos, lo que propicia el desarrollo de microorganismos patógenos oportunistas, principalmente, *Pseudomonas aeruginosa* y *Aeromonas hydrophila* (Batté et al., 2006; September et al., 2007). No hay un acuerdo unánime en el valor límite del número de bacterias aerobias heterótrofas que representa un riesgo para la salud, estando entre 100 y 500 ufc/ml. Todavía muchos países siguen utilizando la cifra de menos de 100 ufc/ml, propuesta por Roberto Koch en 1883 para el agua tratada (Bartram, et al. 2003). En algunas legislaciones se ha incluido la detección de cianobacterias o sus toxinas como indicadoras de la eutrofización del agua en origen, antes del tratamiento y por su toxicidad (UE, 1998). Sin embargo, la investigación de estos microorganismos indicadores no garantiza, totalmente, la ausencia de algunas bacterias patógenas, virus entéricos y parásitos, ya que se han producido brotes hídricos por estos patógenos, debido al consumo de aguas de abastecimiento público que cumplían los parámetros microbiológicos. Por esta causa, la nueva Normativa Europea ha incluido, por primera vez, la detección específica del parásito *Cryptosporidium* (Barrell et al., 2000). Para el control de los virus se ha propuesto la búsqueda de bacteriófagos de *Escherichia coli*, por ser un método sencillo, rápido y barato que podría utilizarse en todos los países, pero todavía no se ha incluido en las Normativas (Payment et al., 1993). Para mejorar el control sistemático de la calidad sanitaria del agua, en las últimas décadas, se han desarrollado nuevos métodos (enzimáticos, inmunológicos, citometría de flujo) y tecnologías de biología molecular para su aplicación en el análisis de Estas investigaciones tienen por objeto incrementar la sensibilidad, especificidad y disminuir el tiempo de detección

DRA. JUANA OTELLADO DE CANESE- PARAGUAY

juaniorte@yahoo.com.mx Prof. de Microbiología UNA

Enterococos Vancomicina Resistente en Hospitales de Paraguay.

Los microorganismos pertenecientes al género *Enterococcus* constituyen en la actualidad una causa importante de infecciones nosocomiales. Entre los factores de riesgo que favorecen su colonización o infección están la antibioterapia previa, duración de la hospitalización, y enfermedad grave subyacente. Los Enterococos son anaerobios facultativos capaces de crecer bajo condiciones extremas, tales como NaCl al 6,5%, ph de 9,6 y un rango de temperatura entre 10°C y 45°C. Ellos hidrolizan esculina y L-pirrolinonil-B-naftil-amida (PYR). En el esquema de clasificación de Lancefield estaban incluidos entre los estreptococos del grupo D, pero desde 1980 fueron clasificados dentro de su propio género, que incluye al menos 12 especies, esquema de clasificación que está siendo constantemente verificado. Los Enterococos se encuentran en una notable variedad de ambientes por su habilidad de crecer y de sobrevivir bajo duras condiciones. Los aislamientos más frecuentes de Enterococos de las heces de seres humanos son *E.faecalis* aunque *E. faecium* también es hallada en forma habitual.

El género *Enterococcus* presenta resistencia intrínseca ya conocidas a diversos antimicrobianos como aminoglucósidos, clindamicina y varios agentes B-lactámicos, sin

embargo se ha comprobado un importante cambio en los patrones de susceptibilidad y están empezando a detectarse resistencias a antibióticos que hasta ahora eran considerados eficaces, como los glucopéptidos, ampicilina y quinolonas.

En 1988 se empezó a comunicar la aparición de aislamientos clínicos de Enterococos resistentes a vancomicina, tratándose en general de casos aislados. Posteriormente, a partir de 1992, aparecieron diversas publicaciones en las que se comunicaban brotes nosocomiales por Enterococos resistentes a vancomicina. La resistencia a vancomicina entre los Enterococos nosocomiales se ha incrementado rápidamente.

Se han descubierto varios fenotipos resistentes a la vancomicina: las cepas que exhiben el fenotipo VanA muestran alto nivel de resistencia a la vancomicina y teicoplanina, y las cepas VanB exhiben un nivel moderado a alto de resistencia a la vancomicina pero mantienen sensibles a teicoplanina. Los genes de estos dos fenotipos resistentes han sido clonados y clasificados y se ha demostrado que son transferibles.

En el Hospital de Clínicas de Asunción, *Enterococcus sp* es el cuarto agente causal de bacteremias, tanto en pacientes internados en los diferentes servicios, como en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI).

E. faecium resistente a vancomicina, aminoglucósidos y algunas penicilinas se ha convertido en estos últimos años en el agente causal de un importante número de infecciones del tracto urinario, bacteriemias y peritonitis.

Estas nuevas resistencias han limitado de una forma alarmante las opciones de que disponemos en la actualidad para el tratamiento de las infecciones por Enterococos.

Deberían establecerse criterios claros para marcar el fin del aislamiento del paciente. La vigilancia que puede ser activa o pasiva desde el Laboratorio es primordial. La activa implica un esfuerzo regular y sistemático para estar en contacto permanente con las fuentes de comunicación o revisar los registros dentro de una Institución a fin de verificar la información sobre la aparición de enfermedades o infecciones recientemente diagnosticadas. La vigilancia pasiva se basa en el médico o el laboratorio individual para iniciar el informe.

DRA. CLAUDIA PARDI-BRASIL

MILLIPORE IND.E COM LTDA.BIOLOGIST.MASTER IN SCIENCIES – BIOLOGY OF RELATION HOST/DISEASE

LIGHT DIAGNOSTICS

Specifically designed to be easy to use, reliable, and accurate, Light Diagnostics products are both complete, ready-to-use immunofluorescence kits as well as individual component reagents. All Light Diagnostics products are produced to the highest standard to ensure reproducibility and are approved for IVD or ASR use with only limited exceptions.

Millipore Light Diagnostics tools cover three vitally important areas of human disease: Human Respiratory Viruses, including novel Human Metapneumovirus (hMPV) detection reagents, Human Herpesviruses, and Human Enteroviruses.

The Light Diagnostics line also includes an extensive collection of rabies monoclonal antibodies blended in combinations that allow users to quickly and easily distinguish isolates among a broad range of rabies variants.

Light Diagnostics technology development focuses on ease of use and cost-effective sample analysis through both select antibody blends that allow multiple disease variant detection in a single reaction and the enormously popular SimulFluor® platform for multiplex fluorescence detection. SimulFluor reagents for Respiratory Viruses are the original dual fluorochrome assays and the gold standard for the detection of two or more respiratory viruses on one cell spot.

DRA. ESTHER LILIA PERALTA GARCÍA- ECUADOR

CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOTECNOLÓGICAS DEL ECUADOR (CIBE) – ESPOL.DIRECTORA GENERAL

Enfermedades emergentes de interés agrícola. Causas y perspectivas.

Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE-ESPOL); Prosperina Km 30.5, Vía Perimetral, Guayaquil; estherlilia@gmail.com

La temática de las enfermedades que afectan a las plantas, - íntimamente relacionada con la seguridad alimentaria y el estado de los ecosistemas-, presenta gran complejidad por la diversidad de patógenos, hospederos y vectores existentes, la variedad de sus interacciones y las numerosas causas que los afectan. La aparición de nuevas patologías, la emergencia o re-emergencia de enfermedades conocidas y la importancia de plagas transfronterizas, -entendidas como plagas cuarentenarias de interés económico potencial y plagas migratorias-, aunque no es un fenómeno nuevo, ha venido incrementándose durante las últimas décadas. El aumento de las recombinaciones genéticas y la adaptación a nuevos hospedantes, condiciones ambientales y pesticidas químicos mediante mecanismos de mutación y selección, favorecen el incremento de la variación microbiana y la aparición de cepas con alteraciones en sus mecanismos de agresividad, virulencia, capacidad de diseminación y resistencia, directamente relacionados con efectos más severos sobre las especies vegetales, como ocurre en muchas de las enfermedades emergentes o re-emergentes del banano, la caña de azúcar, el trigo y la papa que serán discutidos. Otros factores relacionados con el incremento de estas enfermedades son el aumento del comercio y el tránsito internacional, las prácticas agrícolas, la contaminación agroquímica, las fallas en los sistemas de cuarentena internos y externos, los cambios tecnológicos relacionados con la detección y diagnóstico y el bioterrorismo, -tanto por la introducción intencional como por la modificación artificial de patógenos-. El cambio climático, -ocasionado mayormente por la actividad del hombre-, juega también un papel determinante, sobre todo si se tiene en cuenta que los elementos que más influyen sobre el desarrollo y la diseminación de enfermedades de las plantas son la temperatura, la variabilidad en la intensidad y la distribución de las precipitaciones, la concentración de CO₂ en la atmósfera y los fenómenos meteorológicos extremos, tales como huracanes y tormentas. El cambio climático se encuentra relacionado además con la generación de nuevos nichos ecológicos y las variaciones en la composición e interacción entre las especies, así como en sus vectores y formas de transmisión, creando condiciones favorables para que continúe incrementándose la frecuencia de emergencia y re-emergencia de enfermedades, así como la de nuevas patologías. Los problemas relacionados con el incremento de las enfermedades emergentes y re-emergentes en la agricultura constituyen un desafío para nuestros países y en particular para la comunidad científica. Una estrategia integrada que incluya investigaciones y actividades encaminadas a mejorar el conocimiento de los patógenos y sus mecanismos de patogénesis y adaptación; disponer de nuevas variedades, herramientas de diagnóstico, formas de prevención y sistemas perfeccionados de manejo sostenible, así como de programas de cuarentena, monitoreo y vigilancia epidemiológica más eficaces, unido a la capacitación del sector agrícola, la sensibilización de autoridades y pobladores, y la cooperación regional, puede reducir el impacto de la emergencia y re-emergencia de enfermedades de interés agrícola, como lo demuestra la experiencia de algunos de nuestros países.

DR. TODD PETERSON- USA

AMERICAN SOCIETY FOR MICROBIOLOGY (ASM). MANAGER, INTERNATIONAL AFFAIRS
INTERNATIONAL PROGRAMS TRAT FOSTER MICROBIOLOGY

SOCIEDAD AMERICASNA DE MICROBIOLOGÍA: MÁS DE UN SIGLO DESARROLLANDO LA MICROBIOLOGÍA

Sociedad Americana de Microbiología: más de un siglo desarrollando la microbiología.

E-mail: tpeterson@asmusa.org

La Sociedad Americana de Microbiología (ASM) es la organización más grande y más antigua del mundo entre las sociedades dedicadas a una disciplina única de las ciencias de la naturaleza. La misión de la ASM es desarrollar las ciencias microbiológicas como vehículo para los procesos de la vida que sustentan y aplicar y comunicar este conocimiento para la mejora de la salud y del bienestar ambiental y económico por todo el mundo. ASM se formó en 1899 con una reunión cuya meta fue muy similar a la Congreso Latinoamericano de Microbiología. 59 científicos de todo Estados Unidos se reunieron para compartir los resultados de las investigaciones e ideas sobre la microbiología con el fin de fomentar el desarrollo de esta ciencia. Hoy en día, casi un tercio de los 43,000 miembros de la ASM viven fuera de los Estados Unidos. Más de un millar de ellos residen actualmente en América Latina. En la medida en que la membresía internacional de la ASM crece, de la misma manera aumenta el compromiso de la ASM de proveer servicios y programas especialmente diseñados para las necesidades de los microbiólogos internacionales. Algunos de los principales programas para los microbiólogos de América Latina son: las becas que permiten el intercambio de conocimientos científicos entre países; el Programa Internacional de Mentores que asiste a los microbiólogos al inicio de su carrera a identificar un mentor para ayudarles a desarrollar su carrera profesional; y el Programa de Embajadores Internacionales que proporciona a cada región del mundo con un contacto local para expresar sus intereses a la sociedad. Además de estos programas, la ASM invita a todos a aprovechar los otros programas como MicrobeLibrary, revistas y publicaciones, reuniones y conferencias y los importantes recursos disponibles en la Internet. Ustedes están todos invitados a ser miembros de la sociedad y a ayudar a la ASM en su meta de desarrollar la ciencia de la microbiología en todo el mundo.

DR. JAN STANISLAW POTEMPA-POLONIA

JAGIELLONIAN UNIVERSITY, KRAKOW, POLAND.PROFESSOR AND HEAD OF DEPARTMENT

The Role of Microbial Proteases in the Pathogenicity of Periodontal (Gum) Diseases

Periodontal disease is a result of microbiota shift in which mostly gram-positive commensal bacteria are replaced with anaerobic, gram negative microorganisms. Although more than 700 species were identified in the dental plaque, disease initiation and progression is correlated with the presence of so called “red complex” bacteria, including Porphyromonas gingivalis, Treponema denticola and Bacteroides forythus. The common feature of these species is production of proteolytic enzymes with trypsin-like activity. The presence of this activity in clinical samples has diagnostic value. In this paper I characterize individual proteases of periodontopathogens and discuss they role in disease development.

Proteolytic System of Staphylococcus aureus

S. aureus is one of the most prevalent human pathogen responsible for increasing incidence of both hospital- and community-acquired infections. Proteolytic enzymes of S. aureus are attractive yet poorly investigated virulence factors and their activity is controlled in multilevel manner. The important part of this control is exerted by staphostatins which constitute a novel family of cysteine protease inhibitors with the lipocalin-like

fold and a unique mechanism of target protease inhibition. They have been identified in representatives of *Staphylococcus* spp. where they protect the cytoplasmic contents against prematurely activated secretory cysteine proteases. The other unique feature of staphostatins is their extremely narrow specificity with their action being limited to the protease co-transcribed from the same operon. To date three staphostatins, two from *S. aureus* and one from *S. epidermidis* have been characterized. Despite their detailed biochemical and structural characterization, the mechanism of staphostatins' stringent specificity remains to be elucidated. To cast more light on the staphostatins-protease (staphopain) interaction, we have cloned and expressed staphostatins and staphopain homologues from *Staphylococcus warneri*. The reciprocal interaction of these proteins, referred to as WspC (inhibitor) and WspB (protease), as well as other members of the staphopain (*SspB*, *ScpA*, *EcpA*) and the staphostatins (*SspC*, *ScpB*, *EcpB*) families are being investigated using several different techniques. The accumulating data may help to understand the mechanics of the unique specificity of staphostatins.

DR. FREDDY PROAÑO-ECUADOR

CENTRO INTERNACIONAL DE ZONOSIS. INVESTIGADOR. TUBERCULOSIS BOVINA

EPIDEMIOLOGÍA DE LA TUBERCULOSIS BOVINA EN EL ECUADOR

La Tuberculosis bovina (TBB) es una importante zoonosis, causada por *Mycobacterium bovis* que afecta al bovino, el hombre, así como los animales domésticos y silvestres pueden estar afectados ocasionalmente (Acha y Szyfres, 2001). Se estima que entre el 2 y el 3 % de las infecciones de tuberculosis en el hombre son causadas por este origen (Kantor, 1999). *Mycobacterium bovis* afecta principalmente al ganado bovino, junto con *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium microti* y *Mycobacterium canettii* son miembros del complejo *Mycobacterium tuberculosis*, un grupo de microorganismos con la capacidad de causar la enfermedad en humanos (Van Soolingen et al., 1997; Krauss et al., 2003). Los bovinos son resistentes a *M. avium* y aun más *M. tuberculosis* (Gil y Samartino, 2001). La TBB se encuentra ampliamente difundida en todo el mundo, en varios países esta en miras a ser totalmente erradicada, aún de aquellos casos esporádicos que aparecen en el ganado, como sucede en el Reino Unido e Irlanda, donde la presencia de reservorios en animales salvajes parece ser la principal causa (Phillips, et al 2003). En países en desarrollo en África, Asia, América Latina y el Caribe, donde el incremento de la producción de la industria lechera ha sido una prioridad, la intensificación de la producción láctea ha favorecido la transmisión de la enfermedad y, las medidas de control de esta enfermedad ha menudo se encuentran ausentes. En Ecuador, no existe un programa nacional que permita estimar la prevalencia nacional en animales y las pérdidas económicas en el país debido a esta enfermedad. Por lo tanto, la real prevalencia de TBB es desconocida, la poca información disponible se basa en estudios aislados basados en la aplicación de la prueba de tuberculina (Tabla 1). No es inverosímil que en Ecuador, así como en algunos otros países, la TB causado por *M. bovis* no ha sido reportada, debido a la falta de confiabilidad entre los trabajadores de las fincas y sus dueños (Gil y Samartino, 2001).

DR. ESTEBAN B. RIERA FANEGO - PARAGUAY

LABORATORIO CENTRAL DE SALUD PÚBLICA. COORDINADOR PROGRAMA NACIONAL DE VIGILANCIA A LOS ANTIMICROBIANOS. MICROBIOLOGÍA CLÍNICA eriera@rieder.net.py

FACTORES QUE AFECTAN LA CONFIABILIDAD DEL ANTIBIOGRAMA: EFECTO PH ESPESOR DEL AGAR MUELLER HINGTON

El antibiograma de Kirby-Bauer sigue siendo el método de elección en muchos laboratorios, dadas sus ventajas de costo y fácil ejecución, además de que sus resultados guardan buena correlación con el diagnóstico clínico. No obstante, hay muchas variables que afectan el diámetro del halo de inhibición, entre ellas, las relacionadas con el agar Mueller-Hinton (espesor; pH; y contenido de cationes, timina y timidina). Los resultados también varían según el operador que haga la lectura del halo de inhibición y las condiciones en que se realiza tal lectura, como la dirección de la luz, y las características del halo de inhibición. Otras variables que afectan los resultados son el método de análisis (forma de hisopado, temperatura, atmósfera y tiempo de incubación; fase de crecimiento bacteriano; inóculo bacteriano y otros). En un trabajo que realizamos en nuestro laboratorio evaluamos dos variables críticas: el pH del agar Mueller-Hinton y su espesor. Según los resultados obtenidos con las 3 cepas estudiadas (2 cepas ATCC y 1 clínica), el efecto del pH en el diámetro del halo de inhibición depende más del antimicrobiano ensayado que de la cepa estudiada. Un pH fuera del rango aceptable (7,2 a 7,4)

puede aumentar, disminuir o dejar igual el diámetro del halo, según el antibiótico ensayado. Así, por ejemplo, el diámetro del halo de inhibición que resulta de la prueba de gentamicina con la cepa de *S. aureus* es más pequeño a pH ácido que el diámetro del halo de inhibición obtenido en el rango aceptable de pH (7,2 a 7,4). El pH ácido, por otro lado, aumenta el diámetro del halo de inhibición a oxacilina y cefoxitina, aunque no afecta el de vancomicina y trimetoprima-sulfametoxazol. Se demostró también que la temperatura es un factor importante en la medición del pH del agar Mueller-Hinton, que debe estar a 25 °C (± 3 °C). El efecto del espesor del agar fue igual para todos los antimicrobianos probados, generando un diámetro de halo de inhibición menor mientras más espeso el agar y más grande con menos espesor, al margen del antimicrobiano y la cepa ensayados. A fin de evitar errores de interpretación en el antibiograma, el pH y espesor del AMH deben ser controlados en cada lote de producción. El pH del AMH debería controlarse con un potenciómetro a una temperatura de 25 °C. El espesor del AMH debe ser controlado con un calibre de 0,1 mm de precisión en el centro de la placa del agar de Mueller-Hinton, y no con una regla en el borde de la placa.

El antibiograma del *Staphylococcus aureus*-Actualizaciones 2008

El *Staphylococcus aureus* sigue siendo un patógeno importante a nivel hospitalario, y últimamente también a nivel de la comunidad. De ahí que sea de gran importancia una buena realización e interpretación del antibiograma de este patógeno.

En los últimos 5 años, se dieron cambios importantes en el antibiograma del *S. aureus*. La introducción de cefoxitina para predecir la sensibilidad o resistencia a oxacilina es de gran importancia. Este disco marca la resistencia (o sensibilidad) a todos los beta-lactámicos. El comportamiento del *S. aureus* con respecto a la vancomicina ha sufrido varios cambios, algunos de los cuales no pueden ser detectados en el antibiograma. Las cepas VISA (*S. aureus* vancomicino intermedio) sólo son detectadas por CIM. Sin embargo las cepas que dieron vancomicino resistente (6 cepas en el mundo hasta el presentes) sí pudieron ser detectadas por el antibiograma rutinario.

El antibiograma puede, asimismo, detectar el mecanismo de metilasa inducible que confiere resistencia a clindamicina y eritromicina.

DR. OSWALDO GIOVANNY RODRÍGUEZ MORA - ECUADOR

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR. PROFESOR –
INVESTIGADOR. MICROBIOLOGÍA E INMUNOLOGÍA orm0719@gmail.com

DIAGNÓSTICO DE *HELICOBACTER pylori*.

Helicobacter pylori infecta más del 50% de la población mundial. *H. pylori* está involucrado en la patogénesis de enfermedades ulcero-pépticas y es el principal factor de alto riesgo para el desarrollo de adenocarcinoma gástrico. El diagnóstico de *H. pylori* es fundamental para el tratamiento de erradicación y posiblemente la prevención de cáncer gástrico. Los métodos diagnósticos para esta bacteria se clasifican en invasivos y no invasivos. Los métodos invasivos requieren de una endoscopia digestiva para la obtención de biopsias gástricas. Entre estos se encuentran: método de cultivo, test de la ureasa, exámenes histológicos, técnicas moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la microendoscopia. Las pruebas diagnósticas no invasivas son: la prueba del aliento con urea-13C o urea-14C, la serología, y detección de antígenos en muestras fecales. El método de cultivo había sido considerado el estándar de oro; sin embargo, es un estándar imperfecto debido a su baja sensibilidad. En la actualidad no se define a un sólo método diagnóstico como estándar, sino que se recomienda la utilización de por lo menos dos métodos diagnósticos y el establecimiento de la prueba más apropiada de acuerdo a la situación específica de cada individuo. Las técnicas moleculares sobresalen por su alta sensibilidad y especificidad. En consecuencia, la última guía de manejo para infecciones por *H. pylori* del American College of Gastroenterology, considera a la PCR como la técnica de diagnóstico más específica y sensible, además de que la técnica puede utilizarse con diferentes muestras, lo que hace que pueda ser una técnica invasiva o no. La experiencia en nuestro laboratorio confirma esto, pues en un estudio clínico que se realizó en 296 biopsias gástricas, obtuvimos un incremento de detección de *H. pylori* del 26% frente al diagnóstico por histopatología.

DRA. CARMINA RODRÍGUEZ-ESPAÑA

TAPETES MICROBIANOS DE MANANTIALES MINEROMEDICINALES COMO ESCENARIO DE BIODIVERSIDAD.

Departamento de Microbiología II, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense Madrid, España

carmina@farm.ucm.es

Uno de los retos actuales más importantes de la Microbiología es el conocimiento de la enorme biodiversidad de nuestro planeta, de la que se estima que sólo se conoce el 1% de las especies.

Los ecosistemas acuáticos, y los de aguas termales mineromedicinales en particular, poseen características físico-químicas específicas que favorecen el desarrollo de determinadas especies. Estos microorganismos coexisten en forma planctónica y en asociaciones complejas llamadas biofilmes y biotapetes; éstos representan probablemente el primer tipo de ecosistema surgido en la Tierra. Se trata de comunidades estructuradas, adheridas a una superficie sólida o interfaz líquido-aire, embebidas en una matriz de exopolímeros, autorreguladas, y constituyen la forma habitual de crecimiento de las bacterias en la naturaleza.

Combinando técnicas de aislamiento y cultivo, de biología molecular y de microscopía, se caracterizan la diversidad bacteriana y la estructura de los biotapetes. Dicha estructura se estudia mediante su observación en fresco, por microscopía óptica: campo oscuro, contraste de fases, epifluorescencia, SCLM (láser confocal); y microscopía electrónica: TEM (microscopía electrónica de transmisión), LT-SEM (microscopía electrónica de barrido a bajas temperaturas), SEM-BSE (SEM en la modalidad de electrones retrodispersados) y EDXSM (microanálisis por espectroscopía de Rayos X de energía dispersada). Especialmente LT-SEM permite observar la compleja estructura tridimensional de los tapetes y la disposición natural que ocupan los microorganismos en los mismos.

La biodiversidad se determina en diferentes medios de cultivo según las características de las aguas y los grupos microbianos que participan en los diversos ciclos biogeoquímicos, como los medios Dass (1996) para las bacterias oxidantes del azufre, y Duchon-Miller (2002) para las bacterias del hierro; o bacterias fototrofas verdes y púrpuras, cianobacterias y algas (Stanier et al., 1984; Teske et al., 2000), etc.

Dado que la mayoría de las especies microbianas ambientales o no son cultivables o no se aíslan en cultivo axénico o puro, su identificación sólo es posible mediante técnicas metagenómicas. Para ello se obtiene el DNA genómico de los tapetes mediante un protocolo puesto a punto específicamente para este tipo de muestras. Se amplifican los 16S rDNA por PCR, utilizando como cebadores los oligonucleótidos universales para el dominio Bacteria y específicos para cianobacterias. Los fragmentos amplificados son clonados y analizados mediante RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) para su posterior secuenciación. El análisis de los perfiles de restricción generados con HindIII+MspI y HindIII+RsaI, permite asignar las secuencias génicas obtenidas a diferentes unidades operacionales taxonómicas (OTU) o posibles filotipos.

Para una rápida descripción de la diversidad de las comunidades bacterianas se utiliza la técnica T-RFLP (Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism), diseñada para estudiar diversidad entre moléculas de DNA amplificadas con el mismo tamaño. Para ello, los 16S rDNA se amplifican por PCR usando cebadores específicos marcados en 5' con el fluorocromo 6-carboxifluoresceína (6FAM), universales para determinar la biodiversidad de Bacteria y específicos para cianobacterias. Los productos amplificados se purifican y se someten a digestión con las enzimas de restricción AluI, HhaI, MspI, y RsaI y se analizan por electroforesis de capilaridad de alta resolución.

DR. JORGE RON- ECUADOR

Centro internacional de Zoonosis. jron-ciz@ac.uce.edu.ec

La brucelosis, enfermedad altamente contagiosa, causada por bacterias del género *Brucella*, está reconocida por organismos internacionales tales como la FAO, OMS y OIE, como la zoonosis de mayor importancia y distribución en el mundo, la cual mantiene como principales reservorios naturales: bovinos, ovinos caprinos, y porcinos.

Esta zoonosis, de alta importancia por las pérdidas que ocasiona en el sector de la producción animal, y, el riesgo existente en salud pública, al transmitirse al humano, por contacto directo con los animales, o por el consumo de leche y sus derivados no pasteurizados, ha puesto en marcha, en muchos países, numerosos programas para su control y erradicación, los cuales basan sus acciones en dos ejes: la vacunación de animales susceptibles, y el sacrificio de animales infectados.

Del análisis de la información recopilada y las observaciones realizadas en Ecuador se puede estimar, que tanto la brucelosis bovina como humana, podrían ser un problema en el Ecuador. La complejidad sintomatológica de la brucelosis en los humanos, sub-notificación de casos, ausencia de estudios epidemiológicos, empleo de un grupo limitado de técnicas de diagnóstico sin la verificación de los resultados por parte de laboratorios de referencia nacionales o internacionales; así como, el escaso aislamiento y tipificación de *Brucella* spp., ha determinado que en muchos documentos de divulgación internacional, la situación de la brucelosis en el Ecuador aparezca como desconocida.

Es imprescindible, la elaboración de una encuesta epidemiológica y la formulación de un mapa actualizado sobre la prevalencia real de la brucelosis en el Ecuador, pues ésto constituirá el punto de partida para futuros programas de control y/o erradicación; que deberán ser viables, eficaces y principalmente adaptados a cada región.

Complementariamente, se deben realizar programas de actualización continua para profesionales, directa o indirectamente, implicados en el tema; así como, la sensibilización de la población en general y contar con laboratorios de referencia y control de biológicos, entre otros.

DR. GABRIEL TRUEBA-ECUADOR

UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO.DIRECTOR DE INSTITUTO DE MICROBIOLOGÍA
gabriel@usfq.edu.ec

TRANSFERENCIA HORIZONTAL DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN AISLADOS DE ESCHERICHIA COLI COMENSAL OBTENIDOS DE COMUNIDADES REMOTAS DE LA COSTA ECUATORIANA

La evolución y diseminación de resistencia a antibióticos ha incrementado la frecuencia de fracasos en los tratamientos antimicrobianos, la morbi-mortalidad de las infecciones y el costo de las terapias anti-infecciosas. La evolución de la resistencia a antibióticos esta asociada al contacto con antibióticos, mientras que la diseminación de genes de resistencia a antibióticos ocurre por expansión clonal o transferencia horizontal de genes (THG). La diseminación de resistencia antimicrobiana ha sido caracterizada extensivamente en brotes de infecciones que han ocurrido en ambientes hospitalarios, mientras que la contribución relativa de diseminación clonal y THG en comunidades y en ausencia de brotes no ha sido estudiada.

Ochenta (32%) de los aislados colectados en comunidades remotas fueron resistentes a antibióticos, 18 de los estos tenían resistencia a tetraciclina, ampicilina y trimetoprima/sulfametoxazol. En estos 18 aislados se encontró evidencia de 3 transferencias de integrón, una de las cuales es probablemente reciente. Se encontró también evidencia de transferencia y en algunos casos intercambio de casetes (gene) de β -lactamasa entre distintos aislados de E. coli. En contraste, se encontró únicamente un caso de transmisión clonal. En conclusión este estudio encontró evidencia de que la THG contribuye mayoritariamente a la diseminación de resistencia a antibióticos en bacterias comensales de comunidades remotas y en ausencia de brote epidémico. Adicionalmente este trabajo provee evidencia de que la transferencia horizontal de genes ocurre en el intestino humano.

¿PUEDE LA LEPTOSPIRA PARÁSITA CRECER EN FUENTES DE AGUA NATURALES?

El ciclo natural de la Leptospira parásita se origina en la orina de animales reservorios de la bacteria. Los humanos y otros animales se infectan de leptospirosis cuando sus mucosas o heridas entran en contacto con la orina de o con agua contaminada con orina, esta ultima situación muy común durante inundaciones. Este modelo simple en el que el agua arrastra las espiroquetas a las fuentes naturales adolece de ciertas imperfecciones, por ejemplo resulta difícil explicar como un río de de la amazonia con un caudal de 400 galones/segundo, puede volverse infeccioso. El propósito de esta investigación fue explorar la posibilidad de que las leptospiros parásitas, al igual que las saprofitas puedan multiplicarse haciendo uso de sustratos producidos por microorganismos ambientales.

Se identificó una colonia fotosintética con la cual los dos tipos de Leptospira demostraron evidencia de crecimiento. compuesta por microorganismos de variada morfología. El análisis de los genes 16S ribosomales demostró que esta colonia estaba compuesta de bacterias pertenecientes a distintas especies del género Sphingomonas y una bacteria del género Flavobacterium. Los resultados de esta investigación proveen evidencia de que la Leptospira patógena puede proliferar en colecciones de agua naturales. Los resultados de esta investigación tienen profundas implicaciones en los sistemas de control de leptospirosis. Futuros trabajos de investigación deben concentrarse en la posibilidad de evaluar los factores que permiten la proliferación de organismos sintróficos que cohabitan con Leptospira en el agua.

DRA. GRETTY K. VILLENA- PERU

Ph.D. Laboratorio de Micología y Biotecnología, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú.
gkvch@lamolina.edu.pe PROFESORA ASOCIADA, INVESTIGADOR INGENIERÍA BIOLÓGICA Y BIOTECNOLOGÍA

TEMA: BIOPELÍCULAS DE ASPERGILLUS NIGER COMO MODELO DE PRODUCCIÓN DE ENZIMAS POR HONGOS FILAMENTOSOS

Aspergillus niger es actualmente una de las especies de mayor importancia biotecnológica ya que produce alrededor de 40 diferentes enzimas comerciales con diferentes aplicaciones en la industria de alimentos, bebidas, textiles, agricultura, pulpa y papel y otras. Además, por el conocimiento adquirido en sus procesos de fermentación, está siendo utilizado en la producción de proteínas recombinantes. Adicionalmente, muchas de sus enzimas han sido considerados productos GRAS por la FDA, por lo cual se ha potenciado su uso para aplicaciones agroalimentarias. Las enzimas son hoy en día productos comercialmente importantes. El mercado mundial creció de 1000 millones de dólares en el año 1995 a 1,500 millones en el año 2000 con ventas anuales estimadas de 600-700 millones de dólares y tasas de crecimiento anual aproximada de 9%-12%, con una proyección a doblar el valor de ventas en los próximos dos años. La gran mayoría de enzimas industriales son de actividad hidrolítica, siendo las proteasas el grupo dominante; mientras que las amilasas y celulasas ocupan el segundo grupo más importante con aproximadamente el 20% del mercado mundial

Las enzimas industriales son producidas principalmente mediante fermentación sumergida (FS), aunque alternativamente, la fermentación en sustrato sólido (FSS) ha sido empleada en menor escala. Aunque la fermentación en sustrato sólido presenta ventajas relacionadas a la mayor productividad, mayor concentración de enzimas, menor represión catabólica, entre otras, las dificultades en escalamiento limitan su capacidad de reemplazar industrialmente a la fermentación sumergida. Sin embargo, el papel de las propiedades fisiológicas y genéticas de microorganismos en crecimiento sobre superficies, podría explicar las ventajas de la FSS sobre la FS.

DR. JEAN –LOUIS ZEDDAM- ECUADOR

IRD (INSTITUTO FRANCÉS DE INVESTIGACIÓN PARA EL DESARROLLO) Y PUCE (PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR) INVESTIGADOR. VIROLOGÍA DE INSECTOS
JLZEDDAM@puce.edu.ec

Uso de la biodiversidad viral para el desarrollo de bioplaguicidas contra la polilla guatemalteca de la papa

Los virus son parásitos intracelulares obligados. Se encuentran en todos los grupos de organismos vivos, que sean procariontes o eucariontes. Sus modalidades de interacción con sus hospederos pueden ser muy diversas, desde infecciones latentes e inaparentes hasta enfermedades mortales. Esta última modalidad ha llevado a considerar los virus como interesantes agentes de control biológico de plagas, en particular en el campo agronómico. Hoy en día, se difunden varios productos comerciales formulados en base a virus entomopatógenos. Sin embargo, el alcance potencial de estos productos podría ser mucho mayor si se diera más énfasis y apoyo a este tipo de control. En el Ecuador, el ejemplo actual más ilustrativo de la investigación dirigida al uso de los virus entomopatógenos, es el de la polilla guatemalteca de la papa *Tecia solanivora* (Lepidoptera; Gelechiidae). Esta especie es originaria de Guatemala pero, a raíz del comercio de tubérculos infestados por la plaga, ha invadido diferentes países suramericanos. Sus larvas minadoras causan daños importantes a la papa tanto en sus sitios de almacenamiento como en el campo. El control químico no ha resultado satisfactorio por que, además de sus efectos negativos sobre el ambiente y la salud, se ha vuelto cada vez menos eficiente debido al desarrollo, por parte de la plaga, de resistencia a los productos usados. Esta situación llevó a implementar una estrategia de manejo integrado que contemplaba, entre otros, el uso de un bioplaguicida. Para desarrollar tal producto, se realizaron bioprospecciones intensivas en las poblaciones de la plaga y especies estrechamente relacionadas. Se aislaron varios virus que fueron caracterizados y evaluados por su capacidad de provocar mortalidades significativas en las larvas expuestas. Trabajos complementarios permitieron identificar los diferentes elementos (portador, adyuvantes) de mayor interés que se debían combinar con el virus para obtener una formulación a la vez eficiente y manejable por parte de los agricultores. Al final,

estas investigaciones, basadas en la prospección y valorización de recursos biológicos locales, permiten proponer a los papicultores un nuevo producto que representa un componente esencial para el manejo integrado de una plaga introducida.

DRA. Jeannette Zurita - Ecuador

Directora Laboratorio Hospital Vozandes –Quito jzurita@hcjb.org.ec

ESTÁ SEGURO QUE SU ENDOSCOPIO ES SEGURO?

Los endoscopios flexibles son dispositivos médicos sofisticados usados para realizar más de 15 millones de procedimientos endoscópicos al año, sólo en los EEUU. Los endoscopios flexibles revolucionaron el diagnóstico y el manejo de muchas enfermedades. Los endoscopios normalmente se contaminan con sangre, fluidos corporales y microorganismos durante su uso. Debido a que cada endoscopio puede ser usado por múltiples pacientes aún en un mismo día, es esencial que sea sometido a la limpieza exhaustiva y a la desinfección efectiva entre pacientes. Desafortunadamente, la mayoría de los endoscopios flexibles actuales no pueden ser esterilizados con calor, y tienen canales internos muy delgados que dificultan la limpieza y la desinfección. Cientos de complicaciones infecciosas gastrointestinales y bronquiales han sido asociadas a fallas en el reprocesamiento efectivo y seguro del endoscopio. Se escribieron muchas guías para la limpieza y desinfección de los endoscopios, siendo mínimo el riesgo de infección cuando se siguen estas recomendaciones. Sin embargo, no siempre se cumplen; lo que nos recuerda la importancia de un control de calidad riguroso en las unidades de endoscopia. El reprocesamiento de los endoscopios es un procedimiento de varios pasos que requiere limpieza manual y desinfección de alto nivel manual o automatizada. Como resultado, la eficacia del reprocesamiento del endoscopio es dependiente tanto del personal como del equipo automatizado. Aunque algunos aspectos del reprocesamiento pueden ser monitoreados (ej., concentración del desinfectante, tiempo de contacto y temperatura), no hay métodos estandarizados para verificar la eficacia del reprocesamiento en la práctica clínica. Un método propuesto para monitorear la eficacia del reprocesamiento de endoscopios es realizar cultivos de vigilancia microbiológica de rutina; pero no hay protocolos estandarizados y el valor de los cultivos no ha sido ampliamente aceptado. El monitoreo de rutina no es una práctica recomendada por The Multi-society Guideline for Reprocessing Flexible Gastrointestinal Endoscopes. A pesar de esto, muchas instituciones de EEUU y Europa están escogiendo implementar la vigilancia microbiológica de los endoscopios como parte de su programa de calidad. El cultivo del líquido estéril que se hace correr dentro del lumen, junto con el cepillado del mismo en forma aséptica, parece ser un test sensible de la efectividad del reprocesamiento del endoscopio.

dónde nos estábamos desplazando en el tiempo. Estas medidas son más fáciles de implementar cuando se cuenta con un indicador simple y útil para el control de las infecciones que nos marca de manera evidente cuándo debemos actuar.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: David González*

País: Chile

Email: orador.electrico@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DETECCIÓN DE ROTAVIRUS G8 Y G9 COMO CEPAS EMERGENTES EN CHILE MEDIANTE TÉCNICA DE RT-PCR

González Padilla D.*, Laboratorio de Virología Molecular, Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile.

Castro Nallar E.

Spencer O. E.

RESUMEN: Rotavirus es el agente responsable de aproximadamente 600.000 muertes anuales en el mundo y del 40% de las hospitalizaciones por diarrea en niños menores de 5 años. En Chile se estima que es responsable de 8.000 hospitalizaciones y 53.000 visitas médicas por año. Hasta Junio de 2008 el 14,3% de los casos de diarrea aguda notificados por el sistema de Hospitales Centinelas (SHC) del Sistema Nacional de Salud fueron causados por rotavirus. Para conocer la epidemiología de rotavirus en nuestro país, en este estudio se evaluó la prevalencia de los 4 genotipos más comunes en el mundo (G1, G2, G3 y G4), además de los genotipos emergentes G8 y G9. Estos últimos genotipos, no han sido considerados en la formulación de ninguna de las vacunas disponibles actualmente. La genotipificación se realizó través de la técnica de RT-PCR en un total de 136 muestras fecales provenientes de niños hospitalizados en centros pertenecientes al SHC durante el año 2006. Los resultados indican que inesperadamente, el genotipo G9 fue el más prevalente con un 45,79% de los casos, seguido por un 35,51% correspondiente a G2. Además, se detectó la presencia del genotipo G8 en un 11,21% de los casos. Este estudio corresponde al primer informe de la presencia de los genotipos G8 y G9 en Chile y significa un cambio en la escena epidemiológica de rotavirus al establecer al genotipo G9 como la cepa más prevalente durante el periodo del año 2006. Estudios de vigilancia epidemiológica de los genotipos circulantes de rotavirus deben realizarse de manera permanente para contar con herramientas que guíen los programas de vacunación.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Lorena Luna Guevara*

País: México

Email: lunaguevara@yahoo.com.mx

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

HOJAS DE *MORINGA OLEIFERA* COMO UNA ALTERNATIVA DE DESINFECCIÓN EN JITOMATE

Luna Guevara María Lorena, Rosales Pérez Mónica, Ruiz Espinosa Héctor, García Sánchez Héctor
López Edmundo, Arroyo Aída

RESUMEN: La demanda de vegetales crudos (VC) se ha incrementado en los últimos años, promovida por consumidores conscientes de su salud. Sin embargo, la incidencia de enfermedades transmitidas por la ingesta de VC ha aumentado también. Recientemente, han trascendido brotes de salmonelosis asociados con el consumo de VC como lechuga, espinaca, jitomate y chile jalapeño. Los serotipos de *Salmonella* relacionados incluyen *javiana*, *montevideo* y *saintpaul*. Los desinfectantes son ampliamente usados en la industria alimenticia para el control de patógenos; alternamente, se explora el uso de antimicrobianos naturales bajo diferentes condiciones de pH, temperatura, concentración y tiempo de contacto. Reportes atribuyen cierta actividad antimicrobiana a las hojas de *Moringa oleifera*, planta asiática de rápido crecimiento. El objetivo del trabajo, fue evaluar la actividad antimicrobiana de infusiones y extractos etanólicos de hojas de *M. oleifera*, para la desinfección de jitomate inoculado con *S. entérica serotipo Typhimurium*. Hojas provenientes de la misma parcela fueron lavadas, deshidratadas bajo sombra a temperaturas ambientes y pulverizadas. Se prepararon extractos etanólicos ajustados a pH 4.5 y 8.5, mientras que las infusiones acuosas fueron aplicadas a 5 y 22°C. Infusiones y extractos se aspersaron sobre jitomate inoculado superficialmente con *S. entérica serotipo Typhimurium*, con 1 minuto de tiempo de contacto. Se observaron reducciones importantes en la enumeración bacteriana con los extractos e infusiones de hoja. La eficacia de los desinfectantes difirió estadísticamente ($\alpha = 0.05$). Distintos grados de letalidad (reducciones logarítmicas) se obtuvieron con extractos (4 log₁₀ para pH 4.5; 3 log₁₀ para pH 8.5) y en infusiones (3 log₁₀ a 5°C; 1 log₁₀ a 22°C) con efectos significativos de interacción con pH y temperatura de aplicación.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Franceline Parada Guerra*

País: México

Email: lunaguevara@yahoo.com.mx

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

VARIABILIDAD DE LA MICROBIOTA PRESENTE EN INVERNADEROS DE JITOMATE CON FERTI-RRIGACIÓN

Parada Guerra Franceline, Luna Guevara María Lorena, Delgado Alvarado Adriana, Navarro Ocaña Armando

RESUMEN: La producción de jitomate en México es una alternativa agrícola importante debido a su consumo nacional y a sus demandas de exportación. En el estado de Puebla, México, se ha apoyado y promovido el establecimiento de invernaderos para el cultivo de jitomate como una alternativa de Desarrollo Agrícola. El ingreso a nuevos mercados con productos de alta calidad, requiere que el consumidor adquiera un producto que cumpla entre otras, con las especificaciones de inocuidad. Esta inocuidad se encuentra estrechamente relacionada con la microbiota presente, donde su sobrevivencia depende, tanto de las condiciones de manejo, como de las condiciones ambientales prevalecientes en los sistemas de producción. El objetivo del presente trabajo consistió en identificar la variabilidad de los microorganismos presentes en suelo y frutos de jitomate cultivados en invernadero de ferti-irrigación. La investigación se realizó en el Municipio de Aquixtla, principal región productora de jitomate en invernadero en Puebla. Se seleccionaron cuatro invernaderos ubicados en localidades representativas del Municipio y en cada uno se muestrearon frutos con tres grados de madurez (0,50 y 100%) y suelo en tres ubicaciones diferentes dentro del invernadero (entrada, centro y posterior). La identificación microbiológica se realizó mediante pruebas bioquímicas y posteriormente se confirmaron mediante el Sistema Vitek. Los microorganismos identificados más frecuentes, tanto en las muestras de jitomate como en las de suelo, fueron *Enterobacter cloacae*, *Citrobacter freundii* y *Escherichia coli*. Los dos primeros fueron aislados de jitomate con grado de madurez 0% y 50% principalmente, mientras que, *E. coli* tuvo mayor incidencia en jitomates con 100% de madurez y suelo de la entrada de los invernaderos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Alisbeth Diamelis Fuenmayor Boscán

País: Venezuela

Email: afuenmabos@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ENTEROPARÁSITOS, BACTERIAS ENTEROPATÓGENAS Y *HELICOBACTER PYLORI* COMO INDICADORES DEL NIVEL DE VIDA DE INDÍGENAS AÑU VENEZOLANOS

Fuenmayor Alisbeth, Valero Kutchynskaya, Paz América, Hernández Ileana, Sandra Lisette, Rivero Zulbey

RESUMEN: Antecedentes: Los indígenas Añu venezolanos habitan en viviendas palafíticas construidas sobre las márgenes del Lago de Maracaibo. El agua que les rodea es empleada habitualmente para todas sus actividades y hacia ella también drenan permanentemente todos sus desechos, lo que determina la existencia de condiciones ambientales propicias para la permanencia y transmisión de agentes infecciosos. Objetivo: Detectar la prevalencia de bacterias enteropatógenas, enteroparásitos y *Helicobacter pylori*, como indicadores del nivel de vida y salud de este grupo indígena. Metodología: se estudiaron muestras de heces frescas (examen coproparasitológico directo, técnica de concentración de Ritchie, cultivo bacteriológico convencional y excreción de antígeno específico de *H. pylori*) y una muestra sanguínea (IgG sérica anti *H. pylori*), de 378 individuos Añu. Resultados: 89,7% de los individuos resultó parasitado, detectándose un 70,9% de poliparasitismo, predominio de protozoarios y la coexistencia de hasta 9 especies parasitarias por individuo. En el 21,1% de las muestras analizadas se detectaron bacterias enteropatógenas, particularmente especies de los géneros *Aeromonas* y *Vibrio*. La seropositividad para *H. pylori* alcanzó un 81,5%, con un 92,9% de infección activa. A pesar de estar coinfectados por diferentes microorganismos, la mayoría de los individuos negó la presencia de síntomas gastrointestinales. Conclusión: La población Añu estudiada exhibe una elevada prevalencia de microorganismos gastrointestinales potencialmente patógenos, lo cual aunado al predominio de especies propias de la microbiota de las aguas, indica la influencia crucial que ejerce el medio ambiente contaminado sobre esta población.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Felipe Del Canto Fuentes*

País: Chile

Email: fadelcanto@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DETECCIÓN DE GENES DE VIRULENCIA Y BÚSQUEDA DE INSERCIONES GENÉTICAS ADYACENTES A GENES DE RNA DE TRANSFERENCIA (tDNA) EN CEPAS DE *ESCHERICHIA COLI* ENTEROTOXIGÉNICA (ETEC) AISLADAS EN CHILE

Del Canto Felipe, Valenzuela Patricio, Blanco Jesús, Blanco Jorge, Prado Valeria, Vidal Roberto

RESUMEN: ETEC es causa frecuente de diarreas, principalmente en niños y viajeros a zonas endémicas. Los clásicos factores de virulencia de ETEC son los factores de colonización (CF/CS) y las enterotoxinas termolábil (LT) y termoestable (ST). En este trabajo se caracterizó una colección de 103 cepas de ETEC de acuerdo al serogrupo y a las variantes de CS, LT y ST. Como estrategia para identificar nuevos loci involucrados en virulencia, se analizó la integridad del contexto genético de 12 tDNAs, sitios en los que se inserta el 75% de las islas de patogenicidad conocidas. El análisis del contexto de *selC*, *pheU-V*, *thrW*, *leuX*, *asnT-U-V-W*, *aspV*, *metV* y *argU* se hizo mediante PCR utilizando partidores que reconocen genes flanqueantes de cada uno de ellos; diseñados en base a *E. coli K-12*. Se consideró un contexto como íntegro al obtener un producto del mismo tamaño que el obtenido con *K-12* como templado. La ausencia de producto indica alteración del contexto y sugiere la presencia de una inserción genética. Los serogrupos, toxinas y factores de colonización más frecuentes fueron: O6 (28,1% de las cepas), O104-O127 (13,6%) y O153 (7,7%); ST1b-LT (30%), ST1b (30%) y LT (19%); CFA-I (28%), CS1-CS3 (18%) y CS2-CS3 (18%). Los contextos de *thrW*, *leuX* y *pheV* se presentaron alterados con mayor frecuencia. De particular interés resultó la alteración del contexto de *asnT* en el 99% de las cepas *ST1b-LT*. Adyacente a dicho tDNA se ha detectado la presencia de un gen de integrasa, por lo que resulta interesante determinar que tipo de inserción genética es y que tipo de genes contiene. FINANCIAMIENTO: Proyecto Fondecyt 1061088. Programa MECE, proyecto UCH0407.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Roberto Vidal Álvarez*

País: Chile

Email: rvidal@med.uchile.cl

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Oral

NEW VARIANT OF THE GENE *STX2* IN SHIGATOXIN-PRODUCING *ESCHERICHIA COLI* ISOLATED FROM HEALTHY SWINE AT SLAUGHTER IN CHILE

Vidal Roberto, Corvalán Laura, Valenzuela Patricio, Prado Valeria, Mora Azucena, Blanco Miguel, Blanco Jorge.

RESUMEN: Shiga toxin producing *Escherichia coli* (STEC) have emerged around the world as cause of severe human illness like hemorrhagic colitis and hemolytic uremic syndrome (HUS). STEC strains are zoonotic pathogens that rarely cause disease in animals. Studies conducted in Chile have shown high rate of STEC faecal carriage in slaughtered healthy pigs (69%). We analyzed seven hundred and fifty nine stool samples of slaughtered pigs coming from different regions of Chile. STEC strains were serotyped and studied by PCR for the presence of virulence genes (*hlyA*, *lpf*, *saa* and *iha*) and carried out a pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) for determined the genetic diversity. We only detect a six percent (45/759) of collected intestinal samples positive for STEC. All STEC strains were non-O157 and 100% of the isolates harbored only the *stx2* gene. STEC strains were negative for all tested virulence genes, except one isolate (serotype O5: H) that was positive for *iha* gene. The PFGE analysis of 45 isolates, revealed distinct restriction pattern clustered in 19 groups (I-XIX). The results of this study revealed a new variant of *stx2* gene belonging to a several number of STEC serotypes (O8: H; O20: H; O159: H; O8:H19; O20:H44, ONT: H). Furthermore, our data demonstrate that *STEC* strains fecal carriage in healthy pigs at slaughter in Chile was surprisingly lower than reported in 1997, however, pigs continue being a reservoir of STEC strains population serological and genetically diverse. This work was supported by Grant FONDECYT 1061088

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Carmina Rodríguez*

País: España

Email: andezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN DE TAPETES MICROBIANOS EN MANANTIALES DE AGUAS MINEROMEDICINALES EN ESPAÑA: DE GRANADA, GRANADA; BETETA, CUENCA Y SANTA CRUZ DE MUDELA, CIUDAD REAL

Rodríguez Carmina, Sánchez María, Mosso Ángeles de la Rosa, Carmen de la Rosa

RESUMEN: Combinando técnicas de cultivo, de biología molecular y de microscopía, se caracterizaron la diversidad bacteriana y la estructura de los biotapetes. Dicha estructura se estudió mediante microscopía óptica y microscopía electrónica. La

se determinó en diferentes medios de cultivo. Dado que la mayoría de las especies microbianas ambientales no son cultivables, su identificación sólo es posible mediante técnicas metagenómicas. Para ello, se obtuvo el DNA genómico de los tapetes mediante un protocolo puesto a punto específicamente para este tipo de muestras. Se amplificaron los 16S rDNA por PCR, utilizando como cebadores los oligonucleótidos universales para el dominio Bacteria y específicos para cianobacterias. Los fragmentos amplificados fueron clonados y analizados mediante RFLP para su posterior secuenciación. En Alhama de Granada se consiguieron las bacterias *Thiobacterium* y *Thiovulum-like* en asociación con *Chloroflexus* y *Chlorobium*. El tapete epilítico está formado por *Chloroflexus*, *Oscillochloris* y *Chlorobium*, asociadas con *Anabaena* y *Thiovulum-like*, *Achromatium* y *Beggiatoa*. En el manantial de Beteta, Cuenca se consiguieron dos tapetes uno de la superficie del agua y otro epilítico. El tapete de superficie está formado por *Oscillatoria*, *Lyngbya*, *Anabaena*, *Nostoc*, *Chlorococcus* y *Chloroflexu*. El otro tapete está formado por *Lyngya*, *Oscillatoria*, *Pseudoanabaena*, *Cyanothece*, *Synecocysti s*, *Gleocapsa*, *Chlorococcus* y *Gallionella*. En Santa Cruz de Mudela, Ciudad Real se desarrolla un tapete formado, por *Navicula*, *Fragilaria*, *Cymbella*, *Oscillatoria*, *Lyngbya* y *Gleocapsa*. La gran diversidad microbiana encontrada en los diferentes escenarios estudiados pone de manifiesto la riqueza de la microbiota de estos ecosistemas acuáticos especiales.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Javier Adolfo Hernández Fernández*

País: Colombia

Email: javier.hernandez@utadeo.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS AUTÓCTONAS PRESENTES EN EL QUESO PAIPA

Hernández Javier, Neira Esperanza

RESUMEN: Se aisló, identificó y caracterizó molecularmente las bacterias ácido láctico (BAL) presentes en queso Paipa con 1, 5 y 10 días de maduración. Las muestras fueron recolectadas en el municipio de Pacho, Belén y Paipa. Los aislamientos se obtuvieron a partir de siembras de diluciones de los quesos e incubadas a tres temperaturas y en cuatro medios de cultivo diferentes: a 32°C en MRS, APT y M17 en aerobiosis, a 42 °C en MRS en anaerobiosis y a 37° en EMB en aerobiosis. Se obtuvieron 38 cepas nativas aisladas de queso tipo Paipa proveniente de Pacho, 29 de Belén y 16 de Paipa. Posteriormente, se seleccionaron las cepas por reacción catalasa negativa, oxidasa positiva y bacilos y/o cocos Gram positivos. Seguidamente, se extrajo el DNA de cada aislamiento y se amplificó el gen *16S rRNA* por PCR. Los productos amplificados se cortaron con las enzimas de restricción *HpyCH4III*, *AluI*, *BfaI* y *HpaII*. Se generaron los perfiles electroforéticos in silico para las 25 bacterias más comunes en quesos, y se compararon con los perfiles obtenidos experimentalmente. A un grupo de 40 cepas nativas aisladas se les secuenció el gen *16S rRNA* y se realizó BLASTN. Los resultados tanto de análisis de restricción como de secuenciación del gen *16S rRNA* permitieron determinar que las especies que posiblemente predominan en el queso Paipa son: *Lb. acidophilus*, *Lb. delbrueckii*, *Lb. parabuchneri*, *Lb. cremoris*, *Lb. helveticus*, *Lb. paracasei*, *Lb. plantarum*, *L. lactis*, *S. thermophilus*, *L. pseudomesenteroides*, *L. mesenteroides* y *Pediococcus pentosaceus*. Sin embargo, también se identificaron especies no comunes en quesos, y que pueden tener consecuencias para la salud humana, como: *St. waiiu*, *Lb. garviae*, *S. lentus*, *Enterococcus sp*, *Bacillus mojavensis*, *S. macedonicus* y *S. equinus*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Alisbeth Diamelis Fuenmayor Boscán*

País: Venezuela

Email: afuenmabos@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DETECCIÓN DE *LEGIONELLA SPP.* EN PACIENTES SINTOMÁTICOS RESPIRATORIOS DE MARACAIBO-VENEZUELA (RESULTADOS PRELIMINARES)

Sandrea Lisette, Paz América, Piña Eyiilde, Valero Kutchynskaya, Fuenmayor Alisbeth

RESUMEN: Antecedentes: *Legionella pneumophila* se reconoce actualmente como un importante patógeno pulmonar, responsable de gran número de infecciones nosocomiales y extrahospitalarias; no obstante, en Venezuela no se ha implementado la investigación rutinaria de este microorganismo, por lo que, se desconoce su prevalencia local. Objetivo: Determinar la frecuencia de especies de *Legionella* en pacientes sintomáticos respiratorios de Maracaibo-Venezuela. Metodología: Realización de cultivo bacteriológico de muestras del tracto respiratorio inferior para la investigación específica de especies de *Legionella*, y detección de antígeno urinario en pacientes sintomáticos respiratorios atendidos en el Hospital Universitario de Maracaibo. Las muestras de esputo fueron previamente sometidas a un proceso de decontaminación-digestión y posteriormente fueron cultivadas en medios selectivos para el aislamiento de *Legionella* (BCYG y GVPC). Las muestras de orina fueron analizadas mediante la técnica inmunocromatográfica comercial Binax-Now®. Resultados: De los 62 pacientes estudiados hasta ahora, sólo uno (1,6%) ha resultado positivo para *Legionella pneumophila* en el cultivo de esputo, mostrando también positividad para el antígeno urinario. No obstante, otros 4 pacientes han resultado positivos sólo para la presencia de antígeno urinario. Conclusión: Los estudios de antigenuria y cultivo bacteriológico para *Legionella spp.* realizados hasta ahora, revelan que, aunque con una prevalencia aparentemente baja, *Legionella pneumophila* se encuentra circulando en nuestra región.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Paula Adriana Rojas Ortiz*

País: Colombia

Email: paularojas01@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

EFFECTO DE TRES DOSIS DE FERTILIZACIÓN CON MICORRIZAS SUPPRA EN PLÁNTULAS DE CACAO EN VIVERO

Rojas Paula Adriana*, Colombia.

RESUMEN: Teniendo en cuenta los múltiples beneficios generados por las Micorrizas Arbusculares (MA) en cuanto al estímulo en el crecimiento, desarrollo y nutrición de las plantas, especialmente en suelos de baja y moderada fertilidad, fue evaluado el efecto de esta simbiosis entre el inóculo de Micorrizas Suppra y plántulas de cacao bajo tres distintas concentraciones de fertilización durante la etapa de vivero. Se hizo un ensayo en el municipio de Lebrija Santander, con 6 tratamientos: Fertilización Convencional, Convencional+MA, 50% Convencional, 50% Convencional+MA, Testigo Absoluto y Testigo Suppra. El diseño experimental utilizó bloques completos al azar, realizándose 4 muestreos destructivos cada 30 días. Fueron evaluadas variables fisiológicas y microbiológicas con el fin de establecer el efecto de los distintos tratamientos sobre las plántulas de cacao. Para la variable: Peso Fresco, el Testigo Absoluto presentó 10.2g frente a 15.1g del tratamiento Convencional y 17.1g del Convencional+MA, según esto, los tratamientos: Convencional y Convencional+MA presentaron un porcentaje de 48% y 68% de superioridad, en relación al testigo Absoluto, respectivamente. Las diferencias en producción de materia seca entre los tratamientos fueron: 31% para el Testigo Micorrizado con relación al Testigo Absoluto, 10% de superioridad del tratamiento Convencional+MA frente al Convencional y una diferencia del 11% de superioridad del tratamiento 50% Convencional+MA frente a su homólogo no micorrizado. El porcentaje de colonización y el número de esporas, presentaron diferencias altamente significativas en relación a los tratamientos no inoculados; sin embargo, se observó colonización y presencia de esporas en estos tratamientos, ya que, la fuente de materia orgánica aportó propágulos infectivos del hongo formador de micorriza. Los resultados obtenidos en este ensayo mostraron un efecto positivo en el desarrollo de las plántulas pertenecientes a los tratamientos con Micorrizas Suppra.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Javier Adolfo Hernández Fernández*

País: Colombia

Email: javier.hernandez@utadeo.edu.do

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN MICROSCÓPICA, BIOQUÍMICA Y MOLECULAR DE CEPAS NATIVAS DE *BACILLUS THURINGIENSIS* CON ACTIVIDAD ANTILEPIDÓPTERA

Ramírez Lorena, Ramírez Natalia, Hernández Javier

RESUMEN: Se recolectaron 20 muestras de suelo en 4 departamentos de Colombia: 4 en Cundinamarca (Chia y Susa) y 8 en Boyacá (Villa de Leiva, Sutamarchán, Raquirá y Santa Sofía). Se aislaron bacilos esporulados, los cuales se caracterizaron macroscópicamente y microscópicamente con tinción de Gram, safranina y verde de malaquita observando y cuantificando cristales y esporas. Posteriormente, los aislamientos positivos para la presencia de cristales paraesporales se sometieron a una caracterización bioquímica por medio de electroforesis de proteínas totales en gel denaturante de poliacrilamida (SDS-PAGE). Se utilizó medio de cultivo LB modificado, el cual fue suplementado con dos fuentes de nitrógeno: extracto de levadura y sulfato de amonio. Seguidamente, se extrajo ADN plasmídico de cada bacilo nativo y se llevó a cabo la amplificación de los genes *cryI*, utilizando primers generales. Las cepas positivas para la presencia de genes *cryI* fueron sometidas a dos rondas de M-PCR a partir de 2 mezclas de oligonucleótidos, reconociendo 6 genes específicos. Utilizando esta metodología, se aislaron 44 cepas nativas que presentaron cristales con formas bipiramidales, triángulo y amorfos. 4,5%, 56,8% y 38,6% respectivamente. La caracterización bioquímica, evidenció que la utilización de dos fuentes de nitrógeno aumentan la esporulación y por ende la producción de cristales. Se observaron bandas de proteínas de diferentes pesos moleculares, desde 30 hasta 130-140 kDa que al ser comparadas con las cepas de referencia *Bt var aizawai HD137* y *Bt var kurstaki HD1* permitieron identificar diferentes proteínas Cry. Dieciocho cepas amplificaron fragmentos que reconocían la presencia de genes *cryI*. Posteriormente, estas cepas se analizaron por PCR múltiple identificando genes *cryIAa, Ab, Ac, B, C y D*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Fernanda Sislema*

País: Ecuador

Email: gorodriguez@puce.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE *HELICOBACTER PYLORI* EN MUCOSA GÁSTRICA DE PACIENTES ECUATORIANOS

Sislema Fernanda ,Cruz Cecilia,Ontaneda Sonia,Castillo Carlos,Vinueza Luis,Rodríguez Mora Oswaldo

RESUMEN: *Helicobacter pylori* infecta la mucosa gástrica de más del 50% de la población mundial. La prevalencia en países desarrollados es del 10 al 50%, mientras que en países en desarrollo es cerca del 90%. *H. pylori* está asociado con el desarrollo de patologías gástricas y es considerado como el principal factor de alto riesgo para el desarrollo de adenocarcinoma gástrico y linfoma gástrico tipo MALT. En el Ecuador, el diagnóstico de infección por *H. pylori* se realiza principalmente por métodos invasivos que requieren de una endoscopia. El objetivo de la presente investigación fue optimizar la técnica de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) para el diagnóstico de *H. pylori* en biopsias de mucosa gástrica de pacientes ecuatorianos, y determinar la sensibilidad y especificidad del PCR en comparación con el método de histopatología. Para el estudio se enrolaron 293 pacientes quienes, previo al examen endoscópico, firmaron un consentimiento informado. Las biopsias obtenidas fueron procesadas tanto por el método de histopatología, como por el método molecular de PCR en el cual se utilizó como blanco de amplificación el gen *16S rRNA*. A través de la técnica de PCR optimizada se determinó que 178 pacientes fueron positivos a la infección por *H. pylori*, mientras que por histopatología solamente 102 pacientes fueron positivos. Basados en estos datos, podemos concluir que la técnica de PCR para el diagnóstico de *H. pylori* en mucosa gástrica, brinda una sensibilidad de 100% e incrementa la detección de esta bacteria en un 26% en comparación con el diagnóstico histopatológico. Estos hallazgos fortalecen la recomendación del American College for Gastroenterology de adoptar la técnica molecular como apoyo al diagnóstico de *H. pylori* en biopsias de estómago.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Alisbeth Diamelis Fuenmayor Boscán*

País: Venezuela

Email: afuenmabos@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CANDIDIASIS VAGINAL Y VAGINOSIS CITOLÍTICA: DOS ENTIDADES CLÍNICAMENTE INDISTINGUIBLES

Fuenmayor Alisbeth, Paz América, Fuenmayor Alexis, Acosta Noris, Sandra Lisette

RESUMEN: Antecedentes: La vaginosis citolítica es una alteración de la microbiota vaginal que suele cursar con signos y síntomas compatibles con candidiasis. Objetivo: Determinar la ocurrencia de vaginosis citolítica en mujeres de consulta ginecológica del municipio Maracaibo-Estado Zulia-Venezuela, y evaluar el grado de confiabilidad del diagnóstico clínico presuntivo de candidiasis vaginal. Metodología: A 164 pacientes ginecológicas atendidas en dos instituciones públicas, se les practicó un examen clínico para formular un diagnóstico presuntivo, así como, estudios de laboratorio (examen al fresco, directo coloreado con Gram y cultivo convencional) de muestras de las secreciones depositadas en el fondo de saco posterior vaginal. Resultados: De acuerdo al diagnóstico clínico presuntivo, 31 pacientes (18.9%) presentaron candidiasis vaginal, la cual fue confirmada microbiológicamente sólo en 11 casos (35.5%). El análisis del flujo vaginal reveló la presencia significativa de levaduras en otras 10 mujeres, 5 de ellas con alteraciones del flujo vaginal y/o síntomas de vaginitis. Se detectaron 12 casos clínica y microbiológicamente compatibles con vaginosis citolítica (7.3%), 10 de los cuales (83.3%) fueron diagnosticados presuntivamente como candidiasis vaginal. Conclusión: La vaginosis citolítica constituye una entidad frecuente en nuestro medio. A la luz de los resultados de laboratorio se demuestra un sobrediagnóstico clínico de candidiasis vaginal y se pone en evidencia la dificultad para diferenciar clínicamente estos dos desórdenes del ecosistema vaginal. Se recomienda recurrir rutinariamente a pruebas diagnósticas confirmatorias, para evitar el manejo terapéutico inapropiado de las pacientes de consulta ginecológica con impresión clínica de candidiasis.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Alisbeth Diamelis Fuenmayor Boscán*

País: Venezuela

Email: afuenmabos@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

IMPLEMENTACIÓN DE UNA METODOLOGÍA PARA LA DETECCIÓN DE ESPECIES DE *LEGIONELLA* EN EL AGUA UTILIZADA EN UNIDADES DENTALES

Sandra Lisette, Paz América, Piña Eyilde, Valero Kutchynskaya, Fuenmayor Alisbeth

RESUMEN: Antecedentes: La presencia de cualquier microorganismo en las aguas utilizadas en las unidades dentales constituye un grave peligro tanto para el paciente como para el personal que labora en dichas unidades; particularmente, la presencia de las especies de *Legionella* en estas aguas podría dar lugar a brotes importantes de enfermedades respiratorias severas. Objetivos: 1) Implementar y comparar dos técnicas de análisis microbiológico del agua para el estudio de las especies del género *Legionella*; y 2) Detectar la presencia de *Legionella spp.* en las aguas utilizadas en las piezas de mano de unidades odontológicas. Métodos: Se estandarizaron dos técnicas comparativas: CDC e ISO-11731, mediante el uso de muestras preparadas con una cepa de *Legionella pneumophila* ATCC 33155 y, posteriormente, se aplicaron ambas metodologías para el análisis bacteriológico de 40 muestras de agua provenientes de cuatro (4) clínicas odontológicas docentes ubicadas en la Facultad de Odontología de la Universidad del Zulia-Venezuela. Resultados: Ambas técnicas resultaron sensibles para el aislamiento de *Legionella spp.* en muestras de agua, siendo el tratamiento ácido más efectivo que el calentamiento. A pesar de la aplicación de ambas metodologías, no se detectó la presencia de *Legionella spp.* en ninguna de las muestras de agua analizadas. Conclusión: La presente investigación sirvió de base para implementar un programa de control de calidad de las aguas utilizadas a nivel odontológico y hospitalario en el Municipio Maracaibo, Estado Zulia, Venezuela, en relación con la presencia de especies de *Legionella*.

DETALLES DEL RESUMEN

Autor: Jane Castillo Vera*

País: México

Email: janeveca@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DETECCIÓN DE BLAVIM-11 EN CEPAS MULTIRRESISTENTES DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* EN MÉXICO

Castillo Vera Jane, Ribas Aparicio Rosa María, Osorio Carranza Lourdes, Aparicio Ozores Gerardo

RESUMEN: Antecedentes del estudio: *Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno importante en el ámbito hospitalario, ya que presenta diferentes mecanismos de resistencia a los antibióticos, incluyendo el relacionado con la expresión de metalo- β -lactamasas. Métodos utilizados: El estudio incluyó 22 cepas de *P. aeruginosa* aisladas de infecciones nosocomiales en el Hospital de Infectología del Instituto Mexicano del Seguro Social de la Ciudad de México, las cuales, de acuerdo a su perfil de resistencia se dividieron en un grupo de 11 cepas resistentes de 2-6 antibióticos, y otro de 11 cepas resistentes a 19-21 antibióticos. La detección fenotípica de metalo- β -lactamasas (MBL) se realizó con la prueba de sinergismo de imipenem y EDTA. La detección genotípica de los genes *blaIMP*, *blaSPM*, *blaGIM*, *blaVIM* se hizo por PCR. La secuenciación nucleotídica se efectuó por métodos automatizados haciéndose el análisis bioinformático correspondiente. Resultados: Las 11 cepas resistentes a 19-21 de los antibióticos fueron las únicas resistentes al imipenem, aunque sólo 10 de ellas demostraron fenotípicamente la presencia de MBLs. Las 10 cepas MBLs positivas mostraron un producto de amplificación en la PCR para *blaVIM*, mientras que las otras 12 dieron un resultado negativo. Las 22 cepas de *P. aeruginosa* en estudio tuvieron resultados negativos en la PCR para *blaIMP*, *blaSPM* y *blaGIM*. La secuencia nucleotídica del gen *blaVIM* mostró una identidad del 99% con *blaVIM-11*. Conclusiones: Este es el primer hallazgo del gen *blaVIM-11* en cepas multirresistentes de *P. aeruginosa* de origen nosocomial en México, lo que resalta la necesidad de mejorar el control en cuanto al uso de los antibióticos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Rosa Prado*

País: Venezuela

Email: rprado_2000@yahoo.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

EXPERIENCIA Y TÉCNICAS AGROECOLÓGICAS IMPULSADAS POR EL COLECTIVO DE LA RED DEL ESTADO MÉRIDA – VENEZUELA

Pacheco Carlos, Prado Rosa, Trejo Abidilitza

RESUMEN: En Venezuela, el estado Mérida es el principal productor de hortalizas, con el 80%, y de papa (*Solanum tuberosum*), con el 85% de la producción nacional, según cifras del Ministerio del Poder Popular para la Agricultura y Tierras, sin embargo, esta zona está influenciada por técnicas reduccionistas como consecuencia de la revolución verde; principalmente, por el uso indiscriminado de agroquímicos, que cada día esta contaminado los suelos, las aguas, los animales, en general la salud humana. En tal sentido, el Gobierno Nacional ha impulsado la creación de una Red de Laboratorios de Diagnósticos Fito - Zoosanitario y de Bioinsumos a nivel nacional, bajo la coordinación del Servicio Autónomo de Sanidad Agropecuaria; ubicados en sitios estratégicos para atender el campesinado Venezolano. En el estado Mérida, se han establecido cuatro laboratorios (Laboratorio de Diagnóstico “La Victoria”, Laboratorio de Biofertilizantes “San Francisco de Asís”, Laboratorio de Biocontroladores “San Benito”, Laboratorio de Atención Fito y Zoosanitaria “San Isidro Labrador”), impulsando cada uno de ellos la utilización de técnicas y alternativas Agroecológicas, mediante el uso de Biofertilizantes Microbianos Fijadores de Nitrógeno y Solubilizadores de Fósforo, el Control Biológico (*Trichoderma*, *Bacillus thuringiensis*, entre otros), el diagnóstico oportuno y preventivo de diferentes plagas y enfermedades, y por último la instalación de parcelas demostrativas e intercambio de saberes científico-ancestral, con campesinos de diferentes comunidades. El establecimiento de las diferentes técnicas agroecológicas ha permitido atender aproximadamente 4250 campesinos, contribuyendo a la implementación de una agricultura más sana que se pueda mantener en el tiempo, elevar la calidad de vida de los campesinos y del medio ambiente

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Tatiana Paredes*

País: Ecuador

Email: gorodriguez@puce.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

UTILIDAD DE LA TÉCNICA MOLECULAR PCR-RESTRICTION ENZYME ANALYSIS (PRA) EN EL ECUADOR

Paredes Tatiana, Murer Theo, Zurita Jeannete, Rodríguez Mora Oswaldo

RESUMEN: Las infecciones por micobacterias atípicas son relevantes en la patología infecciosa y clínica a nivel mundial. En el Laboratorio de Tuberculosis del Hospital Vozandes Quito, desde el año 2003 hasta el 2008, se han aislado 28 cepas de micobacterias atípicas, siendo las micobacterias aisladas con mayor frecuencia *M. chelonae* y *M. fortuitum*. Todas las cepas fueron identificadas mediante métodos microbiológicos clásicos, basados en morfología de colonias en cultivo y pruebas bioquímicas. Estos métodos pueden tomar varios días, y aún así, en algunos casos no se logra identificarlos correctamente debido a que los protocolos disponibles no cuentan con la especificidad para determinar las más de 96 especies de micobacterias existentes. Por esta razón, se decidió implementar la técnica molecular de PCR Restriction Enzyme Analysis (PRA) para la identificación de micobacterias atípicas como un método de apoyo diagnóstico eficaz que reduce el tiempo de resultado a apenas dos días. La técnica PRA se basa en la amplificación del gen *hsp65*, el mismo que se encuentra en todas las especies del género *Mycobacterium*. Los amplicones generados son digeridos mediante enzimas de restricción *BstEII* y *HaeIII*. Los fragmentos resultantes son interpretados mediante algoritmos y su comparación con patrones encontrados en la base de datos en línea PRA-SITE. Los resultados obtenidos analizados en conjunto con las características de crecimiento y pigmentación constituyeron una herramienta adecuada para ofrecer un diagnóstico certero, rápido y asequible.

DETALLE DE RESUMEN

Autor: Cecilia Cruz*

País: Ecuador

Email: gorodriguez@puce.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DETECCIÓN DE LOS GENOTIPOS *CAG*, *BABA2* Y *VACA* DE *HELICOBACTER PYLORI* EN PACIENTES ECUATORIANOS

Cruz Betancourt Cecilia, Sislema Fernanda, Vallejo Virginia, Mora Fernanda, Estrella Bertha Rodríguez Mora Oswaldo

RESUMEN: *Helicobacter pylori* es una bacteria que coloniza el estómago en más del 50% de la población mundial. Su presencia se ha asociado con diferentes patologías gástricas como gastritis crónica atrófica, metaplasia intestinal y cáncer gástrico. Varios genes de virulencia están relacionados con la presencia de estas patologías, entre éstos los más importantes son *cagA*, *babA2* y *vacA*. Se realizó un estudio en el que se enrolaron 184 pacientes quienes voluntariamente aceptaron su participación en el mismo. Los sujetos de estudio incluyeron a 103 mujeres y 81 hombres, con un promedio de edad de 47.8 años (rango 15 a 86 años). De los 184 pacientes, se encontró que el 63% de los pacientes fueron positivos para *H. pylori* por medio de Histopatología y 76% por medio de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), demostrando un incremento significativo en la detección de la infección gástrica por esta bacteria por el método molecular PCR. Además, mediante PCR se evaluaron los genotipos *cagA*, *babA2* y subtipos de *vacA* de *H. pylori*. La frecuencia del gen *cagA* fue de 29.5%, los genes *vacAs1* y *vacAs2* fueron detectados en 36% y 12.2% respectivamente, los genes *vacAm1* y *vacAm2* fueron detectados en 43.9% y 20.9% respectivamente, y el gen *babA2* se detectó sólo en 2.2% de los pacientes. Se encontró una correlación estadísticamente significativa de los genes *cagA* y *vacAs1* con la presencia de metaplasia intestinal. Sin embargo, no tuvieron correlación significativa con otras patologías gástricas. Para los genes *babA2*, *vacAs2*, *vacAm1* y *vacAm2* no se encontró una correlación significativa con algún tipo de patología gástrica. Este estudio demostró que los genes de virulencia de *H. pylori* encontrados en Ecuador difieren de los encontrados en cepas de Brasil, Chile y Colombia. Esto sugiere que las cepas de *H. pylori* son diferentes entre regiones geográficas y que deben realizarse estudios de la relación de estos genes con patologías gástricas en cada país.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Cristina Manca de Nadra*

País: Argentina

Email: mcmanca@fbqf.unt.edu.ar

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

COMBINACIÓN DE POLIFENOLES SOBRE LA VIABILIDAD DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* EN UN SISTEMA DE ALIMENTO

Rodríguez Vaquero María José, Manca de Nadra María

RESUMEN: En alimentos, la tendencia actual es el uso de productos antimicrobianos naturales para su preservación debido a la resistencia microbiana a conservantes tradicionales. Los compuestos fenólicos están ampliamente distribuidos en el reino vegetal. En trabajos previos, demostramos que las combinaciones de ácidos gálico-protocatéquico, gálico-cafeico y quercetina-rutina son óptimas para inhibir sinérgicamente el crecimiento de *Listeria monocytogenes* en medio de cultivo. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto antibacteriano de las combinaciones mencionadas sobre la viabilidad celular de *L. monocytogenes* en alimento. Las combinaciones se adicionan en concentraciones de 100 y 200 mg/l (50:50 v/v) en carne vacuna inoculada con *L. monocytogenes* (109 ufc/ml) y se incuban a 20 y 4°C, 21 días. El número de células viables se determina por el método de diluciones sucesivas en medio selectivo Palcam a distintos tiempos de incubación. Se realiza un control sin compuestos fenólicos. A 20°C, 100 mg/l de las combinaciones inhiben el crecimiento microbiano sin producir muerte celular. El máximo efecto inhibitorio (43,4%) corresponde a la mezcla rutina-quercetina. Con 200 mg/l las combinaciones de ácidos gálico-cafeico y rutina-quercetina producen muerte celular, disminuyendo 1,3 y 2 ciclos log el número de células inoculadas, respectivamente. La mezcla de ácidos gálico-protocatéquico presenta efecto inhibitorio del 41,4% con respecto al control. A 4°C, la adición de las distintas combinaciones ensayadas produce muerte celular independientemente de la concentración. Las mezclas más efectivas son ácidos gálico-cafeico y quercetina-rutina a concentración de 200 mg/l, no detectándose células viables en 14 días. Los resultados demuestran la posibilidad de utilizar combinaciones de compuestos fenólicos, especialmente mezclas de quercetina-rutina y ácidos gálico-cafeico, como biopreservativos naturales de alimentos.

DETALLES DEL RESUMEN

Autor: Doris Esther Gómez Camargo*

País: Colombia

Email: degomez@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

EFFECTO DEL CLORURO DE SODIO SOBRE AISLADOS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* MULTIRRESISTENTE DE PACIENTES CON FIBROSIS QUÍSTICA

Baena Javier, Arrieta Melissa, Gómez Doris, Gómez Claudio

RESUMEN: Antecedentes del estudio: *Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno oportunista que coloniza los pulmones de pacientes con Fibrosis Quística (FQ), asociándose con la alta mortalidad de la enfermedad. La terapia inhalada con solución salina hipertónica es una medida costo–efectiva que facilita el aclaramiento mucociliar, optimizando la función pulmonar. En algunos estudios con solución salina hipertónica se ha visto una disminución en formación de biopelículas. El objetivo fue determinar el efecto de la solución salina hipertónica sobre el crecimiento de *P. aeruginosa* multirresistente. La utilidad es contribuir a la evaluación del uso de estos aerosoles en pacientes con FQ. Métodos utilizados: Se obtuvieron 17 aislados de *P. aeruginosa* en esputo de pacientes con FQ, identificadas por métodos bacteriológicos convencionales, se realizó una suspensión de bacterias de 1×10^8 unidades formadoras de colonia (UFC) por mililitro, incubando 50 μ L de esta suspensión en solución salina al 0.9%, 1%, 3%, 5%, 7% durante 15, 30 y 60 minutos, se utilizó como control la misma concentración de bacteria con agua destilada estéril. Posterior al cumplimiento de estos tiempos de incubación, se sembraron 5 μ L de cada tratamiento en medio sólido, incubando por 24 horas a 37°C, se realizó el conteo en el contador de colonias. Resultados: Se encontró una disminución del número de colonias viables proporcional a la concentración de solución salina, así las soluciones al 0.9%, 1%, 3%, 5%, 7% y el control tuvieron 93%, 85%, 87%, 84%, 75% y 100% UFC para los 15 minutos de tratamiento. 91%, 84%, 86%, 83%, 73% y control 100% a 30 minutos. 81%, 85%, 75%, 75%, 71%.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Alejandra Aquino*

País: México

Email: aquinoa26@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DETECCIÓN FENOTÍPICA DEL SISTEMA DE EFLUJO MEXCD-OPRJ Y CAMBIOS EN EL REGULADOR *NFXB* EN CEPAS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* RESISTENTES A FLUOROQUINOLONAS PROVENIENTES DE DOS HOSPITALES DE LA CIUDAD DE MÉXICO

Aquino Andrade Alejandra, Ribas Aparicio Rosa, Filio Rodríguez Georgina, Aparicio Ozores

RESUMEN: La resistencia a fluoroquinolonas en cepas mexicanas de *Pseudomonas aeruginosa* es un fenómeno común en el ambiente intrahospitalario. El presente trabajo tiene como objetivo relacionar dicha resistencia con la actividad del sistema de eflujo MexCD-OprJ. **Métodos:** Se seleccionaron 16 cepas de origen clínico resistentes a fluoroquinolonas utilizando el método de microdilución en caldo. Se realizó la detección fenotípica del sistema MexCD-OprJ utilizando el inhibidor MC-207,110. Mediante PCR se amplificó el gen regulador *nfxB*. Las secuencias de *nfxB* fueron analizadas para la detección de cambios. **Resultados:** La resistencia encontrada para las 16 cepas fue para ciprofloxacina ≥ 4 $\mu\text{g/ml}$, gatifloxacina ≥ 8 $\mu\text{g/ml}$, levofloxacina ≥ 8 $\mu\text{g/ml}$ y ≥ 16 $\mu\text{g/ml}$ ofloxacina. En presencia del inhibidor MC-207,110 las 16 cepas disminuyeron la CIM a eritromicina en al menos dos diluciones dobles. Adicionalmente se localizó un cambio en la secuencia de *nfxB* (G56→D) el cual ha sido reportado como importante en la sobreexpresión de MexCD-OprJ. **Conclusiones:** El fenómeno de resistencia a fluoroquinolonas que presentan las cepas evaluadas se relaciona con la disminución de la CIM de uno de los sustratos de MexCD-OprJ en presencia del inhibidor MC-207,110 y con cambios en la secuencia del regulador de este sistema de eflujo en cepas de origen clínico.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Liliana Berrocal*

País: Chile

Email: l.berrocal@uandresbello.edu

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

LA FIMBRIA STG DE *SALMONELLA TYPHI* PARTICIPA EN LA INTERACCIÓN DE LA BACTERIA CON CÉLULAS EPITELIALES POLARIZADAS

Berrocal Liliana, Fuentesvilla Ignacio Bittner, Mauricio Mora Guido

RESUMEN: Las fimbrias de bacterias entéricas, incluyendo el género *Salmonella*, han sido descritas como importantes factores de virulencia que actúan en adherencia a distintos tipos de tejidos o células dentro de determinados hospederos. *Salmonella enterica serovar Typhi*, agente causal de la fiebre tifoidea exclusivamente en el ser humano, tiene una docena de operones fimbriales de la familia chaperona-usher en su genoma, entre ellos *stgABCD* que no está en *S. Typhimurium*, serovar que produce una infección equivalente a la fiebre tifoidea pero en el ratón. Estos operones han sido pobremente caracterizados debido a que aparentemente no se transcriben in vitro. Sólo se sabe que su expresión estaría finamente regulada, por lo que, uno de los objetivos de este trabajo fue caracterizar la regulación de la transcripción de *stgABCD*. Utilizando una fusión transcripcional con el gen reportero *lacZ*, se ensayaron una serie de condiciones que emulan los distintos ambientes con los que se encuentra la bacteria durante su ciclo infectivo, pero no se encontró actividad en ninguna de ellas, lo cual se confirmó por ensayos de RT-PCR. Estos resultados sugirieron que la transcripción de este operón estaría fuertemente reprimida in vitro o que su nivel está por debajo de los límites detectables por las técnicas utilizadas. Sin embargo, en ensayos de migración transepitelial realizados en células HT-29 polarizadas, la expresión heteróloga del operón *stgABCD* en *S. Typhimurium 14028s* modificó el fenotipo de esta cepa, observándose un fenotipo similar al de la cepa silvestre *S. Typhi STH2370*. Esto sugirió, que la fimbria Stg sí se expresa al tomar contacto con células del hospedero y participa en la interacción de la bacteria con éstas. Agradecimientos: Proyectos FONDECYT 1060999 y UNAB DI-11-06/I.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Javier Adolfo Hernández Fernández*

País: Colombia

Email: javier.hernandez@utadeo.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

BIODIVERSIDAD DE GENES DE LA FAMILIA *CRYI* CON ACTIVIDAD ANTILEPIDÓPTERA EN CEPAS NATIVAS DE *BACILLUS THURINGIENSIS* AISLADOS DEL ECOSISTEMA MANGLAR, CIÉNAGA GRANDE DE SANTA MARTA, CARIBE COLOMBIANO

Bolívar Blanca, Echeverri Ángela ,Hernández Javier

RESUMEN: Los métodos químicos hoy utilizados para el control de las plagas agrícolas están produciendo una gran controversia ante el masivo impacto ecológico que han generado, por lo cual, desde hace algunos años se promueven nuevas soluciones que incluyen el empleo de agentes de control biológico dentro de programas de manejo integrado de plagas (MIP). *Bacillus thuringiensis* (Bt) es una bacteria entomopatógena, que lidera el mercado mundial de bioplaguicidas; se caracteriza por poseer plásmidos que contienen una gran diversidad y variabilidad de genes *cry*, los cuales codifican proteínas insecticidas llamadas proteínas Cry, que son utilizadas comúnmente para el control de insectos lepidópteros en una amplia gama de cultivos agrícolas. En la actualidad, se conocen 424 genes *cry*, clasificados en 55 familias y 121 subgrupos. Entre estos, los genes *cryI* son los más frecuentes en todo el mundo. Recientemente, varios estudios han demostrado la presencia de genes *cry* en el ecosistema de manglar, sin embargo, en la actualidad no hay estudios de caracterización de aislados de Bt, en manglares de América. Se evaluó molecularmente la biodiversidad de genes específicos de la familia *cryI* (*cryIAa*, *cryIAb*, *cryIAd*, *cryIAc*, *cryIB*, *cryIC*, *cryID*), de Bt con actividad antilepidóptera de 114 cepas nativas de *Bacillus thuringiensis* provenientes del ecosistema de manglar de la Ciénaga Grande de Santa Marta por medio de M-PCR. Los resultados previos mostraron 74 cepas positivas para la presencia de genes *cryI* (65%) y una gran biodiversidad dentro de esta familia de genes con representación de la mayoría de los *cryI* específicos. Esta metodología permite determinar la biodiversidad de genes *cryI* existente en cepas nativas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Silvia Eugenia Barrera Berdugo*

País: Colombia

Email: silviaebarrera@tux.uis.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

DIVERSIDAD DE HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES ASOCIADOS A *ELAEIS GUINEENSIS* EN SANTANDER

Silvia Eugenia Barrera Berdugo*, Colombia.

RESUMEN: La Palma de aceite es una planta que presenta una asociación simbiótica con hongos micorrízicos arbusculares (HMA) nativos en su hábitat natural y se ha planteado que es funcionalmente dependiente de ellos, ya que plántulas en suelo estéril no se desarrollan si no están colonizadas por este tipo de microorganismos. Las especies de esporas de HMAs presentes en 16 sitios, entre 4 departamentos Barrancabermeja, Puerto Wilches, Rionegro y Sabana de Torres fueron aisladas e identificadas. Fue calculada la riqueza, el índice de Shannon y Simpson y se determinó el número de esporas y el porcentaje de colonización. Se hizo una correlación de Spearman entre las especies identificadas, pH, %MO y P. Diez especies de HMA fueron observadas entre todos los sitios de muestreo entre *Glomus* y *Acaulospora*. *Glomus* sp1 es el más abundante con 127 esporas aisladas. Sabana de Torres y Barranca fueron las localidades con el mayor número de especies, 7 por cada una. El conteo de esporas varió entre 5 y 23 esporas por gramo de suelo seco. No se presentaron diferencias significativas entre las distintas localidades. El número de esporas aislado aquí, fue más alto que el reportado para otros cultivos de interés comercial como cacao y maíz. No se presentaron diferencias significativas en el porcentaje de colonización que varió entre 40.41% y 31.3%. Se presentaron diferencias significativas para el índice de Simpson entre Barrancabermeja y Sabana de Torres ($p=0.020$). El número de espóra de *Glomus geosporum* resultó correlacionado negativamente con el pH (-0.540) y el porcentaje de materia orgánica del suelo (-0.568). En este trabajo, se pudo concluir que la localización geográfica de las plantaciones de palma de aceite con sus condiciones edáficas no influyó en la composición de especies de comunidades de HMAs, a excepción de la especie *G. geosporum* que se vio afectada por el pH y el contenido de materia orgánica del suelo.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Flor Elizabeth Vázquez Jiménez*

País: Otro

Email: chayocobain@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CITOTOXICIDAD DE *HAEMOPHILUS INFLUENZAE* EN CULTIVOS CELULARES

Flor Elizabeth Vázquez Jiménez*

RESUMEN: Antecedentes: *Haemophilus influenzae* (Hi), bacteria Gram negativa que causa infecciones en vías respiratorias altas. En estudios realizados en el Laboratorio de Bacteriología Médica, ENCB-IPN, se analizaron cepas Hi determinando su patrón de adherencia en células HEp-2; sin embargo, se observó citotoxicidad con formación de vacuolas en las células, pudiendo relacionarse con factores de virulencia de la bacteria. Objetivo: Demostrar el efecto citotóxico de Hi en cultivo celular, partiendo de sobrenadantes de cultivo y relacionarlo con la presencia del gen *hap* o la isla genómica ICEHin1056. Materiales: 27 sobrenadantes de cepas Hi, sobrenadante testigo + *Escherichia coli* 933w, testigo negativo (medio BHI), líneas celulares HEp-2 y CHO. Métodos: Obtención de sobrenadantes, determinación de proteínas (método de Bradford), ajuste de proteínas (0.15-0.20 mg/mL), ensayo de citotoxicidad, titulación del efecto, dosis citotóxica 50%, tinción de vacuolas con rojo Neutro, viabilidad celular con azul tripano y PCR (identificación de *hap* e ICEHin1056). Resultados: Los 27 sobrenadantes Hi y el de *Escherichia coli* provocaron vacuolización en el citoplasma de las células, disminuyó la confluencia y presentaron cambios morfológicos (arredondamiento). Con los testigos negativos no hubo efecto aparente. Se determinó la DC50% en las células HEp-2, de las cepas Hi ATCC 33930 y Hi 107 en la dil. 8.39×10^{-4} y 6.1×10^{-4} y con las CHO, en la dil. 8.4×10^{-4} y en 4.05×10^{-4} respectivamente. Las vacuolas incorporaron el rojo neutro indicando su naturaleza ácida y origen endocítico. Los ensayos de viabilidad mostraron que los sobrenadantes Hi producen un % > 50 de muerte celular. La isla genómica se identificó en 29.6% de las cepas y el gen *hap* en 100%. Conclusión: Los sobrenadantes Hi producen efecto vacuolizante en células HEp-2 y CHO, vacuolas ácidas de origen endocítico, probablemente con un papel importante en la patogenicidad de Hi, aún no descrito, y relacionarse con la presencia de *hap*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Lucía Lourdes Martínez Martínez*

País: México

Email: cicimebio@uabjo.mx

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE ESPECIES DE *MYCOBACTERIUM* DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS DEL ESTADO DE OAXACA, MÉXICO

Santiago Pineda Adela, García Cortes Carlos, Martínez Martínez Lucía

RESUMEN: El género *Mycobacterium* incluye 127 especies entre oportunistas, saprofitas y patógenas, las causantes de la tuberculosis son agrupadas en el Complejo *Mycobacterium tuberculosis* (CMtb). Infecciones por micobacterias no tuberculosas han aumentado considerablemente debido a la infección por el VIH. Por el interés clínico, en términos de estrategias para el tratamiento y las aplicaciones epidemiológicas, la diferenciación de especies es importante. En el presente trabajo, se amplificó mediante PCR la secuencia de inserción 6110, el gen *16S ribosomal (16S rRNA)* y el gen *rpoB*, seguido de la digestión del gen *16S rRNA* con 4 enzimas, así como, la secuenciación de 3 marcadores genéticos. De las 118 muestras del estudio, 49 amplificaron la IS6110, obteniendo una banda de 245 pb como producto de PCR. Del total de muestras positivas a la IS6110, 25 muestras amplificaron la banda de 1,436 pb correspondiente al gen *16S rRNA*, de estas muestras positivas, el 68%(17) fueron digeridas con las enzimas de restricción *HaeIII*, *BstEII*, *MspI* y *PvuII*. Los resultados muestran que el 41.5% de los pacientes fueron colonizados por especies del CMtb, debido a la amplificación de la IS6110, fragmento específico de las especies de este Complejo. Además, los aislados clínicos y las cepas de referencia presentaron el mismo patrón de restricción con las 4 enzimas manejadas, indicando que estos aislados pertenecen a alguna especie del CMtb. Existe la posibilidad de que algunos pacientes fueran colonizados por especies no tuberculosas, lo que, se consideraría como un factor que influya en la respuesta al tratamiento. La secuencia de 6 aislados, mostró mediante BLAST la similaridad (96-100%) con miembros del CMtb. Dos aislados mostraron un 100% de similaridad con una especie no cultivable de *Mycobacterium*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María del Rocío López*

País: México

Email: r.lopezalvarez@yahoo.com.mx

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ANÁLISIS MOLECULAR DE MICOBACTERIAS AISLADAS DE PACIENTES CON VIH-SIDA

López María del Rocío, Rivera Sandra, Cerna Jorge Francisco, González Jorge Alberto

RESUMEN: Antecedentes: Últimamente hay un incremento de casos de tuberculosis (TB), debido al descuido de los programas de TB, aumento de *M. tuberculosis* multidrogoresistentes y gran número de personas infectadas por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). La TB es la primera causa de muerte en estos pacientes en los que se han aislado tanto micobacterias del complejo tuberculosis (CMT), como micobacterias no tuberculosas (MNT). Se colectaron cepas de 4 hospitales en la Cd. de México pertenecientes sólo a pacientes VIH/SIDA para determinar las cepas de CMT y MNT más frecuentemente aisladas y agrupar las cepas de CMT mediante RFLP (IS6110) y espoligotipificación. Métodos utilizados: Se hicieron dos PCRs: una para identificar *Mycobacterium* y diferenciar *M. bovis* de *M. tuberculosis* y otra para identificar al CMT. Se secuenció la región V2 de las MNT para identificar la especie, se agruparon las cepas de *M. bovis* y *M. tuberculosis* por RFLP usando como sonda a la secuencia de inserción 6110 y se agruparon las cepas de *M. tuberculosis* y *M. bovis* mediante espoligotipificación. Resultados: De 80 cepas: 59 (73.8%) pertenecieron a *M. tuberculosis*, 10 (12.5%) a *M. bovis*, 10 (12.5%) a *M. avium* y (1.2%) a *M. intracellulare*. Origen de las cepas de *M. tuberculosis*: el 51% fueron cepas de origen pulmonar y 49% extrapulmonar. *M. bovis*: 30% fueron de origen pulmonar y 70% extrapulmonar. *M. avium*: el 80% de las cepas fueron extrapulmonares y sólo 20% pulmonares. Los espoligotipos de *M. bovis* muestran una gran diversidad genética al igual que los RFLP de *M. tuberculosis*. De *M. tuberculosis*, mediante espoligotipificación, se identificaron dos grupos con 10 cepas cada uno: uno perteneciente a la familia latinoamericana y mediterránea y otro a la familia T. Conclusiones: Se aisló un alto porcentaje de cepas del CMT. El mayor porcentaje de MNT correspondió a cepas extrapulmonares, al igual que *M. bovis*. Tanto los espoligotipos, como los RFLP muestran una amplia diversidad genética en este tipo de pacientes.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Jorge Marquina*

País: Venezuela

Email: andezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CALIDAD MICROBIOLÓGICA DEL AGUA DE LOS DISPENSADORES DE AGUA POTABLE

Marquina Jorge*, Laboratorio de Microbiología del agua, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela.

Araque Judith, Morillo Alba, Andueza Félix

RESUMEN: El presente trabajo tuvo como finalidad evaluar la calidad microbiológica del agua suministrada por los dispensadores de agua potable presentes en los ambientes de la Facultad de Farmacia y Bioanálisis de la Universidad de los Andes. Se analizó semanalmente, por espacio de un mes, el agua proveniente de un total de 10 de dispensadores de agua potable, determinándose en cada uno de ellos el recuento de bacterias aerobias mesófilas y coliformes totales por el método de filtración en membrana, utilizando las láminas hidratables Petrifilm (3M). La presencia de *Pseudomonas* se investigó mediante la técnica de filtración en membrana, empleando el agar Cetriuida. Del total de muestras de agua analizadas, únicamente 10 presentaron valores en los recuentos de bacterias aerobias mesófilas superiores a 102 UFC/ml, representando un 25% de total de muestras estudiadas. En ninguna de las muestras analizadas se logró detectar bacterias del grupo de los coliformes. En lo que respecta a la presencia de *Pseudomonas*, en cuatro de las muestras evaluadas se logró el aislamiento de cepas de esta bacteria aunque en un número muy bajo. Se concluye que la calidad microbiológica del agua de los dispensadores de agua potable presente en las instalaciones de la Facultad de Farmacia y Bioanálisis de la Universidad de los Andes es buena, aunque, se recomienda hacer un lavado y limpieza de los filtros dos veces al mes, de manera que, se pueda prevenir la transmisión de bacterias que podrían poner en riesgo la salud del público usuario.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Gian bellomo*

País: Venezuela

Email: andezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CALIDAD MICROBIOLÓGICA DEL AMBIENTE DE FÁBRICAS DE ALIMENTOS ARTESANALES DE LA CIUDAD DE MÉRIDA

Bellomo Gian*, Laboratorio de Microbiología de los Alimentos, Facultad de Farmacia, Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela.

Marquez Luis , Torres Edgar, Bentancourt María, Rosas Cecilia, Morillo Alba, Araque Judith

RESUMEN: En las pequeñas empresas productoras de alimentos a pesar de utilizar los implementos requeridos para controlar la carga microbiana del ambiente, siempre existe la posibilidad de encontrar microorganismos en el área de trabajo que pueden causar deterioro del alimento. Tomando en consideración lo antes señalado, se realizó el presente trabajo cuyo objetivo fue determinar la carga microbiana presente en los ambientes de fábricas de alimentos artesanales. Se analizaron cinco empresas ubicadas en el Municipio Libertador del Estado Mérida, Venezuela. El parámetro seleccionado para este estudio fue el recuento de mohos y levaduras. Se hidrataron láminas de Petrifilm y éstas fueron expuestas en diversas zonas del área de trabajo de las distintas empresas, durante un tiempo de 10 minutos. Posteriormente, se incubaron a 25°C por 72 horas y luego se realizó el conteo de colonias de mohos y levaduras y se expresaron los resultados como UFC/placa/minuto. Los resultados obtenidos para la primera empresa, indican un recuento promedio de mohos y levaduras de 151 UFC/placa/minuto con un rango de 30 a 200 UFC/placa/minuto. En lo que respecta a la segunda empresa, se obtuvo un recuento promedio de mohos y levaduras de 0,45 UFC/placa/minuto con un rango de 0,45 a 1,2 UFC/placa/minuto. Los datos obtenidos en la tercera empresa indican un recuento promedio de mohos y levaduras de 50 UFC/placa/minuto con un rango de 0,1 a 200 UFC/placa/minuto. Para la cuarta empresa, se obtuvo un recuento promedio de 0,22 UFC/placa/minuto con un rango de 0,1 a 0,3 UFC/placa/minuto y para la quinta empresa el recuento promedio de mohos y levaduras fue de 50,4 UFC/placa/minuto con un rango de 0,1 a 200 UFC/placa/minuto. El estudio realizado evidenció que en la mayoría de los ambientes analizados es más persistente la presencia de mohos que de levaduras, y que en algunas de estas empresas las condiciones microbiológicas del ambiente podrían afectar la producción de alimentos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Leibi Guerrero*

País: Venezuela

Email: andezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CALIDAD MICROBIOLÓGICA DE LA LECHE CRUDA BOVINA PRODUCIDA EN SOCOPÓ ESTADO BARINAS

Guerrero Leibi*, Laboratorio de Microbiología de los Alimentos, Facultad.de Farmacia, Universidad de los Andes, Venezuela.

Guillen María,Araque Judith,Andueza Félix

RESUMEN: En Venezuela, especialmente en las áreas rurales, donde prevalecen condiciones socioeconómicas precarias y existe una ausencia de hábitos de higiene, la población consume en su mayoría leche y productos lácteos sin ningún tipo de tratamiento térmico, por lo que, el riesgo de contraer infecciones microbianas es alto. El presente trabajo se realizó con el objetivo de determinar la calidad microbiológica de la leche cruda producida en el sector de Socopó del Edo. Barinas. Se analizaron un total de 20 muestras tomadas de manera aséptica de los tanques de enfriamiento. La finalidad fue determinar la calidad microbiológica, a través del recuento de bacterias aerobias mesófilas, coliformes totales y presencia o ausencia de *Staphylococcus aureus*, utilizando la metodología de siembra en placas rehidratables Petrifilm según lo señalado por la FDA (1998). Las bacterias aerobias mesófilas se detectaron en el 100% de las muestras analizadas con valores en el recuento entre $2,0 \times 10^3$ y $> 2,0 \times 10^7$ UFC/ml. Se detectó la presencia de *S. aureus* en el 65% de las muestras, con valores mayores a $6,4 \times 10^3$ UFC/ml en todos los casos. Los coliformes totales se presentaron con valores por encima de 5×10^3 UFC/ml en el 80 % de las muestras, con un rango de < 10 a $> 2,0 \times 10^4$ UFC/ml. Los resultados obtenidos evidencian que el 45% de las muestras clasificarían, de acuerdo a la normativa venezolana, como leche tipo A, un 20% como tipo B y un 35% sin clasificación. Se recomienda realizar programas preventivos y de educación sanitaria para mejorar la calidad de la leche cruda producida en la región de Socopó del Estado Barinas, Venezuela.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Luis Marquez*

País: Venezuela

Email: anduezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CARGA MICROBIANA DE LOS BILLETES DE CIRCULACIÓN EN VENEZUELA

Marquez Luis, Torres Edgar, Bentancourt María, Bellomo Gian, Rosas Cecilia, Morillo Alba, Araque Judith

RESUMEN: El dinero viene siendo utilizado por el hombre desde la época de la edad media como un sistema económico de intercambio. En la mayoría de los países del mundo, el dinero se maneja en forma de billetes. La mayoría de las personas sin importar la raza, el color o la posición social a la que pertenezca entran en contacto con este tipo de papel moneda que se puede convertir en el hogar de muchas bacterias y microorganismos. Existen estudios que demuestran la presencia de bacterias como *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa* en monedas y billetes. En nuestro país no existen reportes al respecto. Tomando como base lo expresado anteriormente, se planteó el presente trabajo cuyo objetivo fue determinar la carga microbiana que está presente en los billetes venezolanos. Para ello, se analizaron 10 billetes de distintas denominaciones recolectados en diversos comercios de la ciudad de Mérida. Se les realizó el recuento de bacterias aerobias mesófilas utilizando las láminas hidratables Petrifilm (3M). Se utilizó una metodología donde cada uno de los billetes se sumergió en una bolsa de plástico estéril que contenía 10 ml de agua peptonada al 0,1%. Posteriormente, cada una de las bolsas fue sometida a un masaje manual para liberar las bacterias que estuviesen adheridas a los billetes. Luego, se tomó 1ml del líquido de lavado y se inoculó en láminas de Petrifilm para el recuento de bacterias aerobias mesófilas, incubándose las mismas a 30° C por 48 horas. Se obtuvo crecimiento bacteriano en el 100% de las muestras de billetes analizados y los valores en el recuento de las bacterias aerobias mesófilas varió entre $2,0 \times 10^2$ UFC/ml a $> 2,0 \times 10^4$ UFC/ml. Los resultados del contenido microbiano de billetes analizados en otros países muestran datos similares. Los hallazgos muestran al papel de los billetes como potencial vehículo en la transmisión de bacterias, entre ellas las patógenas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Cecilia Rosas*

País: Venezuela

Email: anduezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PRESENCIA DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* EN LAS MANOS DE OPERARIOS DE FÁBRICAS DE ALIMENTOS ARTESANALES

Rosas Cecilia, Bentancourt María, Bellomo Gian, Marquez Luis, Torres Edgar, Morillo Alba, Araque Judith

RESUMEN: La intoxicación por *Staphylococcus aureus* se ha considerado, a nivel mundial como la segunda causa de enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), después de las producidas por *Campylobacter*. La intoxicación causa gastroenteritis con síntomas como náuseas, vómito y dolor abdominal. Los alimentos pueden contaminarse por manejo inadecuado o malas condiciones de producción y almacenamiento, o ambas. La causa más frecuente de contaminación, se debe a los operarios que preparan y sirven los alimentos, debido a que *S. aureus* forma parte de la flora usual de la nasofaringe y piel sin causar necesariamente enfermedad en humanos. Tomando en consideración lo antes señalado, se realizó el presente trabajo cuyo objetivo fue determinar la presencia de *Staphylococcus aureus* en las manos de los operarios de cinco fábricas de alimentos artesanales del Estado Mérida. Se determinó la presencia de *S. aureus* mediante la utilización de placas con el medio de cultivo agar Baird Parker. La muestra se tomó por contacto directo del medio de cultivo con la mano de uso predominante del operario por un tiempo de 5 minutos. Posteriormente, se incubaron las placas a 37° por 48 horas. Finalizado el tiempo de incubación se realizó la identificación y conteo de las colonias sospechosas. En el 80% de las empresas estudiadas se logró detectar en las manos de sus operarios células de *Staphylococcus aureus*. De la misma forma, de un total de 23 operarios analizados, se logró aislar e identificar células de *Staphylococcus aureus* coagulasa positiva de las manos de 14 de ellos, lo que correspondió a un 60,9% del total analizado. Los resultados obtenidos señalan la necesidad de realizar estudios permanentes en los manipuladores de alimentos de las empresas dedicadas a la fabricación de alimentos de manera de prevenir brotes de intoxicaciones alimentarias por *Staphylococcus*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Paula Nicole Acosta Amador*

País: Colombia

Email: pa-acost@uniandes.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y BIOINFORMÁTICA DE LOS MOTIVOS DE FOSFORILACIÓN PRESENTES EN EL C-TERMINAL DE LA PROTEÍNA CAGA DE *HELICOBACTER PYLORI*

Paula Nicole Acosta Amador*, Colombia.

Carlos Jaramillo Henao

Pilar Delgado Perafán

RESUMEN: *H. pylori* se ha asociado con la presencia de varias patologías digestivas como gastritis crónica, úlcera péptica, y cáncer gástrico. Esta última patología, se destaca por ser la segunda causa de muerte por cáncer en el mundo, por lo cual, es importante tratar de conocer los diferentes factores implicados en su desarrollo. El presente trabajo constituye un acercamiento a una caracterización molecular y bioinformática de los motivos de fosforilación presentes en el extremo C-terminal de la proteína CagA, que es como un importante factor de virulencia de *H. pylori*. Cuando CagA es translocada al citosol de las células epiteliales, los motivos de tirosina (TPM) que contienen la secuencia EPIYA son fosforilados. Según se ha descrito, el estatus de fosforilación de los TPM parece asociarse a una predisposición a producir cáncer gástrico, la caracterización de estos motivos podría brindar información adicional relacionada con la génesis de ésta. El ADN genómico extraído de biopsias gástricas de pacientes colombianos con diferentes patologías gástricas fue usado para determinar la presencia del microorganismo mediante la amplificación de un fragmento del gen *16S rADN*. Para las muestras *H. pylori* positivo se llevó a cabo la amplificación mediante PCR de las regiones FR y WSR del gen *cagA*, propuestas por Yamaoka (1999). Las muestras *H. pylori* CagA positivo fueron secuenciadas y sometidas a un análisis bioinformático, el cual comprendió la determinación, cuantificación y caracterización de las repeticiones EPIYA que mostraron la existencia de diferentes polimorfismos de los TPM. Tal y como ha sido reportado para cepas de *H. pylori* en países de occidente, se observó la presencia de motivos EPIYA-A y EPIYA-B, seguidos por una a dos repeticiones de EPIYA-C, en las cepas originarias del Tolima, Colombia. Análisis adicionales de estas regiones del gen *cagA*, podrían determinar mejor los mecanismos implicados en el desarrollo de algunas patologías gástricas generadas por *H. pylori*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Delia Guillermina González Aguilar*

País: México

Email: gad06223@cucba.udg.mx

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Oral

DETERMINACIÓN DE SULFAMETAZINA EN CARNE DE BOVINO

González Delia*, México.

Ávalos Eduardo, México.

Rojo Federico, Argentina.

Pacheco Carlos, México.

Carlos Campos, México.

Orozco Aurora, México

RESUMEN: Introducción: El uso indiscriminado de la sulfametazina en la producción bovina puede causar la presencia de residuos en los tejidos destinados al consumo humano. Esta sustancia se ha identificado por su alto poder residual en tejidos animales. El principal impacto potencial en la salud pública es el desarrollo de resistencia antimicrobina. El objetivo del presente trabajo fue detectar residuos de sulfametazina en carne de bovino destinada a consumo humano. Metodología: Muestras de músculo y riñón de un total de 260 canales de bovino fueron recolectados de dos rastros de la zona Metropolitana de Guadalajara, Jalisco, México. Se utilizó el método microbiológico de inhibición en placa utilizando tres placas a pH 6, 8 y 7.5, esta última adicionada con trimetoprim. Se utilizó un agar inoculado con el *Bacillus subtilis* BGA (ATCC 6633). Las placas se incubaron a 37°C por 24 horas. Las muestras positivas a pH 7.5 fueron seleccionadas para ser analizadas para sulfametazina con el kit de ELISA disponible comercialmente (Ridascreen® Sulfamethazin). La sensibilidad del método fue de 2.0 ppb. La lectura de los resultados se realizó con un lector de ELISA a 450 nm. Resultados: De los 260 bovinos estudiados, 52 (20%) fueron positivos. En músculo se detectaron 19 (7%) muestras positivas y en riñón 36 (14%). Se seleccionaron 25 muestras correspondientes al medio ajustado a pH 7.5 para ser analizadas en el método de ELISA. Se detectaron concentraciones de sulfametazina en 4 muestras con un promedio de 29.1 ppb en un rango de 12.9 a 71.1 ppb y una desviación estándar de 28.1. Conclusiones: Para evitar la exposición del consumidor a estos residuos es necesario establecer programas de control que evite el envío al rastro de animales conteniendo tales sustancias.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ixora Requena*

País: Venezuela

Email: ixorarequena@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

***ESCHERICHIA COLI*: PREVALENCIA Y MECANISMOS DE RESISTENCIA**

Requena Ixora, Castillo Héctor

RESUMEN: Las infecciones urinarias representan la segunda causa de morbilidad en el paciente de la tercera edad. En ellos, clínicamente las enfermedades infecciosas son producto de una etiología diferente a otros grupos de edad y puede ser atípica, inespecífica y incluso ausente. En el Estado Bolívar, Venezuela, no existen investigaciones sobre la resistencia bacteriana de *Escherichia coli* productora de infección del tracto urinario (ITU) en pacientes de la tercera edad, por ello se realizó este estudio para definir el perfil de sensibilidades y su relación con parámetros clínicos. Se diseñó un estudio transversal y prospectivo, realizado en el Laboratorio “Dr. Sócrates Medina”, Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad de Oriente, Ciudad Bolívar, Estado Bolívar, Venezuela, entre Enero del 2007 a Abril del 2008. Se realizaron urocultivos según la técnica del asa calibrada e identificación mediante métodos convencionales a todas las orinas provenientes de pacientes mayores de 60 años de edad, con sintomatología específica o no de infección urinaria. La susceptibilidad antimicrobiana y mecanismos de resistencia se realizó mediante la técnica de Bauer et al. (1967) y la CLSI (2007). La prevalencia de ITU fue del 45,10%, producida principalmente por *Escherichia coli* (43,37%; n=157) seguido de *Proteus*. El sexo femenino, portadores de sonda, diabetes mellitus, incontinencia urinaria y accidente cerebro-vascular fueron las variables estadísticamente significativas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: M.R. Guapillo*

País: México

Email: mguapillo@uv.mx

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

SISTEMA REPORTERO BACTERIANO PARA LA EVALUACIÓN DE OLIGODESOXINUCLEÓTIDOS ANTISENTIDO DIRIGIDOS CONTRA EL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO TIPO 16 (VPH-16)

Guapillo M.R, Muñoz Ramírez AMárquez Gutiérrez, M.A, Benítez Hess, Alvarez Salas.

RESUMEN: Antecedentes: Los oligonucleótidos antisentido (AS-ODNs) son una alternativa prometedora para la cura de muchas enfermedades, debido a su alta especificidad y a su estabilidad *in vivo*. Los AS-ODNs inhiben la traducción del mRNA mediante la formación de heteroduplex con el mRNA blanco, lo que permite la activación de la RNasaH y la consecuente destrucción del transcrito. Sin embargo, los AS-ODNs presentan una alta dependencia de la estructura del mRNA blanco lo que hace necesaria su evaluación *in vivo*. Para ello, se deben desarrollar ensayos que permitan la rápida evaluación *in vivo* del funcionamiento de los ODNs. Métodos: Presentamos un sistema reportero en bacterias para la rápida evaluación *in vivo* de AS-ODNs dirigidos contra el virus del papiloma humano tipo 16 (VPH-16) basado en la destrucción de un mRNA quimérico de la proteína cian fluorescente (CFP) con la secuencia blanco 410-445 de VPH-16. Resultados: Los ensayos de RNasaH confirmaron la accesibilidad al RNA blanco después del tratamiento con AS-ODNs. La expresión de CFP en bacterias *Escherichia coli* BL21 (DE3) con el plásmido pGST-TSd2-CFP que contiene la secuencia blanco de 410-445 de VPH-16 unida a CFP, fue bloqueada por AS-ODNs antisentidos transformados, pero no así por los diferentes ODNs controles. Se observó una correlación entre la disminución de la expresión de CFP en bacterias, con el descenso de la expresión del mRNA E6-E7 de VPH-16 y la inhibición del crecimiento dependiente de anclaje de células en cultivo conteniendo VPH-16. Conclusión: La inhibición de la expresión de E6-E7 de VPH-16 por AS-ODNs puede ser evaluada en modelos bacterianos a través de un sistema reportero basado en CFP.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Yelitza Zambrano*

País: Venezuela

Email: yelitza_zambrano@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

FRECUENCIA GENOTÍPICA Y MUTACIONES EN EL DETERMINANTE “a” DEL ANTÍGENO DE SUPERFICIE DEL VIRUS DE LA HEPATITIS B (VHB) EN PACIENTES CON HEPATITIS B

Zambrano Yelitza, Marrero Claudia, Martínez Daniela, Dictamen Airene, Escobar Francys, Álvarez Maritza

RESUMEN: El VHB, virus hepatotrópico, causa hepatitis y es responsable de la muerte de más de 350 millones de personas en el mundo. El VHB ha sido clasificado en genotipos y subtipos antigénicos. Se han encontrado asociaciones de estos últimos con una distribución geográfica y propiedades patógenas características. La región conocida como HBsAg, sirve como marcador serológico para el diagnóstico de la infecciones, blanco de reconocimiento de anticuerpos neutralizantes, de vacunación y de terapia con inmunoglobulinas. El VHB se replica a través de la actividad de Reversa Transcriptasa (RT) de su ADN polimerasa. Como resultado, la tasa de mutaciones de éste virus es la más alta en comparación con otros ADN-virus. Mutaciones en el determinante “a”, un epítoto conformacional del HBsAg, han sido ampliamente estudiadas y relacionadas directamente con: fallas en el diagnóstico serológicos, escapes a la vacunación y resistencia a la inmunoterapia. Se estudió la epidemiología molecular de las infecciones causadas por el VHB en pacientes infectados, para demostrar la alta tasa de variabilidad genética del VHB. Mediante PCR y secuenciación, se determinó en 32 muestras positivas a ADN de VHB, la frecuencia de genotipos y subtipos antigénicos del VHB, encontrándose el genotipo F en 69%, y el subtipo antigénico adw4 en 63%; la relación genotipo/subtipo antigénico predominante fue F/adw4 en 91%. Así mismo, se encontró 34% de mutaciones en el determinante “a” del HBsAg en las muestras estudiadas; de las cuales 18% se relacionaron con fallas en la detección de HBsAg, 18% con resistencia al tratamiento, y 18% con escape a la vacunación; el restante 46% de las mutaciones no fueron relacionadas con éstas problemáticas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Lourdes Cardozo*

País: Venezuela

Email: loucr2006@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

SUSCEPTIBILIDAD ANTIMICROBIANA EN CEPAS DE *E. COLI* NO-O157 AISLADAS DE PRODUCTOS CÁRNICOS

Cardozo Lourdes, Martínez N. Rosa, Villalobos de Bastardo Luz Bettina.

RESUMEN: *Escherichia coli* productora de shiga toxina (STEC) cuenta con aproximadamente 250 serotipos no-O157 que tienen como vehículo de transmisión más frecuente a los productos cárnicos y están asociados a enfermedades en humanos, como el síndrome urémico hemolítico (SUH). En vista de su patogenicidad, se propuso evaluar el perfil de susceptibilidad antimicrobiana de cepas no-O157 aisladas de muestras de carne bovina (35) y porcina (35) comercializadas en el Mercado Municipal de la ciudad de Cumaná, Venezuela. El aislamiento de las cepas consistió en un pre-enriquecimiento previo en caldo infusión cerebro corazón (BHI) y cultivo de las muestras en agar McConkey-sorbitol, ambos suplementados con cefixima. Las cepas obtenidas, sorbitol positivo y negativo, fueron evaluadas bioquímicamente según la FDA (1992). Las *E. coli* identificadas fueron serológicamente probadas por el kit Dryspot *E. coli* SEROCHECK y SEROSCREEN de Oxoid para serogrupos no-O157. Luego, de que las cepas que resultaron positivas a la serología, por el método de difusión en discos, se estudió el perfil de susceptibilidad para 9 antimicrobianos, ampicilina sulbactam (SAM), imipenem (IPM), sulfametoxazole trimetoprim (SXT), ceftazidime (CAZ), ciprofloxacina (CIP), tobramicina (TOB), gentamicina (CN), claritromicina (CLR) y cefixime (CFM). Se logró aislar 20 cepas de *E. coli* (sorbitol positivas) en carne bovina y 30 en carne porcina (27 sorbitol positivas y 3 sorbitol negativas). Sólo tres cepas procedentes de la carne porcina fueron positivas para la prueba de aglutinación en látex para no-O157, y éstas mostraron un patrón similar de susceptibilidad: fueron sensibles a SAM, IPM, SXT, CIP, TOB, CN, y resistentes a CLR y CFM, mientras que para el CAZ una fue resistente, otra sensible y una con susceptibilidad intermedia. Así como, en este estudio se evidencia la circulación de cepas no-O157, sorbitol positivas en carne porcina, se sugiere que los antimicrobianos SAM, IPM, SXT, CIP, TOB y CN sean considerados como de primera línea en el tratamiento de infecciones por estos patógenos, en vista de los altos valores de sensibilidad que presentaron.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Carlos Yesid Soto Ospina*

País: Colombia

Email: cysotoo@unal.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

DISCRIMINATION OF *MYCOBACTERIUM COLOMBIENSE* STRAINS FROM AIDS PATIENTS BY RANDOMLY AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA ANALYSIS

Soto Carlos Yesid, Leguizamón John Emerson, Hernández Johanna, Aranguren Martha Isabel

RESUMEN: The *Mycobacterium avium* complex (MAC) is the most common responsible of non-tuberculous disease. The novel specie *M. colombiense* is closely related to the MAC according to biochemical and molecular analysis. At present time, there is not a simple and rapid method for *M. colombiense* differentiation from other MAC strains. In this work, we use Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) analysis for molecular differentiation of *M. colombiense* strains isolated from Colombian HIV patients. Single fifteen primers with arbitrary sequence were tested to generate RAPD markers for *M. colombiense*. Three decamers (OPA 03, OPA 04 and OPE 01) allowed differential genomic amplifications of six unique fragments that distinguished *M. colombiense* from *M. avium*T. The amplicons generated by RAPD analysis have been cloned and sequenced for designing PCR specific primers. We suggest RAPD analysis as an easy and rapid method to discriminate *M. colombiense* from *M. avium* strains.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Carlos Yesid Soto Ospina*

País: Colombia

Email: cysotoo@unal.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

LIPID COMPOSITION AND DECREASED METABOLISM SUGGEST A LOW VIRULENCE OF *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* GROWN UNDER HYPOXIC CONDITIONS

Ramírez Ana Silvia, Colombia.

Soto Carlos Yesid*

RESUMEN: Proximately a third of the worldwide population is latently infected with *Mycobacterium tuberculosis*. Although latency has been linked to low oxygen tension within the host, and latent *Mycobacterium tuberculosis* has been correlated with distinct cell-wall alterations, the metabolic and structural response of mycobacteria to hypoxia and its implications in latency remains poorly characterized. In this work, mycobacteria were grown under hypoxic conditions to determine its electrochemical activity, lipid profiling and virulence level induced by oxygen starvation. The current produced by hypoxic mycobacteria was measured in the presence of the electron acceptor 2, 6-dichlorophenol indophenol (DCIP) showing that transition of mycobacteria to hypoxic state goes along with an electrochemical decrease of cell activity and indicating a decreased metabolism in hypoxic mycobacteria as expected in latency. By the other hand, lipid analysis by thin layer chromatography showed that hypoxic *M. tuberculosis* has an impaired capacity to synthesize Sulfolipid-I (SL-) and also over-express Diacylthehaloses (DAT); these methyl-branched long-chain fatty acids have long been thought to play an important role in host-pathogen interactions. In addition, we found a negative neutral-red staining of hypoxic *M. tuberculosis* H37Rv indicating a diminished virulence of tubercle bacilli in oxygen-limited environment. The obtained results indicate an interesting correlation between metabolic decrease, glycolipid composition and impaired virulence of *M. tuberculosis* growing in an oxygen-limited environment such as *M. tuberculosis* faces in latent state.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ma. Refugio Torres Vitela*

País: México

Email: torresvitela@gmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

SUPERVIVENCIA DE *ESCHERICHIA COLI O157:H7* Y *SALMONELLA THYPHIMURIUM* EN FRESAS VARIEDAD FRAGARIA ALMACENADAS A 4° Y 20°C

Torres Vitela Ma. Refugio*, México.

Olea Rodríguez María de los Ángeles

Navarro Hidalgo Verónica

Orozco Hernández Laura Ofelia

Garay Martínez Luz Eduviges

Villarruel López Angélica

RESUMEN: Antecedentes: No suelen observarse BPA y de manejo durante su cultivo, cosecha y distribución de las fresas ocasionando fuente potencial de agentes patógenos. El objetivo del trabajo fue determinar la supervivencia de *Escherichia coli O157:H7* y *Salmonella typhimurium* en fresas frescas variedad fragaria a 20 y 4° C. Metodología: Adquirimos 352 fresas procedentes de Guadalajara, Jal., Méx., 240 fresas contaminadas (inóculos 10^5 y 10^7 de UFC/mL) en la superficie *E. coli O157:H7* y *Salmonella typhimurium* resistentes a la rifampicina. En 112 fresas controles determinamos: BMA, OCT, M/ L y pH. Las fresas se almacenaron a 20° C/72 h y 4° C/120 h. Las alícuotas sembradas por S.S en agar Lactosa Sulfito Rojo de Fenol Rifampicina (LSPR) fueron incubadas a 35° C/24 h. Para determinar la microbiota asociada y pH se utilizaron métodos estándar. Resultados: Con inóculo de 10^5 y 10^7 de UFC/ml, *E. coli O157:H7* disminuyó 1.0 y 2.0 Log a las 48 h a 20° C. A 4° C disminuyó 2.7 y 1.0 Log a las 72 h. *Salmonella typhimurium* con ambos inóculos a 20° C disminuye 2.0 Log con 48 h de almacenamiento y a 4° C disminuyó 2.0 Log a las 72 h. Los recuentos iniciales de BMA, OC fueron de 2 Log incrementando 5 Log y M/L fueron de 1 hasta 4 Log a ambas temperaturas durante 72 h de almacenamiento. El pH se mantuvo en 4.49 y 4.65 a 20 y 4° C respectivamente. No se encontró una correlación significativa ($p>0.05$) entre los dos patógenos, microbiota asociada y pH. La disminución de ambos patógenos a temperatura de 4° C fue $>$ a 20° C. *E. coli O157:H7* es más sensible que *Salmonella typhimurium*. Conclusión: *E. coli O157:H7* y *Salmonella typhimurium* sobreviven en la fresa almacenada a 20 y 4° C, aun cuando la fruta pierde su frescura. Este trabajo evidencia que la fresa puede ser vehículo potencial de *E. coli O157:H7* y *Salmonella typhimurium*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Oxana Yashchuk*

País: Argentina

Email: yashchuk@cnea.gov.ar

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PRODUCCIÓN MICROBIOLÓGICA DE POLIÉSTER BIODEGRADABLE POLI-3-HIDROXIBUTIRATO (PHB) A PARTIR DE *STREPTOMYCES OMIYAENSIS SSM 5670*

Oyashchuk Oxana, Smiyazaki Silvia Susana

RESUMEN: El PHB cumple un rol importante como fuente de reserva de carbono para el crecimiento celular, biosíntesis de los antibióticos y el proceso de esporulación en algunos miembros del género *Streptomyces*. Con el medio basal y esporas de *S.omiyaensis SSM 5670* se realizaron los experimentos en erlenmeyers de 250 ml con agitación de 125 rpm a $30\pm 1^\circ\text{C}$. La acumulación de PHB se observó cualitativamente realizando las tinciones específicas con los colorantes de naturaleza lipofílica. La acumulación cuantitativa se determinó midiendo el contenido de PHB utilizando el método de espectrofotometría (235 nm), se midió la formación del ácido crotonico. Para la obtención del polímero biodegradable se estudiaron las condiciones de cultivo de fermentación de *S.omiyaensis SSM 5670*. Se optimizó la concentración de los componentes del medio seleccionado, controlando las variables del proceso. Se obtuvieron las curvas de crecimiento microbiano y contenido de PHB para las condiciones óptimas. La producción de polímero está relacionada con la limitación de oxígeno en el medio. Sin embargo, para que se inicie el proceso masivo de acumulación de biopolímero es necesario alcanzar altas concentraciones de biomasa. La máxima producción de PHB (10,5% del peso seco micelar) se obtuvo con una concentración de glucosa de 2%, ortofosfato de 3,1 g/l, sulfato de amonio de 1,5 g/l y con la relación V_m/V_r de 1/5. Se diseñó un medio de cultivo con las modificaciones surgidas del estudio de las variaciones en sus componentes. Se logró aumentar la producción de PHB en este tipo de bacterias. Sin embargo, la cepa de *S.omiyaensis SSM 5670* no es recomendable para su aplicación como cepa productora de PHAs a escala industrial, debido a la morfología micelar del crecimiento de este microorganismo.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Vidal Rodríguez Lemoine*

País: Venezuela

Email: vrodriguezlemoine@gmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

EL CENTRO VENEZOLANO DE COLECCIONES DE MICROORGANISMOS (CVCM) COMO LABORATORIO DE CARACTERIZACIÓN MOLECULAR

Rodríguez Lemoine Vidal, Vitelli Flores Juana, Lage Liset, Fajardo Ysalexia

RESUMEN: Introducción: El Centro Venezolano de Colecciones de Microorganismos (CVCM) es una colección nacional de servicio dedicada al estudio de la biología de microorganismos representativos de la diversidad de ecosistemas de la región, su conservación in Vitro, almacenamiento y distribución en escala nacional y regional. El CVCM forma parte de la Federación Mundial de Colecciones de Microorganismos (WFCC) y de Federación Latinoamericana de Colecciones de Cultivos (FELACC). Mantiene un registro abierto computarizado con más de 2700 cultivos liofilizados disponibles para entrega inmediata. Para ampliar sus funciones actuales ha creado un Laboratorio de Caracterización Molecular que ha permitido evaluar las colecciones del sistema CVCM, y para prestar servicio de identificación molecular en Venezuela. Objetivos: Caracterización molecular de las colecciones de bacterias preservadas en el sistema CVCM y sus nodos de servicio, y brindar apoyo a la comunidad científica, la industria de alimentos y bebidas, y al sistema de salud pública y privada. Materiales y métodos: El laboratorio cuenta con técnicas moleculares diversas y dispone de un equipo de ribotipificación automatizado: Riboprinter Microbial Characterization System (Qualicon-Dupont), basado en el análisis comparativo –a partir de colonias- de fragmentos de ADN (digeridos con *EcoR1* y otras enzimas) reconocidos por hibridación con ADN (operon *rRNA* de *E. coli*) químicamente marcado. Los registros se almacenan y comparan automáticamente con un banco universal de datos. El método permite la discriminación a niveles inferiores al de especie (ribotipos). Resultados y conclusiones. El empleo de esta técnica automatizada ha permitido la caracterización molecular de una amplia selección de cultivos de: *Streptococcus*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Vidal Rodríguez Lemoine*

País: Venezuela

Email: vrodriguezlemoine@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE AISLADOS DE *BACILLUS THURINGIENSIS* PROVENIENTES DE LARVAS MUERTAS DE *HYLESIA METABUS* Y DE SUELOS DE LA REGIÓN NOR-ORIENTAL DE VENEZUELA

Vitelli Flores Juana, Gajardo Roxana, Lage Liset, Fajardo Ysalexia, Dorta Blas

Rodríguez Lemoine Vidal, Vitelli Flores Juana, Gajardo Roxana, Lage Liset, Fajardo Ysalexia, Dorta Blas

RESUMEN: Introducción: *B. thuringiensis* es una bacteria Gram positiva aeróbica y esporogénica que junto a *B. anthracis*, *B. mycoides*, *B. pseudomycoides*, *B. wiehenstephanensis* y *B. medusa*, conforman el grupo de *B. cereus* cuya identificación fenotípica es difícil y compleja. Algunas cepas de *B. thuringiensis*, portadoras de plásmidos con genes *cry*, producen δ -endotoxinas (con formación de cristales parasporales) con actividad patogénica específica contra larvas de algunos insectos (lepidópteros, dípteros y coleópteros). Esta propiedad ha sido usada para el control biológico de la polilla nocturna *H. metabus* (palometa peluda) en la región nor-oriental costera del país. Objetivos: Caracterización molecular de aislados de *B. thuringiensis*, provenientes de larvas muertas de *H. metabus* y de suelos de las regiones afectadas a los fines de aislar cepas autóctonas con alta especificidad patogénica contra las variedades de *H. metabus* identificadas en la región que la variedad *kurstaki* empleada en los preparados comerciales (Dipel® HD1) utilizados actualmente. Materiales y métodos: Las cepas seleccionadas para este estudio forman parte de las colecciones de bacilos Gram positivos del Centro Venezolano de Colecciones de Microorganismos. Las colonias seleccionadas, digeridas con *EcoRI*, fueron procesadas en un equipo de ribotipificación automatizado Riboprinter Microbial Characterization System (Qualicon). Resultados y conclusiones: Se caracterizaron (por ribotipificación) 14 aislados de *B. thuringiensis* (9 de larvas muertas LM y 5 de suelos S), en la mayoría apareció la formación de cristales. Seis aislados LM mostraron un ribotipo claramente diferenciado de la variedad *kurstaki* y 3 idénticos.

DETALLES DEL RESUMEN

Autor: Laura Patricia Salas Rangel*

País: México

Email: paty_salas@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

EXPRESIÓN DEL REGULÓN *PST* DE *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* DURANTE LA INFECCIÓN CRÓNICA EN EL MODELO DE RATÓN

Salas Laura Patricia, González Jonathan, León Lizbel, Cerna Jorge, Hernández Rogelio, González Y-Merchand Jorge Alberto

RESUMEN: Antecedentes del estudio: Los genes *pst* de *M. tuberculosis*, los cuales están involucrados en la captación de fosfatos, están dispuestos en tres operones, el primero incluye a los genes *pstB*, *pstS-1*, *pstC-1* y *pstA-2*, el segundo a *pstS-2* y *pknD* y el tercero a *pstS-3*, *pstC-2* y *pstA-1*. El objetivo del presente trabajo fue determinar los niveles de expresión de los genes que conforman el regulón de fosfatos de *M. tuberculosis* en el modelo de infección crónica en el ratón. Métodos utilizados: La extracción de RNA a partir de los pulmones infectados con *M. tuberculosis* en el modelo murino a los diferentes tiempos: un mes (L1), tres meses (L3), cinco meses (L5) y siete meses (L7) de infección crónica, se realizó mediante la técnica de Trizol. La cuantificación de la expresión genética de los nueve genes se realizó mediante RT-PCR en tiempo real, utilizando al gen *rRNA 16S* como normalizador. Resultados: Todos los resultados se compararon utilizando como control a la infección progresiva (dos meses). En general, los genes presentaron una disminución de la expresión durante la L5 y L7. Durante la L3, los genes presentaron una sobreexpresión de 1.61 a 2.77 veces. Conclusión: Los resultados obtenidos sugieren que la micobacteria capta fosfatos durante los tres primeros meses de la infección crónica; posteriormente esta captación es disminuida.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Cristina del Rosario Gutiérrez García*

País: Venezuela

Email: cristicharo@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

MUTACIONES DE RESISTENCIA PRIMARIA Y SECUNDARIA EN PACIENTES CON EL VIRUS DE INMUNODEFICIENCIA HUMANA (VIH+), REFERIDOS AL INSTITUTO NACIONAL DE HIGIENE “RAFAEL RANGEL” (INHRR) EN VENEZUELA.

Gutiérrez C., Ameli G., Molina M., Carballo M., Rosales A., Hernández M., Roldán Y., Deibis L., Comegna M.,

RESUMEN: Antecedentes: La resistencia primaria a antirretrovirales (RP-ARV) se refiere a la pérdida de susceptibilidad a los ARV ocasionada por transmisión de virus resistentes en la infección aguda por VIH en pacientes sin tratamiento. En contraste, la resistencia secundaria a ARV (RS-ARV) ocurre en individuos bajo terapia ARV con inhibidores nucleosídicos de la transcriptasa reversa (INTR), no nucleosídicos (INNTR) y/o inhibidores de proteasa (IP). Objetivo: Evaluar la frecuencia de mutaciones asociadas a resistencia primaria y secundaria en pacientes VIH+. Métodos: Se analizaron por secuenciación las regiones génicas: TR y P virales en 284 plasmas de pacientes con VIH, comprendidos en: 254 pacientes bajo terapia ARV y 30 pacientes sin terapia ARV con cargas virales >1000 copias/ml, referidos al INHRR en el período: junio 2005-diciembre 2007. Resultados: El 82% (206/254) de los aislados presentaron mutaciones de RS-ARV, de los cuales el 95,6% (197/206) mostraron mutaciones de resistencia asociadas a INTR, el 66,5% asociados a INNTR y el 70% a IP. El 6,7% (2/30) de los aislados mostraron mutaciones de RP-ARV a INTR y polimorfismos en la región P en el 93% (28/30) de los casos. Conclusión: Se encontró un elevado nivel de RS-ARV, predominando las mutaciones asociadas a INTR. En contraste, se obtuvo un bajo nivel de RP-ARV asociada a INTR y una elevada frecuencia de polimorfismos aislados en la región P, no observándose mutaciones de resistencia primaria asociadas a IP.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Josefina Egas

País: Ecuador

Email: jegas@puce.edu.ec

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PRODUCCIÓN DE BIOMASA DE *SPIRULINA PLATENSIS* Y *SPIRULINA MAXIMA* EN FUNCIÓN DEL TAMAÑO DEL INÓCULO Y DIFERENTES MEDIOS DE CULTIVO.

Josefina Egas Benavides, Juan Egas Benavides, Ever Morales Avendaño, Verónica Luna Unda, Vismeli Santana

RESUMEN: Se utilizaron dos cepas: *Spirulina platensis* y *Spirulina maxima* mantenidas bajo condiciones de laboratorio para determinar su adaptación a la altura y clima de Quito, con miras a implementar una planta piloto para la producción artesanal y transferir la tecnología a comunidades andinas. Así, se estudió el efecto del tamaño del inóculo a 10, 15, 20, 25 y 30% (v/v) en cultivo alimentado en medio Zarrowk. Luego, se ensayó con diferentes medios de cultivos: Zarrowk, Zarrowk-NaCO₃-Sulpomag, Jourdan-Sulpomag, Zarrowk-Sulpomag. Los cultivos por triplicado fueron mantenidos con aireación constante, durante 27 días, a un volumen de 250ml. El crecimiento fue seguido mediante peso seco, clorofila, carotenoides y ficocianina. Con *S. platensis* se logró el mayor peso seco, clorofila *a* y carotenoides con inóculo del 25-30%, 10%, 30% y 25% respectivamente. *S. máxima* registró los valores más elevados al 25%, 10%, 25% y 25% respectivamente. *S. platensis* produjo mayor peso seco en medio Zarrowk, seguido de Zarrowk+NaCO₃+Sulpomag, con 9.5 y 7.0 mg.mL⁻¹ respectivamente. La producción de biomasa de *Spirulina platensis* resultó más enriquecida en cuanto al contenido de clorofila y carotenoides, cuando es cultivada con un inóculo entre el 25 y 30% y utilizando el medio de cultivo Zarrowk.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Jorge Cerna

País: México

Email: jcerna@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

MICOBACTERIAS EN LAS SALSAS DE VENTA CALLEJERA EN MÉXICO: SU IMPACTO EN LA SALUD PÚBLICA

Cerna Cortés Jorge Francisco, Salas Rangel Laura Patricia, González-y-Merchand Jorge Alberto

RESUMEN: Antecedentes del estudio: Las micobacterias no tuberculosas (MNT), se han asociado con enfermedad tanto en pacientes inmunocompetentes como en inmunosuprimidos. Las MNT son transmitidas a humanos por el ambiente y alimentos. El objetivo de este trabajo fue aislar e identificar micobacterias de salsas de venta callejera. Métodos utilizados: En diferentes áreas de la ciudad de México, 51 muestras de salsas de venta callejera fueron colectadas. Dichas muestras se sembraron en agar Middlebrook 7H10 y en Lowenstein Jensen y se incubaron a 37°C de 1 a 8 semanas. Las colonias micobacterianas fueron teñidas por Ziehl-Neelsen. Para determinar si los aislados pertenecían al género *Mycobacterium*, se realizó una PCR. El DNA se sometió a una segunda PCR para identificar cepas del complejo *Mycobacterium tuberculosis*. Para identificar las MNT se amplificó el gen *hsp65*, el cual fue digerido con *BstEII* y *HaeIII*. Los patrones de digestión fueron comparados con los previamente reportados por Steingrube. Las especies de MNT fueron confirmadas por secuenciación de la región hipervariable (V2) del gen *16S rDNA*. Resultados: *M. mucogenicum* fue aislada en el 6% (3/51) de las salsas. Conclusión: *M. mucogenicum* fue responsable de dos casos fatales de infecciones del sistema nervioso central en pacientes inmunocompetentes. El hecho de haber aislado MNT en el 6% de las salsas de venta callejera, cobra importancia en países como México, donde del 20-25% del ingreso familiar se destina a la compra de alimentos callejeros, en los que el principal aderezo son las salsas. Por lo tanto, las salsas de venta callejera son una posible fuente de exposición de micobacterias.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Layna Riera Ojeda*

País: Cuba

Email: micromejora@cenpalab.inf.cu

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

APLICACIÓN DE UN PROGRAMA DE LIMPIEZA Y DESINFECCIÓN EN INSTALACIONES PARA LA CRÍA DE ROEDORES DE EXPERIMENTACIÓN

Riera Layna, Sánchez Sahilis

RESUMEN: Entre las prácticas correctas de trabajo en las producciones controladas es importante el empleo de métodos de limpieza y desinfección que contribuyan a eliminar o inhibir la incidencia de microorganismos que afecten la calidad de la actividad que se realiza. En este trabajo se expone el Programa de Limpieza y Desinfección aplicado en instalaciones para la obtención y mantenimiento de roedores de experimentación en condiciones controladas en el Centro Nacional para la Producción de Animales de Laboratorio (CENPALAB). En el diseño de este programa se clasificaron las áreas de trabajo según su uso y explotación, definiéndose los niveles de limpieza y desinfección, se confeccionó un plan de limpieza y ciclos de rotación de los procesos de desinfección y se definió el criterio de rotación de los desinfectantes. Se listaron los detergentes y desinfectantes disponibles o no y que pueden ser empleados. Para la eficiente aplicación de este programa se establecieron los procedimientos operacionales de trabajo relacionados con la limpieza y desinfección de las áreas, con la preparación y uso de las soluciones desinfectantes y se elaboraron los registros de trabajo. Se definieron los criterios para la validación del proceso de desinfección, se confeccionó un plan de capacitación del personal mediante seminarios, entrenamientos y evaluación de los procedimientos relacionados con este programa y se estableció la revisión del programa cada cinco años. Este trabajo posibilita contar con un documento útil en el Sistema de Gestión de la Calidad instaurado para las producciones de animales de experimentación en condiciones controladas. (Telef. 6833153, 6839058)

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Layna Riera Ojeda

País: Cuba

Email: micromejora@cenpalab.inf.cu

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

PRINCIPALES MICROORGANISMOS INCIDENTES EN SEIS LÍNEAS DE RATONES GNOTOBIÓTICOS EMPLEADOS COMO ANIMAL DE EXPERIMENTACIÓN

Riera Layna, Lugo Sonia, Entrena A, Acevedo Maria Caridad, Sánchez Sahilys, Fuentes Dasha

Llanes Haydée

Otaño Ania

Zamora Zenilda

Muñoz Elaine

Negrin Natacha

RESUMEN: Los animales de experimentación son ampliamente usados, siendo la Biomedicina, Veterinaria, Agropecuaria e Ingeniería Genética los campos más empleados. Los animales gnotobióticos son libres de gérmenes, exceptuando la microbiota específica identificada que ha sido adquirida o introducida intencionalmente, son conocidos también como animales de microbiota definida. La detección de entidades microbianas patógenas específicas en los animales de laboratorio es importante para la veracidad, reproducibilidad y confiabilidad de los experimentos en los cuales son usados. Durante un periodo de 5 años (2001 al 2005) se procesaron muestras de órganos y sueros de 3220 ratones criados en condiciones controladas, de 6 líneas diferentes (3 consanguíneas y 3 no consanguíneas). Se emplearon métodos serológicos (ELISA y Microaglutinación), técnicas de cultivo e histopatológicas y métodos de concentración y examen directo, con el objetivo de conocer la presencia de entidades bacterianas, parasitarias y virales patógenas específicas y de analizar su incidencia y tendencia mediante un Análisis de Regresión. Las entidades detectadas fueron *Pasteurella pneumotropica* (0.5–5%), *Syphacia obvelata*, (10-43%), *Entamoeba muris* (3-10%), Encefalomiелitis Theiler Virus (0.9-6%), Hepatitis Virus (3.5%) y Minute Virus (4.5%). En ratones consanguíneos fue mayor la incidencia de bacterias y virus, mientras que, la elevada incidencia de parásitos se comportó igual para todas las líneas estudiadas, existiendo la tendencia de incremento de estas entidades en el tiempo, siendo el año 2004 el de mayor detección de estos patógenos. Otras entidades patógenas no fueron aisladas. La aplicación de técnicas gnotobióticas y las buenas prácticas de producción permitirá disminuir o erradicar la incidencia de estas entidades patógenas específicas para este roedor de experimentación.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Sonia Lugo Marante*

País: Cuba

Email: slugo@cenpalab.inf.cu , ccalidad@cenpalab.inf.cu.

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO DE AISLAMIENTOS DE *PASTEURELLA MULTOCIDA* EN CONEJOS DE LABORATORIO.

Lugo S.*, Centro Nacional para la Producción de Animales de Laboratorio (CENPALAB), La Habana, Cuba.

Riera L., Otaño A., Zamora Z., Muñoz E., Crespo E., Castillo R., Pérez I. Sosa I.

RESUMEN: Los conejos son una de las especies de laboratorio más ampliamente utilizadas en la industria médico- farmacéutica, específicamente en la evaluación de vacunas, medicamentos y en ensayos de pirógenos, es por ello que, necesitan ser libres de un grupo de microorganismos, dentro de los que se encuentra *Pasteurella multocida*, bacteria oportunista del sistema respiratorio, que puede provocar rinitis, neumonías, conjuntivitis, otitis, abscesos e incluso la muerte. Teniendo en cuenta lo anterior se realizó un estudio del comportamiento de los procesos respiratorios en conejos durante los años 1993 al 2007 y su relación con los aislamientos de *Pasteurella multocida*, caracterizando microbiológicamente 10 cepas aisladas. Los resultados mostraron que la prevalencia de los procesos respiratorios en las 3 categorías se mantiene alta, manteniendo la categoría de reproductores un incremento lineal en el tiempo, aislándose *Pasteurella multocida* en un mayor número de animales, durante los años 2003 y 2004, disminuyendo éstos a partir del año 2005.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Sonia Lugo Marante*

País: Cuba

Email: slugo@cenpalab.inf.cu, ccalidad@cenpalab.inf.cu.

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

COMPARACIÓN DE DOS MÉTODOS DE DIAGNÓSTICO EN EL ESTUDIO DE LA INCIDENCIA DE *BORDETELLA BRONCHISEPTICA* Y *PASTEURELLA MULTOCIDA* EN LAGOMORFOS DE EXPERIMENTACIÓN.

Lugo S, Riera L, Otaño A, Zamora Z, Castillo R, Pérez I.

RESUMEN: *Bordetella bronchiseptica* y *Pasteurella multocida*, son los patógenos más comunes en los conejos de laboratorio, se caracterizan por producir secreciones nasales, neumonía, otitis media y conjuntivitis, fundamentalmente, también puede encontrarse latente en su hospedero sin desencadenar síntomas, hasta la aparición de un estrés donde desencadenan un proceso infeccioso de tipo respiratorio o septicémico. El método de detección de ambas entidades, más comúnmente utilizado, es el cultivo, lo que requiere de medios de cultivo y tiempo para la identificación del germen; por lo que, después del surgimiento de los métodos serológicos y teniendo en cuenta el riesgo de infección a que están expuestos nuestros conejos de experimentación, por ser criados en instalaciones abiertas, así como, el nivel elevado de la demanda de esta especie animal en nuestro país, se hace necesario la detección de estas dos entidades por métodos más rápidos y sensibles. El presente trabajo muestra los resultados obtenidos en la Evaluación de un ELISA de *Bordetella bronchiseptica* y de *Pasteurella multocida*, en conejos de laboratorio, comparándolos con el método de Cultivo, mostrando el ELISA para ambos microorganismos, los mejores resultados con una sensibilidad y especificidad del 100% para *Bordetella bronchiseptica*, para *Pasteurella multocida* la sensibilidad fue del 98.4% y la especificidad del 81.5%. La eficiencia de ambos sistemas inmunoenzimáticos fue superior al 96%, lo que garantiza un control higiénico - sanitario de esta especie animal, con una calidad superior.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Aline Moraes Polizeli*

País: Brasil

Email: apolizeli@ffclrp.usp.br

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

XYLANASE SYNTHESIS FROM *ASPERGILLUS JAPONICUS* BY SOLID SUBSTRATE FERMENTATION

Polizeli A.M., Jorge J. A., Terenzi H. F.

RESUMEN: Xylanolytic system constitutes a commercially important class of enzymes and has a wide range of applications. Solid substrate fermentation (SSF) has been used successfully for the production of enzymatic system from filamentous fungi. The purpose of this work was to optimize *A. japonicus* growth and xylanases production parameters, including culture medium composition using some agro-byproducts. Xylanase activity was determined by reducing sugar using DNS. The fermentation was carried out at 25-45°C but the optimum growth temperature was 30°C. Variation of density inoculum was analyzed (103-109 conidia/g) and the maximum production was obtained with cultures added of 107 conidia/g. Carbon sources were studied using 2g of sterile solid substrates and 4 mL distilled water, 30°C, 120h, 70% relative humidity. The substrates were different agro-industrial residues: wheat bran, soy bran, rice bran, ground corncob, fresh grass, sugar cane bagasse, orange peel and ensilage. The highest level of xylanase production was obtained from soy bran, although were obtained good activity levels using wheat bran and ground corncob. It was important the mixture among these three sources in different proportions being the best result with soy bran and ground corncob 3:1. It was also important to vary nitrogen sources and for it various inorganic and organic composts were tested. Peptone resulted in levels 11% higher than at control (without addition). Time course of the xylanase production was followed by 30 days, but the highest enzymatic levels occurred in 72h. This research demonstrated that *A. japonicus* produced good activity levels in SSF aiming future biotechnological applications in feedstock. Support: FAPESP, CNPq.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: David Ortega*

País: Ecuador

Email: daortegap@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ACTIVIDAD IN VITRO DE 30 ANTIBIÓTICOS Y DETECCIÓN DE GENES PRODUCTORES DE ENZIMAS MODIFICADORAS DE AMINOGLUCÓSIDOS (EMAs) EN AISLADOS CLÍNICOS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* PRODUCTORA DE β -LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO (BLEE)

Ortega David, Guerrero Santiago, Herrera Ivonne, Alcocer Iliana, Zurita Jeannete

RESUMEN: *Klebsiella pneumoniae* productora de BLEE ha sido identificada como uno de los principales patógenos involucrados en infecciones nosocomiales con altas tasas de morbilidad y mortalidad. Las BLEE son enzimas bacterianas capaces de inactivar antibióticos β -lactámicos por hidrólisis, tornándolos compuestos inefectivos para el tratamiento. Además, por su fácil diseminación y su frecuente relación con otros determinantes de resistencia a antibióticos, como EMAs, originan un problema terapéutico de notables dimensiones a nivel hospitalario; por esta razón, se realizó el perfil fenotípico de resistencia y la determinación de genes para EMAs en 94 aislados clínicos de *K. pneumoniae* productores de BLEE. Para el perfil de resistencia se emplearon 30 antibióticos analizados mediante el método Bauer et al. (1966) de acuerdo al CSLI 2008 y el método confirmatorio de BLEE descrito en el mismo documento. El análisis molecular se lleva a cabo mediante el método de reacción en cadena de la polimerasa empleando iniciadores específicos para la detección de genes productores de EMAs y BLEE. Los aislados mostraron un alto nivel de resistencia a los antibióticos β -lactámicos con excepción de imipenem y meropenem que arrojaron un 0,0% de resistencia seguidos de cefoxitín con un 6,9% y cefepime con 37,9% de resistencia; Dentro del grupo de los aminoglucósidos, amikacina mostró una resistencia del 28,7%; alta en relación a otros estudios, tobramicina 75,9%, gentamicina 72,4%, netilmicina 62,1%, neomicina 9,2%, kanamicina 64,4% y ciprofloxacina reveló 33,3% de resistencia, similar a otros reportes. El patrón de resistencia evidenció que buenas alternativas terapéuticas distintas a los carbapenemes en infecciones producidas por *Klebsiella pneumoniae* BLEE son tigeciclina, colistina, polimixina B que mostraron 0,0% de resistencia; además, de neomicina y fosfomicina con un 8,1% y 9,2% respectivamente. Antibióticos de uso clínico común tales como trimetoprim-sulfametoxazol, tetraciclina, fosfomicina y nitrofurontaina presentaron una resistencia cercana al 50%. Hasta el momento se han analizado tres genes productores de EMAs *aac3-IIa*, *aac(6')Ib* y *ant(2'')-Ia* los cuales se encontraron en porcentajes de 29,0%, 88,0% y 24,0% respectivamente. Esta determinación genotípica se sigue realizando y será motivo de futuros reportes.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Sandra Milena Campos Alba*

País: Colombia

Email: jsanchezn@gmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS NATIVOS CON POTENCIAL DEGRADACIÓN DE CARBOSULFAN Y METHOMYL DE SUELOS CON CULTIVOS DE PAPA (*SOLANUM TUBEROSUM*), CUNDINAMARCA (COLOMBIA)

Campos Alba Sandra Milena, Sánchez Nieves Jimena, Melgarejo Muñoz Luz Marina

RESUMEN: Carbosulfan y methomyl son N-metilcarbamatos de categoría toxicológica I, utilizados mundialmente como insecticidas en diversos cultivos. Diferentes autores han obtenido cepas bacterianas hidrolizadoras de N-metil carbamatos, señalando que el hallazgo de microorganismos degradadores de carbamatos y/o compuestos xenobióticos en zonas templadas, sugiere la pertinencia de su búsqueda en el trópico. Los compuestos utilizados y la frecuencia de aplicación propios del manejo agrícola del cultivo de papa, permiten proponerlo como un modelo adecuado para caracterizar organismos nativos con potencial degradación de dichas moléculas. En el presente trabajo, tal actividad se evidenció por aislamiento y cuantificación de microorganismos (siembra en placa de muestras de suelo de fincas en Cundinamarca y recuento de células viables), en medios mínimos de sales suplementados con dichos compuestos como únicas fuentes de carbono y nitrógeno. Las bacterias aisladas se caracterizaron utilizando paneles comerciales BBL Crystal y los hongos mediante claves taxonómicas. Se obtuvieron cepas de hongos y bacterias creciendo en los medios suplementados y se halló mayor cantidad y riqueza de hongos con potencial actividad degradadora, en contraste con los resultados obtenidos para bacterias. Los hongos correspondieron principalmente a los géneros *Verticillium sp*, *Penicillium sp* y *Fusarium sp* y las bacterias a *Pseudomonas sp*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Jimena Sánchez Nieves*

País: Colombia

Email: jsanchezn@gmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD DE DEGRADACIÓN DE CARBOFURAN POR BACTERIAS AEROBIAS PROVENIENTES DE SUELOS CON CULTIVOS DE PAPA (*SOLANUM TUBEROSUM*) EN CUNDINAMARCA, COLOMBIA

Sánchez Nieves Jimena, Melgarejo Muñoz Luz ,Fuentes de Piedrahita Cilia,Lozano Amanda

RESUMEN: Carbofuran (plaguicida categoría toxicológica I) es ampliamente utilizado y es degradado principalmente por microorganismos. La caracterización de bacterias degradadoras es importante para ampliar el conocimiento de su biodegradación en suelos agrícolas colombianos y para planteamiento de alternativas en suelos con residualidad, mediante empleo de inoculantes bacterianos en estrategias de biorremediación. Se evaluó la tasa de mineralización según cinética de degradación de ^{14}C -carbofuran en suelos poscosecha de papa (Tausa, Villa Pinzón, Zipaquirá) con y sin historia de aplicación, obteniendo el mayor porcentaje (57,6%) para Zipaquirá, en contraste con el suelo sin historia de aplicación (35,0 %). Se aislaron y cuantificaron bacterias aerobias degradadoras en medio mínimo de sales con carbofuran como única fuente de carbono y nitrógeno (MMCB), caracterizando mediante pruebas microbiológicas tradicionales y/o moleculares las cepas como: *Lactococcus lactis*, *Lactococcus raffinolactis*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Flavobacterium oryzihabitans*, *Chromobacterium violaceum*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Burkholderia cepacia*, *Bacillus* sp, *Pseudomonas* sp. Se evidenciaron resultados positivos de degradación para las cepas cualitativamente por observación de halos de transparencia en el medio según Slaoui *et al.*, (2001) y cuantitativamente por seguimiento de la tasa de mineralización individual y en consorcio en MMCB líquido por producción de $^{14}\text{CO}_2$. Se generó información novedosa ya que para Latinoamérica existen escasos reportes.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Andrea Rodríguez*

País: Ecuador

Email: andre_255@yahoo.com

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

PRESENCIA DE *SALMONELLA SPP.* EN POBLACIONES DE REPTILES MANTENIDOS EN CAUTIVERIO DENTRO DEL DISTRITO METROPOLITANO DE QUITO

Rodríguez Andrea, Yauri Fernanda, Alcocer Iliana, Garzon Katty

RESUMEN: *Salmonella spp.* es una bacteria patógena que causa toxiinfección alimentaria a nivel mundial. La salmonellosis en humanos se da por el consumo de alimentos contaminados con células vivas. Actualmente, existe gran preocupación pues se registra salmonellosis en humanos asociada, en 3 a 5% de los casos, a la manipulación de animales silvestres. La manipulación humana de reptiles pudo haber provocado el cambio de nicho ecológico de animales endotermos a poiquilotermos. En Ecuador existen escasos datos de la presencia de *Salmonella spp.*, así como, de los serotipos que circulan en el medio en reptiles. El objetivo de este trabajo fue determinar la presencia de *Salmonella spp.* en poblaciones de reptiles mantenidas en cautiverio dentro del Distrito Metropolitano de Quito, para así mejorar las medidas de bioseguridad en el manejo de estos animales. Para el cálculo del tamaño de muestra se utilizó la información de inventarios previos en los centros de manejo de reptiles. En los almacenes de expendio de animales y hogares se tomaron muestras al azar para establecer comparaciones en posteriores análisis estadísticos. Se tomaron 195 muestras de cloaca de reptiles desde Agosto de 2007 a Abril de 2008, 48 fueron obtenidas en el Zoológico de Guayllabamba, 18 en almacenes que comercializan reptiles, 5 en hogares quiteños que poseen reptiles en cautiverio y 124 en el Vivarium de Quito. El transporte, envío, aislamiento e identificación bioquímica de *Salmonella spp.*, siguió la Norma INEN. Los resultados fueron categorizados en dos niveles, presencia/ausencia de la bacteria. Se encontró la presencia de *Salmonella spp.* en el 45,0 % de los reptiles anizados. De las muestras tomadas en el Zoológico de Guayllabamba el 4,2% presentaron *Salmonella*. En los almacenes que comercializan reptiles se encontró un 50,0% de *Salmonella*, y un 40,0% en hogares quiteños que poseen reptiles en cautiverio. De las muestras tomada en el Vivarium de Quito el 59, 7% fueron positivas para *Salmonella spp.* Las muestras provinieron de las familias: Boidae, Colubridae, Iguanidae, Crocodylidae y tortugas de las especies: *Chelydra serpentina*, *Podocnemis unifilis*, *Trachemys scripta*, *Batrachemys raniceps* y *Kinosternon leucostomun*, etc. La confirmación serológica se realizó utilizando sueros polivalentes para *Salmonella* mediante sueros somáticos, capsulares y flagelares.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Juliana Ossa Canencio*

País: Colombia

Email: ja.ossa907@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

ESTANDARIZACIÓN DE LAS CONDICIONES DE CRECIMIENTO DE *LACTOBACILLUS SP.* APROXIMADO A PRODUCCIÓN INDUSTRIAL

Ossa Canencio Juliana Andrea, Vanegas María Consuelo, Badillo Ángela María.

RESUMEN: El auge del uso de bacterias probióticas en Colombia y el mundo hace necesario encontrar métodos óptimos para su desarrollo y producción industrial, utilizando sustratos económicos y de fácil obtención, además que contengan componentes esenciales que favorezcan el crecimiento del microorganismo. Se empleó la melaza de caña como sustrato iniciador para el incremento de *Lactobacillus plantarum*. Con este proyecto se pretendió estandarizar condiciones que potencialicen el crecimiento de *L. plantarum* en laboratorio para determinar las variables que más afectan el desarrollo y de esta manera, seleccionar las variables adecuadas para un óptimo crecimiento. La cepa control utilizada fue *L. plantarum* donada por el Instituto Ziel de Alemania, la cual fue inoculada en fiolas de 250 ml con 50 ml de melaza estéril a diferentes porcentajes de concentración (20, 25 y 30%). Además, se evaluó el efecto del pH inicial de la melaza trabajando los siguientes valores 4.5, 5.2-5.3 y 6.00. Todos los experimentos fueron realizados por triplicado a 25°, 30°C y a 100 RPM (revoluciones por minuto), el aumento de la biomasa se determinó con recuentos directos en placa en agar MRS. Para el análisis de resultados se llevó a cabo un análisis de varianza general para observar interacciones de las variables respecto al recuento microbiológico. Según los resultados obtenidos, se comprobó que las condiciones óptimas para la recuperación de *L. plantarum* respecto a los porcentajes de melaza, temperatura, pH y agitación, fueron 20%, 30°C, 5.2-5.3 y 100 RPM respectivamente, obteniendo un recuento de 4.3×10^{10} UFC/ml a las 24 horas. Estadísticamente con un α de 0.05 se evidenció que no existe interacción entre las variables y el recuento microbiano, obteniendo probabilidades mayores a 0.05, indicando así que no existen diferencias significativas en las condiciones evaluadas. Con los resultados experimentales se pudo concluir que a mayor concentración de melaza hay menor crecimiento microbiano, además, se evidenció una disminución en el pH final observando la actividad metabólica de las bacterias sobre este medio. Se recomienda la melaza como un sustrato para producción industrial de *Lactobacillus*, lo que permite proponerlo como un sustrato rentable, tanto en costos como en producción, sin embargo, es necesario realizar investigaciones en planta piloto y producción industrial.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Norma Binsztein*

País: Argentina

Email: nbinsztein@anlis.gov.ar

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

VIGILANCIA BASADA EN LABORATORIO. IMPORTANCIA DE LA INFORMACIÓN Y DE LAS REDES INTERNACIONALES, WHO GLOBAL *SALMONELLA* SURVEILLANCE Y PULSENET, PARA LA VIGILANCIA INTEGRADA DE LAS ENFERMEDADES DE TRANSMISIÓN ALIMENTARIA (ETA)

Norma Binsztein*, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS “Carlos G Malbrán”, Argentina.

RESUMEN: Vigilancia es la recolección continua y sistemática de datos, su análisis, interpretación y difusión para tomar acciones con impacto en salud pública, permite mantener un alerta continuo y por ende detectar e investigar eventos inusuales como son los brotes. La vigilancia de las ETA es un proceso complejo, de amplio espectro, de la granja a la mesa, con actividad multidisciplinaria en la que participan muy diferentes actores y puede ir desde una modalidad “informal” hasta la “integrada”. La vigilancia integrada de las ETA se basa en el análisis y comparación de los datos a través de toda la cadena alimentaria, (animales, alimentos, humanos), con activa participación de epidemiología, para identificar y prevenir fuentes de contaminación y evaluar intervenciones. Un pilar fundamental de esta integración lo constituye el laboratorio ya que muchos patógenos se presentan con síntomas similares (ej diarrea). La vigilancia basada en laboratorio alerta y le da especificidad al sistema de salud, detecta brotes e identifica las fuentes de contaminación y los alimentos de alto riesgo, más aún con la utilización de herramientas moleculares como electroforesis en campo pulsado (PFGE). Una de las más importantes estrategias para fortalecer la vigilancia de las ETA es la constitución de redes de trabajo nacionales e internacionales, basadas en la Vigilancia Integrada. Dos de estas redes que se están desarrollando en todo el mundo y de gran impacto en la región de América Latina y Caribe son el programa de la OMS, WHO Global *Salmonella* Surveillance (WHO GSS) y la red de PulseNet, en las que participan casi todos los países de la Región. La visión de ambos programas es de salvar vidas y reducir las pérdidas sociales y económicas debidas a las enfermedades transmitidas por alimentos y por agua. Ambos, aunque se complementan y comparten los actores, difieren en las herramientas de laboratorio que utilizan, mientras el WHO GSS se basa en la tipificación, PulseNet se basa en la subtipificación por métodos genotípicos estandarizados, en particular PFGE, que permite, entre otras cosas, relacionar casos aparentemente esporádicos con brotes e identificar la fuente de contaminación. Las redes internacionales aseguran las tres C de la Vigilancia Integrada: comunicación, colaboración, coordinación y además la obtención de resultados comparables en todo el mundo por el uso de metodología estandarizada y programas de evaluación de la calidad.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Mariana Domínguez*

País: Chile

Email: mdomingu@udc.cl

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

COMPORTAMIENTO FRENTE A AGENTES ANTIMICROBIANOS DE BACTERIAS AISLADAS EN ZONAS CON DISTINTO GRADO DE INTERVENCIÓN EN ANTÁRTICA

Domínguez Mariana, Alegría Karen, Sepúlveda Juan Ignacio, Bello Helia, González Gerardo, González Marcelo,

RESUMEN: La Antártica se ha constituido en una región de gran interés científico debido a las condiciones extremas de temperatura y radiación ultravioleta. Las investigaciones microbiológicas se han enfocado, principalmente, al estudio de biodiversidad bacteriana lo que ha llevado a la descripción de nuevas especies. Además, al ser este ambiente uno de los pocos lugares con escasa intervención humana lo hace una zona ideal para estudiar el comportamiento de las bacterias frente a los agentes antibacterianos. Durante la XLIII Expedición Científica Antártica 2006-2007, organizada por el Instituto Antártico Chileno (INACH), se exploró la Península Fildes, Isla Rey Jorge, y se recolectó muestras de hielo, suelo, agua y sedimento de lagunas, a partir de las cuales se aisló bacterias heterotróficas. El presente trabajo se realizó con 114 cepas, aisladas en lugares de muestreo con diferente grado de intervención antrópica, con el objetivo de estudiar su susceptibilidad a diversos agentes antibacterianos mediante el método de difusión en agar, según recomendaciones de CLSI. Se determinó la susceptibilidad frente a ampicilina (AMP), cefalotina (CFT), gentamicina (GEN) kanamicina (KAN), estreptomycin (STR), cloranfenicol (CLO), tetraciclina (TET), trimetoprim (TMP), sulfonamida (SUL) y ciprofloxacino (CIP), empleando discos comerciales y se cuantificó el grado de susceptibilidad estableciendo 5 categorías de acuerdo al diámetro de los halos de inhibición. Se encontró que, en general, las bacterias presentaron mayor grado de resistencia a ampicilina, cefalotina y trimetoprim independiente de la zona de muestreo. Por el contrario, el comportamiento frente a ciprofloxacino y sulfonamida mostró una tendencia a un mayor grado de susceptibilidad de las bacterias aisladas en las zonas con menor intervención humana. En este sentido, se observó que 98,3 y 93,3% de las cepas provenientes de zonas no intervenidas con respecto a 70,4 y 77,8% de las cepas de zonas intervenidas presentaron halos de inhibición > 25 mm para CIP y SUL, respectivamente. Este estudio preliminar sugeriría que la aparición de cepas resistentes a determinados agentes antibacterianos sintéticos se puede relacionar con la intervención humana al observar una mayor susceptibilidad en zonas de difícil acceso. INACH G-03-07

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Helia Bello Toledo*

País: Chile

Email: hbello@udec.cl

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE INTEGRÓN CLASE 1 EN CEPAS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* PORTADORAS DEL GEN *BLA_{VIM}*.

Dauro S. Priscila, González Gerardo, García Patricia, Labarca Jaime, Lagos Marcela, Bello Helia.

RESUMEN: Las enzimas de la familia VIM corresponden a metalo-betalactamasas (MBL) descritas principalmente en cepas de *P. aeruginosa*, que se caracterizan por presentar un ión zinc en su sitio activo e hidrolizar antibióticos carbapenémicos. Estos compuestos constituyen, en algunos casos, la única alternativa terapéutica para el tratamiento de infecciones producidas por estos microorganismos; sin embargo, se ha observado un aumento progresivo de cepas resistente a ellos. El gen *bla_{VIM}* ha sido descrito a la forma de casetes genéticos en integrones de clase 1. En este estudio se caracterizó el integrón clase 1 de ocho cepas no clonales de *P. aeruginosa* resistentes a imipenem y que portaban el gen *bla_{VIM}*. La presencia del integrón clase 1 y la caracterización de su zona variable se realizaron mediante cartografía por PCR y secuenciación de los productos amplificados. El análisis bioinformático se realizó utilizando NCBI-BLAST y CLUSTAL W. En todas las cepas estudiadas se confirmó la presencia del integrón clase 1 y se pudo determinar que el gen *bla_{VIM}* se encontraba a la forma de casete dentro de la zona variable de esta plataforma genética. En siete cepas el gen *bla_{VIM}* se encontró como casete único inserto en una zona variable de aproximadamente 954 pb. En una cepa, la zona variable tiene un tamaño molecular mayor a 1.500 pb, sugiriendo además, la presencia de otro casete genético de resistencia inserto en esta misma zona variable. El análisis de las secuencias del gen *bla_{VIM}* permite concluir que en las siete cepas estudiadas éste correspondió al gen *bla_{VIM-2}*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Gerardo González Rocha*

País: Chile

Email: ggonzal@udec.cl

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

OCURRENCIA DE DETERMINANTES *TET* EN BACTERIAS ASOCIADAS A LA SALMONICULTURA EN CHILE

González Gerardo, López Yuly, Sherman Stefanie, Teneb Jaime, Domínguez Mariana.

RESUMEN: La oxitetraciclina es un antibiótico muy utilizado en la salmonicultura chilena para prevenir y tratar diversas patologías; sin embargo, su uso masivo ha seleccionado bacterias resistentes en centros de cultivo. En este trabajo se estudió la presencia de genes *tet*, que codifican resistencia a tetraciclina, en 128 bacilos Gram negativos (BGN) resistentes a este antibiótico, aislados en centros de cultivo y pisciculturas de las regiones VIII y XIV de Chile. Se determinó los perfiles de resistencia a otros 8 antibióticos y el nivel de resistencia a tetraciclina, mediante difusión en agar y dilución seriada en placa, respectivamente. Por PCR se investigó 10 variantes de genes *tet*. Los resultados indican que la mayoría de las cepas presentó resistencia a alguno de los antibióticos ensayados y 76,5% exhibieron resistencia simultánea a más de 4 antibióticos. El rango de concentración mínima inhibitoria (CMI) de tetraciclina varió entre 16-1.024 µg/ml. Se encontró los siguientes determinantes *tet*: *tetA* (16,4 %), *tetB* (13,3 %), *tetC* (7,8 %), *tetD* (7,0 %), *tetH* (14,8 %), *tetG* (7,8 %) y *tetMOS* (1,6 %), mientras que el gen *tetE* no se detectó en ninguna de las cepas analizadas. En 39% de las cepas *tet* (+), el gen se encontró como único determinante y en 14,8% se encontraron en variadas combinaciones. En 46% de las cepas no se encontró los determinantes *tet* pesquisados, por lo que, la resistencia a tetraciclinas en estas cepas podría estar mediada por determinantes *tet* no ensayado en el estudio o por otro mecanismo de resistencia. Se concluye que los determinantes *tetA*, *tetB* y *tetH* son frecuentes en la microbiota asociada a centros de cultivo de salmones en Chile, los cuales confieren elevados niveles de resistencia a tetraciclina, reflejándose en la media geométrica de la CMI, con un valor de 412 µg/ml para cepas con *tetA*, 256 µg/ml con *tetB* y 331 µg/ml con *tetH*. Además, se destaca el hallazgo del gen *tetH*, siendo la segunda descripción de este determinante en cepas de Chile, pero en especies bacterianas diferentes de las descritas en la literatura. Por otra parte, se describe por primera vez cepas con determinantes *tetMOS*. FONDECYT 1040924

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Norma Binsztein*

País: Argentina

Email: nbinsztein@anlis.gov.ar

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

VIBRIO CHOLERAE EN AMÉRICA LATINA: REVISIÓN HISTÓRICA Y NUEVOS DESAFÍOS. ¿V. CHOLERAE DESAPARECIÓ O AÚN EXISTE EN LA REGIÓN?

Norma Binsztein*, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas – ANLIS “Carlos G Malbrán”, Argentina.

RESUMEN: Desde 1817 se reportaron 7 pandemias de cólera, todas producidas por *V. cholerae* del serogrupo O1. El cólera es una enfermedad re-emergente en América a partir de la epidemia iniciada en Perú en enero de 1991 y propagada a 18 países del continente. Los principales factores de patogenicidad de *V. cholerae* con potencial epidémico son la toxina de cólera (CT) y la fimbria TCP (toxin coregulated pilus), que media la adherencia específica y actúa además como receptor para el fago $\text{ctx}\phi$, portador de los genes que codifican CT. En Argentina, se han realizado estudios de diversidad genética utilizando la metodología de electroforesis en campo pulsado (PFGE). Los resultados permitieron determinar que todos los brotes de cólera (ocurridos desde 1992 hasta 1998) fueron causados por un mismo clon de *V. cholerae* O1, CT+, TCP+, que a su vez, fue el mismo identificado en otros países de la Región. La aplicación de PFGE permitió, además, el hallazgo de un grupo de aislamientos genéticamente relacionados, Variante Tucumán, que no producían CT ni TCP, a pesar de haber causado diarrea. Estos aislamientos sí producían hemolisina El Tor y por MLST se demostró que se encuentran distantes del serogrupo O1 y cercano a no-O1, adquiriendo el antígeno O1 por transferencia horizontal. Estudios realizados en *V. cholerae* no-O1, no-O139 mostraron que este grupo, de alta diversidad genética, en general carece de CT y TCP, pero persiste como agente causal de diarreas. El reservorio natural de *V. cholerae* es el ambiente acuático. En condiciones ambientales desfavorables puede sobrevivir largo tiempo en un estado durmiente, denominado “viable-no cultivable” (VNC), capaz de retener su potencial patogénico. En Argentina, se ha demostrado la existencia de reservorios ambientales de *V. cholerae* O1 VNC, CT+, TCP+ por PCR y por inmunofluorescencia. Además, se puso en evidencia la asociación de *V. cholerae* VNC con *Noctiluca scintillans* un dinoflagelado marino. Estos hallazgos indican la importancia de mantener el alerta y la vigilancia activa de *V. cholerae* O1 y también la de *V. cholerae* no-O1, por la capacidad de transferencia horizontal de genes y el surgimiento de nuevas cepas con potencial epidémico

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Miguel Martínez*

País: Chile

Email: mimartin@udec.cl

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CAPACIDAD DE BACTERIAS ACUÁTICAS PSICROTOLERANTES PARA DEGRADAR HALOFENOLES.

Martínez Miguel, Silva Johanna, Estuardo Andrea, Aguayo José

RESUMEN: Los compuestos halofenólicos incorporados al ambiente, principalmente, por actividades industriales son tóxicos y recalcitrantes. Por esto, su presencia en ambientes acuáticos prístinos, como los lagos de la Patagonia chilena, pueden ocasionar alteraciones a la microbiota presente en ellos. En este trabajo, se investigó las capacidades degradativas de bacterias presentes en microcosmos de lagos patagónicos psicrófilos oligotróficos. Para esto, se obtuvieron muestras de agua de los lagos “Alto Reino”, “Las Dos Torres”, “Venus” y “Orilla Camino” de la Región de Aysén (Chile Austral) y por cromatografía de gas con detector de masa, se estudió en ellas la presencia de compuestos halofenólicos. Paralelamente, con las muestras de agua se prepararon microcosmos de 100ml los que fueron adicionados con $20\mu\text{gml}^{-1}$ de 2,4-diclorofenol (24DCP), ácido 2,4-diclorofenoxiacético (24D), 2,4,5-triclorofenol (245TCP), 2,4,6-triclorofenol (246TCP), 2,4,6-tribromofenol (246-TBP), o pentaclorofenol (PCP). Además, se preparó otros microcosmos que fueron adicionados con la misma concentración de los halofenoles y 0.3mM de glucosa. Los microcosmos fueron incubados en agitación constante (120rpm) a 4 ó 20°C. Detectado el consumo del halofenol mediante espectroscopia UV (200-350nm), se aislaron las bacterias y se caracterizaron sus propiedades bioquímicas. Los resultados demostraron que las comunidades bacterianas degradaron completamente 246-TBP y 246-TCP, y parcialmente 24D, 2,4DCP y PCP, después de 72h de incubación. Las bacterias aisladas correspondieron en su totalidad a bacilos Gram negativos, pero ninguno de ellos demostró capacidad para degradar por sí solos los halofenoles ensayados. Tampoco se detectó en los microcosmos la presencia de los genes *tcpA* y *tcpC*. Los resultados sugieren que los microcosmos estarían conformados por un consorcio bacteriano psicrotolerante, con capacidad para degradar total o parcialmente diversos halofenoles. Financiamiento: Proyecto FONDECYT 1070497.

DETALLE DEL RESUMEN

Miguel Martínez

Autor: *

País: Chile

Email: mimartin@udec.cl

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

PROPIEDADES FISIOLÓGICAS Y TOLERANCIA A HALOFENOLES DE BACTERIAS AERÓBICAS HETEROTRÓFICAS DE LAGOS DE LA PATAGONIA CHILENA.

Martínez Miguel*, Chile.

Aguayo José,

Jiménez Angela

Silva Johanna.

RESUMEN: Las bacterias que habitan lagos oligotróficos psicrófilos deben poseer la flexibilidad fisiológica necesaria para enfrentar las permanentes oscilaciones ambientales como disponibilidad de nutrientes, temperaturas así como una eventual incorporación de materia orgánica tóxica. En este trabajo se investigó, en bacterias aeróbicas heterotróficas psicrotolerantes aisladas desde lagos de la Patagonia (Chile Austral), las propiedades enzimáticas (amilolíticas, lipolíticas y proteolíticas), y sus capacidades para utilizar de diversos sustratos mediante el sistema Biolog Ecoplate, capacidad para acumular polímeros intracitoplasmáticos de polihidroxialcanoato (PHA). Además, se les investigó los niveles de tolerancia frente a halofenoles (pentaclorofenol, 2,4-diclorofenol, ácido 2,4-diclorofenoxiacético, 2,4,5-triclorofenol, 2,4,6-triclorofenol y 2,4,6-tribromofenol). En estos lagos se encontró una población de bacterias recuperables en cultivo que no superó el 0.1%. El porcentaje de cepas bacterianas con PHA osciló entre 0.53 y 64% de las células, el cual correspondió a polímeros de cadena corta. Entre las cepas aisladas predominaron aquellas con actividad proteolíticas (78%) y los halofenoles más tolerados por las cepas aisladas fueron 2,4,6-tribromofenol y 2,4,6-triclorofenol y el menos tolerados 2,4,5-triclorofenol. Los resultados permiten concluir que en los lagos patagónicos existe una baja proporción de bacterias recuperables en cultivo pero estas poseen una moderada tolerancia a los halofenoles ensayados. Además, al comparar el empleo de los sustratos disponibles en el sistema Biolog Ecoplate permite suponer que los lagos patagónicos estudiados estarían conformados por comunidades bacterianas diferentes, pero con capacidad para responder frente a eventuales modificaciones de su entorno. Financiamiento: FONDECYT 1070497

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Consuelo Vanegas*

País: Colombia

Email: mvanegas@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

IDENTIFICACIÓN POR PCR 16S DE *LACTOBACILLUS SPP* Y *BIFIDOBACTERIUM SP* AISLADOS DE LECHE MATERNA Y NEONATOS.

Vanegas L. María Consuelo, González G. Lina María, Martínez L. Aída Juliana.

RESUMEN: La necesidad de suplir la demanda industrial en alimentos funcionales y el uso de bioconservantes en alimentos, ha generado el interés de aislar cepas de origen humano. Para tal fin, con frecuencia se reportan cepas de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp* que previenen enfermedades, estimulan la respuesta inmune, producen sustancias inhibitorias etc. Estos microorganismos se pueden encontrar en el intestino de personas sanas, principalmente neonatos, y en los últimos años se han aislado de leche materna. El objetivo de este estudio fue aislar e identificar mediante microbiología clásica y PCR cepas de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp* provenientes de leche materna y neonatos. Las muestras fueron colectadas de diez madres voluntarias y sus respectivos hijos lactantes por medio de la Clínica Magdalena de Bogotá (Colombia) y referidos. (Aprobación del comité de ética). Se procesaron en agar MRS por 72 horas a 30°C y se seleccionaron las cepas que presentaron morfología típica. Se estandarizó la PCR con el protocolo reportado por Dubernet para la identificación de *Lactobacillus sp* y con el reportado por Kok para la identificación de *Bifidobacterium sp*. Las cepas controles fueron *Lactobacillus plantarum*, donada por el Instituto Ziel Alemania y *Bifidobacterium breve* ATCC 15700. Se identificaron cuarenta cepas de *Lactobacillus sp* y diecisiete cepas de *Bifidobacterium sp*. En todos los casos, de las muestras de leche materna se recuperó mayor número de cepas distintas por muestra, comparado con los aislamientos de las muestras de neonatos. Este estudio sugiere que tanto en la microbiota intestinal de neonatos como en la leche materna hay *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp* y que esta última puede constituir una fuente constante de estas bacterias al hijo mediante la transmisión de cepas en el momento de la lactancia. Se sugiere la utilización de los primers utilizados en este estudio como un método confirmatorio en la identificación de cepas de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp*. Así mismo, se recomienda realizar estudios posteriores para determinar mediante genotipificación molecular relaciones directas de cepas provenientes de leche materna y de neonatos y caracterizar sus potenciales usos en bioconservación y en probióticos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Luis Carlos Torres*

País: Venezuela

Email: ltorresucv@gmail.com, ltorresucv@yahoo.com.

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CARBAPENEMASAS TIPO OXA EN AISLADOS DE *ACINETOBACTER BAUMANNII* DEL ÁREA METROPOLITANA DE CARACAS-VENEZUELA.

Torres Luis ,Anzola Y,Cuaical N.,Delgado Y., Cátedra Marcano D., Márquez N,Mora T., Montilla N,Morales M., Torres M., Rodríguez J..

RESUMEN: *Acinetobacter baumannii* presenta una gran variedad de mecanismos de resistencia antimicrobiana, entre las cuales se encuentran las Carbapenemasas tipo OXA. Estas enzimas, con actividad hidrolítica frente a antimicrobianos eficaces como los Carbapenems, comprometen las opciones terapéuticas para aislamientos multirresistentes. La búsqueda de Carbapenemasas tipo OXA se efectuó fenotípicamente y molecularmente en 36 aislados de *A. baumannii* provenientes de diferentes Centros de Salud del Área Metropolitana de Caracas-Venezuela. La identificación se realizó con pruebas bioquímicas convencionales y el sistema automatizado VITEK como complejo *Acinetobacter baumannii-calcoaceticus* y, mediante ensayos de PCR se realizó la detección de enzima cromosómica específica OXA-51 de *A. baumannii*. El perfil de susceptibilidad se determinó según criterios de la CLSI 2007, la actividad enzimática contra los Carbapenems se detectó mediante tests fenotípicos (Hodge y Hodsuda) y a través de PCR se identificaron los genes codificantes para carbapenemasas tipo OXA-23 y OXA-58. La Carbapenemasa tipo OXA-23 se detectó en 33 de los aislados de *A. baumannii* con una resistencia a Imipenem-Meropenem y test fenotípicos positivos; pero no se observó en 3 aislados sensibles a Carbapenems. Mientas que la carbapenemasa tipo OXA-58 fue hallada mayoritariamente coexistiendo en aislados portadores de OXA-23, sin embargo, en un aislado con sensibilidad disminuida a los carbapenems (CIM= 1µg/ml) se logró identificar como única carbapenemasa a la OXA-58. Se determinó que la presencia de OXA-23 incrementa los niveles de resistencia a carbapenems en los aislados de *A. baumannii*. A pesar que OXA-58 puede mostrar sensibilidad *In Vitro* a Carbapenems, puede conducir a una falla terapéutica por efecto de inóculo o cuando se encuentre asociada a otros mecanismos de resistencia como sistemas de eflujo e impermeabilidad. Recomendamos la detección del marcador cromosómico OXA-51 como herramienta de identificación de *A. baumannii*. Cabe destacar, que este es el primer reporte de carbapenemasas tipo OXA realizado en Venezuela. Financiamiento: Proyecto individual y grupal CDCH-UCV

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Francisco Morales*

País: Ecuador

Email: franciscom@mail.usfq.edu.ec, franmorales11@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

SEROEPIDEMIOLOGÍA DE MALARIA EN LA PROVINCIA DE SUCUMBÍOS, ECUADOR.

Morales Francisco, Kulkarni Manisha, León Renato, Espinel Mauricio, Drakeley Chris.

RESUMEN: Antecedentes: En Ecuador, la Malaria es endémica y causa de significativa morbilidad en la Costa y Amazonía. 7813 casos de Paludismo fueron reportados en el país en el 2006, 6.6% de los cuales fueron notificados en Sucumbíos (IPA 5.18). Métodos: En un periodo de un mes se obtuvieron muestras de sangre total de los pacientes que asistieron al Centro de Salud de cada comunidad. Se realizó tinción GIEMSA en gota gruesa y extendido. La prueba rápida Now® Malaria Binax Test fue utilizada en individuos sintomáticos. Cada muestra fue pareada con una encuesta en la que se incluyeron datos de uso de tierra. Las muestras fueron analizadas mediante ELISA utilizando dos antígenos para *Plasmodium falciparum* (PfAMA-119, PfMSP) y dos para *P. vivax* (PvAMA-119, PvMSP). El punto de corte para cada antígeno fue calculado usando los datos combinados de todas las comunidades. Resultados: Se tomaron 848 muestras de sangre en lámina y papel filtro en 9 comunidades. El examen microscópico de las placas reveló 3 casos de *P. vivax*; la prueba rápida identificó 2 casos de Malaria por *P. falciparum*. El porcentaje de positividad varió entre 0% (Miss Ecuador) y 30% (Santa Rosa de Sucumbíos) utilizando ELISA. Se demostró una correlación entre antígenos diferentes en una misma especie (*P. falciparum* $r^2=0.7019$; *P. vivax* $r^2=0.6263$); así como, entre antígenos similares en distintas especies de parásito (AMA-119 $r^2=0.5884$; MSP-119 $r^2=0.6817$). Los resultados serológicos fueron triangulados con datos geográficos y del cuestionario, identificándose 3 comunidades representativas de baja (Cofan Dureno), media (El Eno) y alta (Santa Rosa de Sucumbíos) transmisión de malaria. Conclusiones: El test de ELISA es una herramienta útil para estudiar cuantitativamente la exposición de una población a *Plasmodium spp.* Esta información junto con datos parasitológicos, entomológicos, sociológicos y geográficos aportan significativamente al estudio de los patrones de transmisión del parásito especialmente en zonas hipoendémicas, en donde a pesar de encontrarse pocos casos activos, el parásito se encuentra en circulación.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Barragán Verónica*

País: Ecuador

Email: veronicab@usfq.edu.ec

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

COMPOSICIÓN DE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS DE UN SUELO CONTAMINADO Y NO CONTAMINADO CON PETRÓLEO EN LA PROVINCIA DE FRANCISCO DE ORELLANA, AL NORTE DE LA AMAZONÍA ECUATORIANA

Barragán Verónica, Aveiga Iván, Trueba Gabriel

RESUMEN: El estudio de las comunidades microbianas nativas responsables de la degradación de los hidrocarburos que conforman el petróleo es un campo que debe ser investigado antes de aplicar procedimientos de biorremediación. En el Ecuador, los derrames de petróleo en su mayoría ocurren en áreas ecológicamente protegidas y resulta cuestionable la introducción de bacterias alóctonas para los procesos de biorremediación. Este estudio compara la composición de dos suelos en el norte de la Amazonía Ecuatoriana, uno contaminado con petróleo y otro no contaminado. La caracterización de la microbiota se realizó utilizando técnicas moleculares y métodos de cultivo clásico. El análisis del 16S rARN muestra diferencias importantes entre la composición microbiana de las dos muestras. El índice de Shannon (H') fue utilizado para estimar la diversidad en los dos suelos. La diversidad fue mayor en el suelo no contaminado ($H'= 2.16$) que en el contaminado ($H'= 1.72$). En la muestra de suelo contaminado se encontró dominancia de proteobacterias (alfa – beta y deltaproteobacteria), mientras que las acidobacterias dominaron en el suelo no contaminado. La mayoría de secuencias obtenidas a partir de la muestra contaminada mostraron homología con bacterias que degradan compuestos hidrocarbonados. Sin embargo, estudios posteriores son necesarios para determinar si las diferencias encontradas se deben o no a procesos de biorremediación espontánea causados por actividad microbiana.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Juan Carlos Escobar*

País: Ecuador

Email: juane@usfq.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

EVIDENCIA DE TRANSFERENCIA HORIZONTAL DEL GEN DE LA TOXINA TERMOLÁBIL EN *ESCHERICHIA COLI* ENTEROTOXIGÉNICA BAJO CONDICIONES NATURALES

Escobar Juan Carlos, Rojas Patricio, Trueba Gabriel

RESUMEN: Antecedentes del Estudio: *Escherichia coli* enterotoxigénica (ETEC) es una de las principales causas de diarrea en países en vías de desarrollo. La característica enterotoxigénica de *E. coli* no está ligada con el serotipo de la bacteria, sino que, es adquirida por la transferencia horizontal de los genes que codifican las toxinas termolábil (LT) y termoestable (ST), los cuales están localizados en distintos tipos de plásmidos transferibles mediante conjugación. El propósito del presente estudio fue investigar la posibilidad de transferencia horizontal del gen LT desde este plásmido en condiciones naturales. Materiales y Métodos: A partir de muestras de heces colectadas en 21 comunidades remotas del norte de la provincia de Esmeraldas se aislaron *Escherichia coli*, de las cuales se identificó a las ETEC mediante PCR para determinar la presencia del gen LT. ETEC fueron sometidas a electroforesis de campo pulsado (PFGE) para determinar la relación clonal entre las mismas. Además, los genes LT fueron secuenciados para determinar su relación. Resultados: Dos aislados LT positivos y clonalmente no relacionados de *E. coli* fueron de un mismo individuo. La secuencia del gen LT resultó ser igual en ambos aislados. Para confirmar los resultados de las secuencias, se procedió a amplificar otras porciones del gen LT, así como, las regiones flanqueantes del mismo y se comparó las secuencias con otros aislados de la misma comunidad. Discusión: Dado que las probabilidades de que una misma persona sea colonizada por dos distintos genotipos de ETEC simultáneamente es muy remota, la evidencia recabada en nuestra investigación sugiere que el gen LT puede transferirse en condiciones naturales de una cepa de *E. coli* a otra. Aún más, nuestros datos también apuntan a que la transferencia horizontal del gen LT puede ocurrir en el intestino humano. Este hallazgo tiene importantes implicaciones epidemiológicas. Este estudio explicaría en parte la razón por la que difícilmente se encuentra relación clonal entre ETECs. Se sabe que la transferencia del gen LT es suficiente para transformar a *E. coli* comensal en el patotipo enterotoxigénico, por lo tanto una tasa elevada de transferencia horizontal de estos genes podría explicar la facilidad con la que se produce el contagio de esta bacteria.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Andrés Abril*

País: Ecuador

Email: aabril@usfq.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

EPIDEMIOLOGÍA DE LA LEPTOSPIROSIS EN LOS BARRIOS MARGINALES DE GUAYAQUIL

Abril Andrés, Trueba Gabriel ,Espinel Mauricio

RESUMEN: Antecedentes del estudio: Leptospirosis, una de las zoonosis más comunes del mundo, es causada por espiroquetas patógenas del género *Leptospira* y las manifestaciones clínicas que van desde un síndrome gripal hasta un cuadro hemorrágico grave. La infección es transmitida por la orina de perros, gatos, ratas y otros animales. El agua de lluvia, moviliza la bacteria del suelo, de manera que, el contacto con esta agua es otra forma de contagio. La población de los barrios marginales de Guayaquil presenta todas las condiciones para la transmisión y han sufrido algunos brotes de esta enfermedad. El propósito del presente trabajo fue investigar la incidencia de leptospirosis en la población de los barrios pobres de Guayaquil durante el período lluvioso del año 2008. Métodos utilizados: Tres gotas de sangre fueron obtenidas de pacientes febriles mediante punción digital, colocadas y secadas en papel filtro. Las muestras se sometieron a análisis de ELISA IgM. La estadística se realizó con EpiInfo y StatView. Adicionalmente, se obtuvieron datos retrospectivos de historias clínicas de los pasados 5 años (2003-2007) de pacientes sospechosos de leptospirosis que acudieron al “Hospital de Infectología José Daniel Rodríguez Maridueña” de Guayaquil. Resultados: Se obtuvieron muestras de 135 pacientes febriles, 88 (65%) mujeres y 47 (35%) varones de los barrios marginales. Las manifestaciones clínicas más comunes fueron sufusión conjuntival, oliguria e ictericia. El diagnóstico clínico generado por los médicos de estos casos febriles fue dengue (68%), leptospirosis 20.7%, malaria 8.8 %. Los resultados de ELISA mostraron que 5 de los sospechosos de leptospirosis, 11 de los diagnosticados como dengue y 2 casos sospechosos malaria tuvieron IgM positiva para leptospirosis. Los factores de riesgo analizados demuestran que los principales asociados con la enfermedad son el contacto con agua de alcantarilla, inundación y la existencia de ratas, de igual manera los grupos más afectados son amas de casa y estudiantes. Ciento siete historias clínicas se analizaron y se observó que la mayoría de LSP fueron varones de edades entre 15 a 30 años, las principales manifestaciones fueron fiebre y cefalea. El 68% de LSP positivos a IgM contra *Leptospira*, 21.5% positivos para leptospirosis y dengue. Conclusiones: La investigación demuestra que la leptospirosis es una enfermedad importante en los barrios marginales de Guayaquil. Muchos casos de leptospirosis son confundidos con enfermedades tales como dengue y malaria, pues la sintomatología más común es muy general e inespecífica, aquí demostrada y los factores de riesgo, contacto con basura, agua de inundación y presencia de ratas son causantes de la enfermedad en estos barrios.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Inés Baquero*

País: Ecuador

Email: juane@usfq.edu.ec

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

DETERMINACIÓN DE LA PREVALENCIA DE INFECCIÓN POR *LEPTOSPIRA SPP.* MEDIANTE LA TÉCNICA DE PCR, EN GANADO BOVINO DE LA SIERRA Y COSTA ECUATORIANAS.

Baquero María Inés, , López Nadia ,Mejía María Eugenia, Trueba Gabriel

RESUMEN: Antecedentes del estudio: La leptospirosis bovina, a más de ser un riesgo zoonótico, es una de las principales causas de abortos y mortinatos, también frecuentemente responsable de disminución de la producción láctea y muerte en esta especie animal. Una de las serovariedades bovinas más frecuentes a nivel mundial es Hardjo con sus dos tipos: *Leptospira borgpetersenii* tipo Hardjo-bovis y *Leptospira interrogans* tipo Hardjoprajitno. La infección se caracteriza por un curso crónico de sintomatología muy variable. La prevalencia de esta infección es difícil determinar, ya que, la serología es insuficiente para establecer el estatus infeccioso y el aislamiento microbiológico es una técnica que toma largo tiempo, es costosa y difícil. El presente reporte describe una técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en la que se emplean cebadores específicos para el gen *16S* ribosomal, en combinación con secuenciamiento de los amplicones como herramienta epidemiológica. Métodos utilizados: Se obtuvo orina de 269 animales correspondientes a diferentes haciendas ganaderas de la provincia de Pichincha (Machachi, Aloag, Cayambe) e Imbabura (Ibarra); en los meses de agosto, septiembre octubre, noviembre y diciembre de 2007, y 220 muestras de orina de los animales faenados en el mes de marzo de 2008 en el Camal metropolitano de Quito. La técnica de PCR empleada fue la de Merien, et al, la cual amplifica un fragmento de 331 pb de la región 16S RNA de *Leptospira spp*, La extracción de ADN de las muestras de orina, se realizó mediante el uso de CTAB® (detergente iónico de bromuro de cetiltrimetil amónico), obteniendo muy buenos resultados, tanto en calidad como económicamente. Resultados: Los resultados de esta investigación, muestran una prevalencia de aproximadamente el 22.3 % en ganado de la Sierra y predominantemente *Bos taurus*, y el 4.09% en ganado de Costa, predominantemente *Bos indicus*, resultados que se encuentran acorde con las estadísticas presentadas en otros estudios. Conclusiones: La técnica de PCR combinada con secuenciación de amplicones resultó exitosa para el estudio de prevalencia de leptospirosis bovina. La prevalencia de leptospirosis en ganado bovino detectada es similar a la encontrada en otros países. La diferencia encontrada entre los animales provenientes de la Costa y la Sierra es inexplicable al momento y será objeto de futuras investigaciones.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Sonia Zapata*

País: Ecuador

Email: soniaz@usfq.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

PREVALENCIA DE PAPILOMATOSIS GENITAL EN UN GRUPO AFRO-ECUATORIANO E INDÍGENA DE LA COSTA NORTE DEL ECUADOR.

Zapata Sonia, Ponce Karina, Butterworth James, Badano Inés, Trueba Gabriel.

RESUMEN: Antecedentes del estudio: El papiloma virus humano (HPV) se encuentra altamente asociado con desarrollo de carcinoma cervical como consecuencia de la infección crónica por parte del virus. Según los datos de Sociedad LCA, el cáncer cervical es el segundo tipo de cáncer más frecuente en Ecuador y afecta a mujeres entre 35 y 50 años, por lo tanto, una estrategia de prevención del cáncer cervical más allá de la vacunación, sería el diagnóstico temprano de la infección y un seguimiento de las mujeres infectadas. Métodos utilizados: Con el propósito de determinar la prevalencia de los tipos virales de alto riesgo se tomaron muestras de cepillados endo y exo cervicales a 233 mujeres afroecuatorianas con edades comprendidas entre 14 y 75 años, pertenecientes a 9 comunidades del cantón Eloy Alfaro perteneciente a la provincia de Esmeraldas. Para la detección viral se utilizó una PCR genérica que amplifica el gen MY11/09, luego en las muestras positivas se realizó una PCR-multiplex que amplifica segmentos específicos del oncogen (E6-E7) para identificar 10 genotipos virales de alto riesgo (16, 18, 31, 59, 45, 33, 6/11, 52, 56 y 58). Resultados: En este estudio se encontró una prevalencia de HPV del 15% en mujeres con pap-tests inflamatorios y la presencia de genotipos 18, 33, 56, 52 y 58 los cuales son considerados de alto riesgo por su estrecha relacionados con el apareamiento de cáncer cervical. Conclusiones: Estos datos son muy importantes si se considera que la vacuna desarrollada por Merck Sharp & Dohme produce inmunidad frente a cuatro genotipos carcinogénicos (16, 18, 6 y 11) que precisamente no son los genotipos oncogénicos más frecuentes en esta población de estudio.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María José Rodríguez Vaquero*

País: Argentina

Email: mcanca@fbqf.unt.edu.ar

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

COMBINACIÓN DE POLIFENOLES SOBRE LA VIABILIDAD DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* EN UN SISTEMA DE ALIMENTO.

Rodríguez Vaquero María José, Manca de Nadra María Cristina

RESUMEN: En alimentos, la tendencia actual es el uso de productos antimicrobianos naturales para su preservación debido a la resistencia microbiana a conservantes tradicionales. Los compuestos fenólicos están ampliamente distribuidos en el reino vegetal. En trabajos previos demostramos que las combinaciones de ácidos gálico-protocatéquico, gálico-cafeico y quercetina-rutina son óptimas para inhibir sinérgicamente el crecimiento de *Listeria monocytogenes* en medio de cultivo. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto antibacteriano de las combinaciones mencionadas sobre la viabilidad celular de *L. monocytogenes* en alimento. Las combinaciones se adicionan en concentraciones de 100 y 200 mg/l (50:50 v/v) en carne vacuna inoculada con *L. monocytogenes* (10^9 ufc/ml) y se incuban a 20 y 4°C, 21 días. El número de células viables se determina por el método de diluciones sucesivas en medio selectivo Palcam a distintos tiempos de incubación. Se realiza un control sin compuestos fenólicos. A 20°C, 100 mg/l de las combinaciones inhiben el crecimiento microbiano sin producir muerte celular. El máximo efecto inhibitorio (43,4%) corresponde a la mezcla rutina-quercetina. Con 200 mg/l las combinaciones de ácidos gálico-cafeico y rutina-quercetina producen muerte celular, disminuyendo 1,3 y 2 ciclos log el número de células inoculadas, respectivamente. La mezcla de ácidos gálico-protocatéquico presenta efecto inhibitorio del 41,4% con respecto al control. A 4°C, la adición de las distintas combinaciones ensayadas produce muerte celular independientemente de la concentración. Las mezclas más efectivas son ácidos gálico-cafeico y quercetina-rutina a concentración de 200 mg/l, no detectándose células viables en 14 días. Los resultados demuestran la posibilidad de utilizar combinaciones de compuestos fenólicos, especialmente mezclas de quercetina-rutina y ácidos gálico-cafeico, como biopreservativos naturales de alimentos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Fabiana Saguir*

País: Argentina

Email: mcmanca@fbqf.unt.edu.ar

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

SELECCIÓN DE CEPAS DE *OENOCOCCUS OENI* POR SUS CUALIDADES PARA PRODUCIR AROMAS EN CONDICIONES DE VINIFICACIÓN

Saguir Fabiana M, Maturano Carmen ,Loto Campos Íris E.,Manca de Nadra María Cristina

RESUMEN: El aroma del vino es un aspecto clave de su calidad. Las bacterias lácticas pueden contribuir a la formación de compuestos de aromas tipo mantecoso como diacetilo (requerido en concentración menor que 5 mg/l) u otros obtenidos por hidrólisis enzimática de precursores glicoconjugados, incrementando la calidad del producto. En un trabajo previo determinamos que *Oenococcus oeni*, identificada fenotípica y genotípicamente constituye la microflora predominante de vinos tintos del norte argentino. El objetivo de este trabajo es investigar las actividades β -glicosidasa y producción de diacetilo por las cepas de *O. oeni* aisladas de vinos argentinos en medio basal MRS+jugo de tomate 15%, pH 4,8 (MB) y MB adicionado individualmente o combinado con ácidos L-málico (2g/l) y cítrico (0.5 g/l), dióxido de azufre (80 mg/l) y jugo de uva (15%). Las células se cosechan a distintos tiempos de incubación a 30°C. La actividad β -glicosidasa y diacetilo se determinan espectrofotométricamente en suspensiones celulares utilizando p-nitrofenil- β -D-glucopiranosido y sobrenadantes de cultivo, respectivamente. En MB, de 47 cepas de *O. oeni* analizadas al final de fase exponencial, 70,2% no producen diacetilo y 20% lo forman en concentración inferior a 4 mg/l y se clasifican como grupo I y II, respectivamente. 18,2 y 11,1% de las β -glicosidasa específica superior a cepas del grupo I y II presentan actividad 80 U/g, respectivamente. En la cepa MS9, perteneciente al grupo I, la adición de los distintos sustratos al MB incrementa la formación de diacetilo de 0,30 a valores comprendidos entre 2,8 y 4,5 mg/l. El efecto es máximo en MB+ácido cítrico al final de fase exponencial. La actividad enzimática se mantiene constante. El ácido L-málico se consume completamente. Se deduce que la incapacidad de *O. oeni* para producir diacetilo es elevada. En el medio natural vino, la cepa MS9 presentaría óptimas cualidades para producir diacetilo en adecuada concentración con elevada actividad β -glicosidasa.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María José Tamariz*

País: Ecuador

Email: gorodriguez@puce.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

COMPARACIÓN DE LOS MÉTODOS PARA LA DETECCIÓN DE LA INFECCIÓN DE *HELICOBACTER PYLORI*: HISTOLOGÍA, RUT, PCR 16S rRNA Y ANTÍGENO EN HECES EN PACIENTES DEL HOSPITAL DE SANTO DOMINGO

Tamariz Cobos María José*, Santacruz Flores Fernando René, Nickl Nicholas, Peña Luis, Rodríguez Mora Oswaldo

RESUMEN: Se han realizado pocos estudios sobre la eficiencia de métodos diagnóstico para detectar *Helicobacter pylori* en Ecuador. En nuestro país, el método diagnóstico de referencia es la histopatología, puesto que existe una alta prevalencia de cáncer gástrico. Tomando en cuenta la alta incidencia de *H. pylori* en Ecuador y que éste es el factor de riesgo número uno para el desarrollo de cáncer gástrico, es necesario conocer el método de diagnóstico más efectivo. El cultivo, considerado estándar de oro, no se realiza rutinariamente en Ecuador porque conlleva muchas dificultades. El método de detección de antígeno de *H. pylori* en heces es demasiado costoso en laboratorios particulares. El RUT (rapid urea test), aunque es una práctica común, ve reducida su sensibilidad cuando no se usan kits comerciales. Este estudio presenta el ensayo basado en PCR del gen *16S rRNA* como un método diagnóstico: de menor costo que los otros métodos y que posee una sensibilidad y especificidad comparables o mayores que las de los otros ensayos. Se ha demostrado que este ensayo realizado en biopsias gástricas tiene un 94% de sensibilidad y un 100% de especificidad comparado con histopatología. La PCR del gen *16S rRNA* detecta la presencia de un fragmento de 139 pb, utilizando primers específicos. El objetivo de este estudio es comparar la sensibilidad, la especificidad y los valores predictivos positivo y negativo del ensayo basado en PCR del gen *16S rRNA* con los otros métodos diagnósticos utilizados en el país. El tamaño de la muestra fue de 20 pacientes del Hospital de Santo Domingo, éstos presentaban molestias abdominales, se realizaron una endoscopia gastrointestinal alta y no habían recibido tratamiento en los últimos 6 meses. Se utilizó la prueba del χ^2 con y sin corrección de Yates y el ANOVA para identificar si existían diferencias significativas entre la sensibilidad, la especificidad y los valores predictivos negativo y positivo de cada prueba.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Catalina Rojas*

País: Colombia

Email: cat-roja@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS CON PATOGENCIDAD POR LA BACTERIA *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* EN PRESENCIA DE HIDROCARBUROS DEL PETRÓLEO

Rojas Catalina*, Colombia.

Bernal A.

Vives Florez M.

RESUMEN: La bioaumentación de microorganismos para biorremediar ambientes contaminados con hidrocarburos es una técnica ampliamente aplicada en el mundo. En estos procesos participa un consorcio microbiano que complementa las funciones metabólicas de las bacterias aisladas para que colectivamente degraden los contaminantes. Entre las bacterias que son aisladas de estos ambientes, siempre se encuentran cepas de *Pseudomonas aeruginosa*, la cual es reconocida por sus propiedades de degradación. Sin embargo, esta bacteria es un patógeno oportunista, que afecta también afecta a personas sanas, así como animales y plantas. Adicionalmente, no se han encontrado diferencias genómicas, ni en virulencia en ensayos in vitro entre cepas de *P.aeruginosa* clínicas y ambientales, lo que genera interrogantes acerca del riesgo que supone la bioaumentación de bacterias potencialmente patógenas en un ambiente natural. Hasta el momento no se ha analizado el perfil de expresión en ambientes con petróleo debido a que no existe un protocolo de extracción de RNA, y por lo tanto, no hay reportes sobre la expresión de genes de patogenicidad en *P.aeruginosa* cuando se encuentra en procesos de biorremediación de hidrocarburos. En este trabajo se estandarizó un protocolo de extracción de RNA a partir de cultivos líquidos con petróleo crudo que permitió obtener RNA de buena calidad y amplificable por RT-PCR, método con el que se evaluó cualitativamente la expresión de 18 genes asociados con patogenicidad en *P.aeruginosa* comparado con un cultivo control. De los genes evaluados, se evidenció la expresión de la mayoría en ambas condiciones, lo cual permite suponer que durante los tratamientos de biorremediación *P.aeruginosa* expresa sus determinantes de patogenicidad, representando un riesgo para el entorno. Esto hace evidente la necesidad de establecer normas de bioseguridad y protocolos de seguridad industrial para trabajos de biorremediación.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Escalante Gisella*

País: Chile

Email: guiescalante@udec.cl

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN DE BACILOS GRAM NEGATIVOS FERMENTADORES RESISTENTES A ARSÉNICO AISLADOS DESDE EL RÍO CAMARONES, CHILE

Escalante Guisella, Agurto Juan, Badilla Consuelo, Campos Víctor, Mondaca María Angélica

RESUMEN: Los mecanismos de resistencia más utilizados en bacilos Gram negativos, frente a la presencia de arsénico en el ambiente, son la reducción y oxidación. Dichos mecanismos están mediados por los sistemas de operones *ars* y *aox*, respectivamente, los cuales pueden ser de origen plasmidial o cromosomal. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar 6 cepas de bacilos Gram negativos fermentadores aisladas desde muestras de sedimento del río Camarones (Chile), caracterizado por presentar altas concentraciones de arsénico. Las cepas en estudio se identificaron utilizando el sistema RapID™ One (Remel, INC). La identificación molecular fue realizada amplificando el gen *ADNr 16S* mediante PCR y su posterior secuenciación. Las secuencias obtenidas fueron comparadas y analizadas a través del programa BLAST. La determinación de la tolerancia a As (III) y As (V) se realizó mediante dilución seriada en placa. Las propiedades redox se investigaron cualitativamente utilizando KMnO_4 . La detección de los genes *arsC* se realizó mediante PCR utilizando los partidores *arsC-1-F* y *arsC-1-R* perteneciente al operón *ars* de *Escherichia coli*, y *arsC-1-F* y *arsC-1-R* perteneciente al operón *ars* de *Pseudomonas aeruginosa* y *P. putida*. La presencia de plasmidios se determinó utilizando el Plasmid Miniprep Kit. Las 6 cepas en estudio fueron identificadas, de acuerdo a sus propiedades bioquímicas como pertenecientes al género *Serratia*. Sin embargo, los estudios moleculares las ubicaron dentro del género *Serratia* y *Klebsiella*. Los niveles de resistencia variaron entre <2 y 40 mM para As (III) y entre 400 y 1000 mM para As (V). Cinco de las cepas presentaron actividad reductora. La presencia del gen *arsC* fue detectado en 3 de las 6 cepas bacterianas en estudio y 5 de las 6 cepas presentaron plasmidios. De acuerdo a los resultados obtenidos, se puede concluir que las cepas en estudio presentan altos niveles de tolerancia tanto para As (III) como para As (V) cuyos mecanismos de resistencia estaría dado por la presencia de los genes *ars*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Mauricia Corona*

País: Uruguay

Email: mcorona@fq.edu.uy

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

ANÁLISIS DE LA DINÁMICA DE UN SISTEMA DE TRATAMIENTO DE AGUA POR MÉTODOS MICROBIOLÓGICOS Y GENÉTICOS.

Corona Mauricia, Soubes Matilde.

RESUMEN: Más allá de la gran cantidad de estudios realizados sobre la calidad microbiológica del agua, aún quedan varias preguntas por responder. Esto se debe en parte, a las deficiencias de los métodos clásicos de cultivo. Este trabajo se realizó sobre un sistema de obtención de agua de un centro de diálisis. El principal objetivo de este trabajo es obtener información científica sobre el comportamiento de los microorganismos presentes en dicho sistema, empleando herramientas combinadas hasta ahora no utilizadas simultáneamente, tales como, métodos genéticos y análisis directo de células viables y no viables. Métodos: Se llevaron a cabo muestreos sucesivos con el fin de realizar un screening general del sistema empleando los métodos clásicos de cultivo. En este relevamiento se obtuvieron datos comparativos entre distintos medios que son aconsejados al presente por diferentes normativas. Se realizaron también ensayos para estudiar la eficiencia de la solución de conservación empleada para el almacenamiento de los dializadores in vitro y en condiciones de uso, siguiendo las directivas de las normas europeas. Se identificaron varias cepas según la secuencia del 16S. Por citometría de flujo se determinó la presencia de los microorganismos totales comparando con los recuperados por cultivo. Resultados: Se concluye que en la salida de la ósmosis reversa y en los puntos de uso se obtuvieron recuentos comparables en Plate Count Agar (PCA) y R2A. La recuperación en R2A fue significativamente mayor que en PCA solamente en algunas de las muestras de los puntos post- carbón y post-ablandador. Una solución salina ácida fue eficaz en la destrucción de *Stenotrophomonas maltophilia* in vitro y empleando un dializador. Algunas cepas fueron identificadas de las que no existen reportes hasta ahora en estos sistemas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Nelly Elera Ojeda*

País: Perú

Email: relera14@hotmail.com

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Oral

RESPUESTA INMUNOLÓGICA DE 2 VACUNAS ANTIPAPILOMA BOVINA EN TENERAS DE LA GRANJA FAZ-UNP

Nelly Elera Ojeda*, Perú.

RESUMEN: La presente investigación se basó en la problemática presentada en vaquillas de la granja de la Facultad de Zootecnia (FAZ) de la Universidad Nacional de Piura (UNP) aquejadas de papilomas en la piel que a pesar de la extracción quirúrgica nuevamente volvían aparecer, causando problemas secundarios por contaminación bacteriana. Por lo tanto, surge la necesidad de crear un método de prevención que ponga fin al problema y evitar la presentación en otros animales. El objetivo del trabajo fue evaluar la acción inmunológica de 2 vacunas en la prevención de la papilomatosis bovina en terneras de la granja FAZ de la UNP. La primera vacuna fue elaborada con papilomas procedentes de animales afectados de la misma granja y tratados con formol al 5%, y la segunda vacuna elaborada con el mismo virus pero inactivado con formol 3%. Se trabajó con un tamaño de muestra de 15 terneras hembras de 1-2 meses de edad, nacidas en la granja FAZ de la UNP. Se trabajó con 2 grupos experimentales y 1 grupo control, con 5 animales cada grupo. El grupo A recibió 5 ml de la vacuna 1, vía subcutánea; el grupo B recibió 5 ml de la vacuna 2, vía subcutánea y el grupo C o grupo control no recibió ninguna vacuna. La dosificación se practicó al mes de nacimiento, se repitió a los 15 días y se revacunó al mes de la segunda dosis, con la misma dosis y vía de aplicación. La contrastación de los resultados se realizó a través de mediciones de anticuerpos anti-papiloma en el suero de terneras y observación por 15 meses para determinar si se presenta respuesta de los animales inmunizados frente a los antígenos virulentos que se encuentran en la granja. Se valoró y midió la eficacia real de ambas vacunas entre los testigos enfermos y vacunados enfermos. La respuesta inmunológica y grado de protección de ambas vacunas fue del 100% presentándose la enfermedad (papilomas en piel) sólo en el grupo control, llegando a la conclusión que las dos vacunas elaboradas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Paul Cárdenas*

País: Ecuador

Email: paulcar101@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ANÁLISIS DE BROTES EPIDÉMICOS DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* EN LA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DEL HOSPITAL DEL SEGURO SOCIAL EN QUITO.

Cárdenas Paúl, Alarcón Marta, Narváez Isabel, Salazar Ramiro, Falconí Guillermo, Trueba Gabriel

RESUMEN: Las infecciones nosocomiales representan un grave problema de salud pública. En los países en desarrollo las tasas de infecciones nosocomiales son de 3 a 20 veces más altas que los de los países industrializados. Las infecciones causadas por bacterias nosocomiales, muchos de los cuales resistentes a muchos antimicrobianos, tienen altas tasas de mortalidad, morbilidad, y el costo de su tratamiento es elevado. *Staphylococcus aureus* es considerado como parte de la microbiota normal de la nasofaringe, pero puede producir infecciones respiratorias bajas, bacteriemia y sepsis, de hecho, *S. aureus* es la segunda causa más frecuente de bacteriemias nosocomiales. La presencia de *Staphylococcus aureus*, efectuados entre el personal del hospital aumenta el riesgo de infecciones nosocomiales de 2 a 3 veces en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI), unidades de diálisis, procedimientos quirúrgicos o la morbilidad, tratamiento y costo *Staphylococcus aureus* es una causa frecuente de neumonía nosocomial y bacteriemia. Técnicas de epidemiología clásica y molecular fueron utilizadas para estudiar los brotes epidémicos de *S. aureus* en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) del Hospital del Seguro Social en Quito. **Métodos:** Los aislamientos de *S. aureus* de 17 pacientes y 19 posibles portadores sanos en el personal, fueron obtenidos a partir de marzo de 2007 a febrero de 2008 y analizadas por electroforesis de campo pulsado (PFGE) para determinar las relaciones clonales. **Resultados:** En este período se identificaron 16 casos de neumonías nosocomiales, y un brote epidémico ocurrió entre junio y septiembre de 2007, cuyos aislados mostraron 7 diferentes patrones de PFGE; los aislamientos en su mayoría pertenecían a 4 grupos clonales, pero existieron además 2 grupos con patrones relacionados. La tipificación molecular no logró identificar a la fuente de infección entre los miembros del personal de la UCI considerados posibles portadores. **Conclusión:** El presente estudio demostró que el brote epidémico que se produjo durante el verano de 2007 fue causado por bacterias originarias de diferentes clones. Un análisis histórico de las infecciones en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) mostró un aumento en la incidencia de *S. aureus* durante los meses de verano (junio a septiembre). El tiempo de los brotes coincidió con la rotación programada del personal por vacaciones. Los datos sugirieron que los brotes fueron producidos por la introducción de personal inadecuadamente capacitado en la UCI.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Juan Silva*

País: Chile

Email: jsilva@uantof.cl

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE ENTEROCOCOS RESISTENTES A VANCOMICINA AISLADOS EN HOSPITALES CHILENOS.

Silva Juan*, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

Hormazabal Juan Carlos, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile.

Maldonado Aurora, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile.

Baquero Fernando, Hospital Ramón y Cajal, Madrid, España.

Torres Carmen, Universidad La Rioja, Logroño, España.

Del Campo Rosa, Hospital Ramón y Cajal, Madrid, España.

RESUMEN: Los enterococos resistentes a vancomicina (ERV) han sido mundialmente reconocidos como uno de los patógenos más importantes causantes de infecciones nosocomiales. El objetivo de este estudio fue caracterizar fenotípicamente y genotípicamente 70 cepas de ERV aisladas en 16 hospitales de 4 Regiones de Chile. La identificación se realizó por pruebas bioquímicas, la relación fenotípica se determinó por el sistema Phene-Plate y su relación genética por electroforesis de campo pulsado (PFGE-*Sma*I) y MLST. Se investigó la presencia de genes de resistencia a antibióticos y de virulencia mediante PCR con cebadores específicos. La susceptibilidad a varios antibióticos fue determinada mediante la técnica de dilución seriada en placa. De un total de 60 *E. faecium* y 10 *E. faecalis*, se identificaron 5 patrones de PFGE diferentes, que se asignaron mediante MLST a *E. faecium* CC17-ST64 y *E. faecalis* ST201. El 100% de las cepas exhibieron resistencia a vancomicina, ciprofloxacino, eritromicina, amikacina y clindamicina. Frente a ampicilina, la resistencia observada fue de 75,4%, a cloranfenicol 86,9%, a tetraciclina 95,6% y la resistencia a altos niveles de gentamicina fue de 95,6%. Todas las cepas albergaban el gen *vanB2*. Los análisis del Ph-Plate permitieron la tipificación de 5 PhP-tipos diferentes, siendo prevalentes los PhP-tipo 3, (16 cepas) y PhP-tipo 5 (17 cepas). Todos los aislados contenían el operón *vanB2*-Tn5382, y en todos los aislados de *E. faecium* contenían además, la inserción ISEnfa110. Casi todos los aislados presentaban genes de resistencia *erm*(B), *tet*(M), *aph*(3'), and *aac*(6')-*aph*(2''), y en todos aislados de *E. faecalis* se detectaron factores de virulencia. Se concluye que, un número importante de cepas de enterococos *vanB2* pertenecen a clones dominantes, los que fueron identificados, tanto por el sistema fenotípico Phene-Plate, como genéticamente por PFGE/*Sma*I y MLST, están circulando en diferentes hospitales de Chile.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Gerardo Medina Ramírez*

País: Venezuela

Email: medinag@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

EVALUACIÓN PRELIMINAR DE LA FLORA MICROBIOLÓGICA DEL PROCESO DE COMPOST DE DESECHOS DERIVADOS DE LA PRODUCCIÓN DE CACAO.

Lobo S. María L., Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Escuela de Farmacia, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Cubillan R. Isabel C., Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Escuela de Farmacia, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Zambrano Alexis, Laboratorio de Investigaciones y Análisis Químico Industriales y Agropecuarios, Facultad de Ciencias, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Medina Ramírez Gerardo*, Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Escuela de Farmacia, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Andrades EDJ., Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Escuela de Farmacia, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Grassi Cristina, Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Escuela de Farmacia, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

RESUMEN: La disposición en el ambiente de residuos orgánicos sin tratar, constituye una fuente importante de contaminación, una solución para este problema es el tratamiento y uso de dichos residuos como abono para la nueva cosecha. Un ejemplo de ello, son los residuos de la cosecha y/o poda del cacao los cuales en algunos casos son reciclados e incorporados al suelo como abono orgánico. El método más comúnmente utilizado para la consecución de este objetivo es someter estos residuos a un proceso de estabilización mediante el compostaje. Este es un proceso biooxidativo controlado, en el que intervienen numerosos y variados microorganismos para llevar a cabo la total descomposición del material vegetal. En este resumen, se muestra la caracterización de la flora microbiana presente durante el compostaje de los residuos de la cosecha y poda del cacao. Para ello, se monitorearon algunos de los factores que influyen sobre el proceso, tales como pH, temperatura y humedad y se recolectaron muestras los primeros 10 días y al final del proceso. Las muestras recolectadas se diluyeron en agua estéril y se sembraron en placas con agar tripticosa soya, agar cetrimida y medio FC, se incubaron a temperaturas entre 24 a 55 °C, dependiendo de la temperatura medida en el compost en el momento de la toma de muestra. Todas las muestras colectadas mostraron crecimientos variados, en cada caso se aislaron y cultivaron los microorganismos más representativos, procediéndose a realizar una caracterización macro y microscópica. La identificación preliminar mostró que el grupo de microorganismos más importantes fueron los Gram positivos en particular se encontró *Staphylococcus* y *Micrococcus*, predominando la presencia de *Staphylococcus*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Andrés Bastidas*

País: Ecuador

Email: cabastidasc@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

SUSCEPTIBILIDAD EN AISLADOS CLÍNICOS DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* A METALES PESADOS Y DETECCIÓN DE SISTEMAS DE EXPULSIÓN ACTIVA

Andrés Bastidas, Jeannete Zurita, Ivonne Herrera, Iliana Alcocer

RESUMEN: *Staphylococcus aureus* es un importante patógeno humano, responsable de una gran variedad de enfermedades como: bacteremia, endocarditis, pulmonía, infecciones en la piel, etc. Tales dolencias son difíciles de tratar por su resistencia a antibióticos e inclusive a metales pesados como: cadmio (Cd), mercurio (Hg), plomo (Pb) y cromo (Cr), usados frecuentemente en desinfectantes y antisépticos. Esta resistencia a metales pesados está codificada por genes, tanto en el cromosoma como en plásmidos. Uno de los principales mecanismos de esta resistencia son sistemas proteicos de expulsión activa. La exposición de *S. aureus* a metales pesados puede actuar también como un importante factor secundario en la selección de organismos resistentes y capaces de sobrevivir a estos agentes. El objetivo del presente estudio fue determinar la resistencia a metales pesados y detectar la presencia de proteínas de expulsión activa en aislados resistentes que presentaron una elevada Concentración Inhibitoria Mínima (CIM). Se analizaron 100 aislados clínicos de *S. aureus* según lo descrito para la susceptibilidad a antimicrobianos por BAUER et al. (1966) siguiendo los parámetros sugeridos por el “Clinical and Laboratory Standards Institute” con modificaciones para metales pesados según lo sugerido por ATENCIO et al. (2005). Para la detección de sistemas de expulsión activa se realizaron pruebas de microdilución con caldo usando un inhibidor proteico y comparando el crecimiento bajo los diferentes metales. Los resultados muestran que el metal más efectivo contra *S. aureus* es Hg con un 26,80% de resistencia, seguido de Cr con 42,55% de resistencia. Los metales que menos daño causaron son el Pb y el Cd con 79,41 y 63,44%, respectivamente. Por otro lado, las pruebas de microdilución para el Hg y Cd muestran que de todas las cepas resistentes a Hg y Cd, el 25,30 y 20,33% tienen sistemas proteicos de expulsión activa respectivamente. Lo dicho, pone en claro que la resistencia bacteriana a metales pesados depende en gran medida del metal probado; además, en cepas resistentes al Hg y Cd existen sistemas de expulsión activa que promueven la resistencia bacteriana a estos metales. Los problemas de desinfección en hospitales pueden verse afectados en gran medida si los compuestos usados no tienen el efecto esperado.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Lorena Lobo S.*

País: Venezuela

Email: lorenalobos1@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

EVALUACIÓN PRELIMINAR DE LA FLORA MICROBIOLÓGICA DEL PROCESO DE FERMENTACIÓN DE SEMILLAS DE CACAO CRIOLLO VENEZOLANO TIPO GUASARE Y PORCELANA.

Cubillan R. Isabel C., Lobo S. María LZambrano Alexis, Medina Ramírez Gerardo, Andrades EDJ., Grassi Cristina,

RESUMEN: El aroma de un chocolate esta relacionada con el tipo y origen de las almendras, con procesos como la fermentación, el secado y tostado. La microflora presente en ellas actúa modificando el contenido y tipo de metabolitos presentes, que junto con la acción combinada y balanceada de factores como temperatura, pH y humedad, se considera la etapa clave para la obtención de un producto final de alta calidad. En el este trabajo se muestra una caracterización de la flora microbiana presente en el proceso de fermentación de almendras de cacao Criollo Venezolano tipo Guasare y Porcelana. Para ello, se tomaron muestras del proceso de fermentación cada 8 horas por un período de 72 horas. Las muestras se diluyeron en agua estéril y se sembraron en placas con agar tripticasa soya y medio FC, se incubaron a una temperatura entre 28 y 45 °C dependiendo de la temperatura medida en el cacao en fermentación en el momento de la toma de muestra. A partir de 24 y hasta 72 horas se observó el crecimiento en todas las muestras evaluadas; de dichas placas, se aislaron y cultivaron los microorganismos más representativos en cada fase del proceso, procediéndose a realizar una caracterización macro y microscópica. Se logró el aislamiento e identificación de bacterias Gram positivas, en particular los *Staphylococcus*. La flora microbiológica identificada en el presente trabajo es similar a las reportadas en la literatura de otros países productores de cacao.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: César Ruano*

País: Ecuador

Email: cesarruano@ecxcite.com, cruano@med.ucentral.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

PREVALENCIA DE INFECCIONES NOSOCOMIALES EN TRES HOSPITALES DE QUITO, ECUADOR, PROYECTO "PIN/FCM"

Ruano Nieto César*, Maldonado JC, Salazar R.

RESUMEN: En el Ecuador no se conoce la verdadera prevalencia de infecciones nosocomiales. En tres hospitales de Quito, Ecuador, se llevó adelante el primer estudio multicéntrico de prevalencia de infecciones nosocomiales (IN). En el momento del estudio, 146 de 420 pacientes (34.8%) presentaban síntomas de infección. La prevalencia global de IN fue del 10.7% cuando fue considerada como cuadro infeccioso principal y del 15.7% cuando fue considerada como cuadro principal o secundario, 26.2% fueron consideradas como comunitarias. Los servicios de terapia intensiva, neurocirugía y nefrología fueron los que presentaron mayor prevalencia de IN (43.7%, 38.4%, 27.7%, respectivamente). El promedio de infecciones por paciente fue de 1.32. Los puntos principales de localización de la infección en los pacientes fueron, vías respiratorias bajas/neumonía (23.3%), infección de piel y de tejidos blandos (20.7%) y vías urinarias (19.3%). En 82 de los 146 pacientes con proceso infeccioso se realizó cultivo microbiológico, de los cuales 61 (74.4%) tuvieron resultados positivos para crecimiento bacteriano. La familia más frecuente fue Cocos Gram positivos aerobios y anaerobios facultativos (44.8%) y la bacteria más frecuentemente identificada fue *Staphylococcus aureus* (27.6%). En cuanto a los factores de riesgo extrínseco, el 58.3% de los sujetos estaba expuesto por lo menos a un procedimiento invasivo o intervención. El uso de antibióticos con fines terapéuticos o profilácticos se encontró presente al momento de la visita en el 50.2% de toda la población estudiada. Los resultados de este estudio se utilizarán para planificar una encuesta nacional de prevalencia, utilizando la encuesta validada en el mismo.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Benjamin Berg*

País: Ecuador

Email: mbaldeon@usfq.edu.ec

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

EFFECTO DE LA VACUNACIÓN CON CATEPSINA L1 Y TIOREDOXINA PEROXIDASA EN OVEJAS EXPERIMENTALMENTE INFECTADAS CON *FASCIOLA HEPATICA*

Berg Benjamin, Trueba Gabriel, Alcocer Cecilia, Baldeón Manuel E.

RESUMEN: La Catepsina L1 (FheCL1) y la tioredoxina peroxidasa (FheTPX) son productos excretados/secretados de la *Fasciola hepática* que han sido propuestos como candidatos de vacuna contra la fascioliasis animal. El presente estudio describe un experimento en el que ovejas vacunadas con FheCL1 o FheTPX fueron infectadas con metacercarias de *F. hepatica*. El análisis de la respuesta humoral por ELISA demostró que todos los animales inmunizados montaron una fuerte respuesta específica contra las respectivas proteínas de las vacunas. Los animales inmunizados con FheCL1 o FheTPX redujeron su carga parasitaria en 42% ($p > 0.05$) y 0.5% ($p > 0.05$), respectivamente, comparados con sus controles no inmunizados. El estado de inmunización no afectó la viabilidad de los huevos producidos por los parásitos. Se concluye que las vacunas de FheCL1 y de FheTPX utilizados en el presente estudio no indujeron una inmunidad significativa protectora contra la fascioliasis en ovejas. El presente estudio indica que la respuesta inmune a la FheCL1 contribuye a la respuesta inmune protectora en ovejas. Se requieren de estudios adicionales para una mejor comprensión de los efectos de la FheCL1 como vacuna y sobre como estos efectos pueden utilizarse para desarrollar una vacuna contra la fascioliasis.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Eloisa Hasing*

País: Ecuador

Email: eloisah@mail.usfq.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

RÁPIDO REEMPLAZO DE GENOTIPO ROTAVIRAL EN ECUADOR

Hasing Eloisa, Trueba Gabriel, Ponce Karina, Solberg Owen, Eisenberg Joseph, .

RESUMEN: De acuerdo a un estudio previo que abarcó 22 comunidades rurales de Esmeraldas y un hospital de niños del sector urbano de Quito, Ecuador, G9P[8] fue señalado como el genotipo de rotavirus más prevalente en dichas áreas. En el presente estudio se analizaron los genotipos de rotavirus que circularon las mismas comunidades rurales durante los años 2006 y 2007 y el mismo hospital urbano durante el año 2007. En total, 990 muestras fecales fueron recolectadas en el área rural a partir de pacientes asintomáticos y con diarrea, de las cuales 84 fueron rotavirus positivo de acuerdo a un test inmunocromatográfico. Todas las muestras rotavirus positivas fueron genotipificadas mediante RT-PCR para los genes G y P. El tipo G más prevalente detectado en el año 2006 fue G9 (22% de las muestras), mientras que en el año 2007 fue G2 (34% de las muestras). En el hospital urbano se recolectaron 30 muestras rotavirus positivas que también fueron genotipificadas para comparar resultados con lo observado en el área rural, detectándose un predominio de G2 (53% de las muestras). Tanto en las muestras rurales como las del hospital urbano, G2 estuvo acompañado principalmente por P[4]. Un importante número de muestras rurales (58%) no pudo ser tipificado para ninguno de los dos genes sin embargo, en el grupo de muestras hospitalarias no se obtuvo muestras no tipificables. A pesar de que no se descarta una posible degradación de muestras o competición de cebadores durante la amplificación por PCR como posible explicación del gran número de muestras no tipificables, se considera que podría existir una alta variabilidad genética del virus en las zonas rurales de estudio, debido a la diferencia en el número de muestras no tipificables en las muestras rurales vs. las muestras urbanas. El rápido reemplazo del genotipo G9 por G2 refuerza la necesidad de establecer programas de vigilancia que ayuden a proveer información oportuna a programas de vacunación para que cubran los genotipos prevalentes.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Consuelo Vanegas*

País: Colombia

Email: lin-gonz@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

IDENTIFICACIÓN POR PCR DE *SALMONELLA SPP* AISLADA DE ALIMENTOS.

Vanegas María Consuelo, Badillo Angela María, González Lina, Martínez Aida, Rugeles Laura Cristina

RESUMEN: La PCR tradicional, es una herramienta rápida, sensible y específica que puede ser utilizada para la detección de *Salmonella* de alimentos como para la identificación de colonias aisladas en medios de cultivos selectivos y diferenciales como el XLD. Por lo anterior, la implementación de este método en Colombia sería una alternativa rápida para la confirmación de las cepas aisladas e identificadas por medio de microbiología clásica. El objetivo de este estudio fue estandarizar una PCR para la detección e identificación de *Salmonella* a partir de colonias aisladas de medios selectivos y diferenciales. Se utilizaron oligonucleótidos ITSf y ITSr para amplificar la región ITS anteriormente secuenciada y conservada para todos los tipos de serovares de *Salmonella*, los cuales fueron confirmados por Blas y dieron un índice cercano a 0. Se trabajaron 100 cepas, de las cuales 64 eran presuntivas de *Salmonella spp* y 36 cepas pertenecían a diferentes géneros y se utilizaron como controles negativos cepas de la colección del LEMA (*E.coli*, *Proteus*, *Shigella*, *Pantoea*, *Hafnia*, *Citrobacter*, *Yersinia*, *Klebsiella*). El PCR amplificó para 50 cepas de las 64 cepas presuntivas de *Salmonella*, las 14 que no amplificaron se van a volver a identificar con microbiología clásica y kits rápidos de diagnóstico para confirmar el género. Adicionalmente, las cepas utilizadas como controles negativos no amplificaron por PCR, lo cual confirma la especificidad de los oligonucleótidos. Se recomienda ampliar el número de cepas y de géneros para validar estos oligonucleótidos y realizar una secuenciación para confirmar la región ITS amplificada. Este es un primer acercamiento para la estandarización de esta técnica que tendría gran impacto en la industria de alimentos colombiana se debe continuar trabajando en esta investigación ya que varios autores han reportado PCR para *Salmonella*, pero en algunos casos dan reacción cruzada con otros géneros como *E.coli*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Nancy Burguet*

País: Cuba

Email: nburguet@liorad.quimefa.cu

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO SOBRE LA RECUPERACIÓN DE LA CEPA MICROBIANA *ESCHERICHIA COLI* CONSERVADA EN LIOFILIZACIÓN.

Burguet Nancy, Sierra Nelson, Acosta Miguel, Trimiño José

RESUMEN: En la actualidad los laboratorios microbiológicos muestran un enorme interés en asegurar la calidad del trabajo que realizan, es bien sabido el importante papel que las colecciones de cultivo desempeñan en el aseguramiento de la calidad microbiológica. El laboratorio de Control Microbiológico de los Laboratorios Liorad tiene a su cargo un acervo microbiano integrado por diferentes tipos de microorganismos. El objetivo propuesto en este trabajo es realizar el estudio sobre la recuperación de la cepa de *Escherichia coli* depositada desde hace dos años en la colección y conservada por liofilización, empleando distintos compuestos crioprotectores, tales como, leche descremada al 20 %, glicerol al 20% y peptona al 10%. Para llevar a cabo el estudio se evaluó la viabilidad, pureza y la estabilidad genética de la cepa y se trataron estadísticamente las tres variantes. A modo de conclusión podemos plantear que el método de conservación empleado permitió mantener la cepa pura y genéticamente estable y que estadísticamente la variante glicerol 20% resultó el método óptimo para la conservación de este microorganismo.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Cristina Mideros*

País: Ecuador

Email: crismideros@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

GENOTIPIFICACIÓN DE RESISTENCIA A TETRACICLINAS EN AISLADOS CLÍNICOS DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*

Mideros Cristina, Guerrero Santiago Yauri Fernanda, Alcocer Iliana, Herrera Ivonne, Zurita Jeannete

RESUMEN: *Staphylococcus aureus* es uno de los principales patógenos humanos que ha registrado multiresistencia a antimicrobianos en los últimos años. El estudio de su resistencia a nivel genético es de gran importancia, sobretodo, para las terapias a nivel hospitalario. Se desarrollaron las primeras tetraciclinas en 1948 y en los últimos años se han sintetizado las glicilciclinas (basadas en las tetraciclinas) que son más eficaces y menos susceptibles a la resistencia que las tetraciclinas, la tigeciclina es el prototipo. Los genes que dan resistencia a tetraciclinas son *tet (L)*, *tet (M)*, *tet (O)* y *tet (K)* y se encuentran en aislados Gram positivos. El objetivo de este estudio fue identificar los genes de resistencia a tetraciclinas en *S. aureus* de aislados clínicos. De los 100 aislados de *S. aureus* que se analizaron, se obtuvieron 51 aislados resistentes. Se utilizaron 3 antibióticos del grupo de las tetraciclinas: tetraciclina, minociclina, doxiciclina y la nueva glicilciclina: tigeciclina; el análisis se realizó mediante el método de Bauer et al. (1966) siguiendo las recomendaciones del Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI (2008). Para el estudio molecular se utilizó la reacción en cadena de la polimerasa y se amplificaron 4 genes siguiendo lo recomendado por Trzcinski *et. al.* (2000). A nivel de Latinoamérica, se estima un 63,8% de resistencia a la tetraciclina; en este estudio se obtuvo un 51,0%, y de éstas un 35,3% son resistentes a la minociclina, un 39,2% a la doxiciclina y un 0,0% a la tigeciclina. Así, se concluye que para el uso terapéutico en patología de *S. aureus* se podría optar por la minociclina y de la doxiciclina. La tigeciclina sería, por tanto, la última opción para evitar el desarrollo de resistencias en *S. aureus*. El porcentaje de presencia de genes de resistencia fue de 84,3% para el gen *tet (L)*; de 62,7% para el gen *tet (K)*; de 37,3% para el gen *tet (M)* y de 3,9% para el gen *tet (O)*. Al ser los genes *tet (L)* y *tet (K)* los más comunes, se aduce que la resistencia en *S. aureus* está, principalmente, mediada por bombas de flujo y no por la protección ribosomal, la cual es altamente reportada en Europa. Se puede concluir que la presencia de uno o más de estos genes da resistencia a uno o más antibióticos utilizados.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Fernanda Loaiza*

País: Ecuador

Email: fer.loaiza@netlab.com.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

PREVALENCIA DE *CHLAMYDIA TRACHOMATIS* EN MUJERES JÓVENES Loayza

Fernanda, Sáenz Kléver, Narváez Luis, Escalante Santiago

UNIVERSITARIAS DE LA CIUDAD DE QUITO

RESUMEN: Antecedentes: *Chlamydia trachomatis* (CT) causa la infección de transmisión sexual (ITS) bacteriana más frecuente en el mundo, con 89 millones de casos. En América Latina la prevalencia oscila entre el 6 y 40%; reportándose en países en vías de desarrollo más del 75% de casos en menores de 25 años. Es una infección asintomática en el 80% de las mujeres, siendo su diagnóstico y tratamiento menos frecuente que en los hombres (sintomáticos en el 50%). Del 8 al 20% de mujeres con CT no tratadas desarrollan complicaciones que se asocian al 20% de casos de infertilidad. La PCR se ha convertido en la herramienta más sensible y específica para el diagnóstico de CT. Este estudio determinó la prevalencia de infección por CT en población de mujeres asintomáticas utilizando PCR. Metodología: Se realizó un diseño epidemiológico analítico transversal en una muestra de estudiantes universitarias de Quito con edades entre 18 y 24 años. Previo consentimiento se sometieron a encuesta anónima de conocimientos, actitudes y prácticas sexuales, acompañada de determinación de CT (COBAS AMPLICOR™) en muestras de orina parcial. Los ensayos se realizaron en Net-L@b S.A. un laboratorio de análisis médicos, con Certificación ISO 9001:2000. Resultados: Se estudiaron 226 mujeres (20.7 ± 1.9 años). El 77.4% sexualmente activas (n=175). De ellas, el 26.8% (n=47), 10.8% (n=19) y 56% (n=98) presentaron dolor pélvico, dolor perineal o secreción vaginal respectivamente en los 30 días previos a la recolección de la muestra. La edad promedio del primer intercurso fue de 18.4±1.9 años. El 71.4% (n= 125) de las mujeres con vida sexual activa tenían un solo compañero sexual y el 59.4% refirieron relaciones sexuales de riesgo. Se estableció una prevalencia de CT del 2.3% (IC_{95%} 0.07-4.5), todos los casos se presentaron en quienes mantenían relaciones sexuales calificadas como de riesgo. Conclusión: La prevalencia de infección por CT en jóvenes asintomáticas encontrada en este estudio enfatiza su importancia en términos de salud pública, pues evidencia la presencia de infección en población considerada como de no riesgo. La implementación de técnicas como PCR sobre muestras no invasivas, facilita la aceptación de las pacientes a realizarse el análisis y aporta, con el diagnóstico de infección activa y no solamente de antecedente de exposición determinado por serología.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Fernanda Loaiza*

País: Ecuador

Email: fer.loaiza@netlab.com.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

NUEVA ESTRATEGIA TERAPÉUTICA BASADA EN NANOTECNOLOGÍA CONTRA LEISHMANIASIS CUTÁNEA AMERICANA

Loayza Fernanda, Baldeón Manuel.

RESUMEN: Antecedentes: La Leishmaniasis es una enfermedad de distribución mundial con una prevalencia de alrededor de 12 millones de casos cada año. En el Ecuador, aproximadamente 350.000 personas están en riesgo de contraer la enfermedad, siendo la forma cutánea (LC) la más frecuente. El tratamiento clásico consiste en antimoniales pentavalentes de aplicación intramuscular, su eficacia es de alrededor del 80%, sin embargo, su cronicidad, toxicidad, vía de administración, dolor intenso y costo, son causas importantes de su poca aceptación, dando lugar al incumplimiento de la terapia y el desarrollo de parásitos resistentes. Por estas limitaciones, es necesario desarrollar estrategias nuevas de tratamiento. Sistemas nuevos de entrega de medicamentos en forma de nanoemulsiones han probado ser útiles en tratamientos tópicos para ciertas enfermedades. El objetivo de la presente propuesta es probar la eficacia de una nanoemulsión de aplicación tópica de Glucantime® en un modelo de leishmaniasis cutánea. Metodología: Ratonas BALB/c, infectadas con *Leishmania (L) mexicana* cepa BEL-21 serán utilizadas para comparar el tratamiento clásico Glucantime® IM, con la aplicación tópica de una nanoemulsión de Glucantime®. Esta nanoemulsión será preparada por métodos de emulsificación espontánea, mecanismo que se da al mezclar componentes orgánicos y acuosos en una solución homogénea. La eficacia del tratamiento se evaluará midiendo el área de la lesión y carga parasitaria (por histología), las determinaciones de transaminasas, fosfatasa alcalina y creatinina (por fotometría) ayudarán a evaluar la toxicidad. Mediante técnicas moleculares se cuantificarán citoquinas para determinar el efecto del tratamiento en la respuesta inmune local. Resultados: Se espera que la aplicación tópica de la nanoemulsión con Glucantime®, sea efectiva en la resolución de las lesiones cutáneas causadas por *Leishmania* evitando los efectos nocivos del tratamiento tradicional. Conclusiones: La búsqueda de estrategias de tratamiento contra leishmaniasis más efectivas y menos nocivas es necesaria. Esta nueva forma de entrega de medicamentos, dará lugar a una mejor aceptación del tratamiento por parte del paciente, evitando el desarrollo de cepas de parásitos resistentes.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Loraine Agulló*

País: Chile

Email: loreineagullo@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO IN SÍLICO Y FUNCIONAL DEL POTENCIAL CATABÓLICO DE COMPUESTOS AROMÁTICOS EN LA BACTERIA DEGRADADORA DE POLICLOROBIFENILOS *BURKHOLDERIA XENOVORANS* LB400.

Agulló Loreine, Seeger Michael.

RESUMEN: *Burkholderia xenovorans* LB400 es una bacteria nativa aislada desde un suelo contaminado con policlorobifenilos (PCBs) que posee la capacidad de degradar un rango muy amplio de PCBs. La capacidad para degradar compuestos recalcitrantes y la reciente secuenciación de su genoma han motivado diversos estudios biotecnológicos. Este trabajo se abocó a dilucidar el potencial catabólico de compuestos aromáticos de *B. xenovorans* LB400 mediante la búsqueda bioinformática de sus rutas catabólicas de compuestos aromáticos y el análisis de su funcionalidad. Para la búsqueda bioinformática de rutas catabólicas de compuestos aromáticos se utilizó la secuencia completa del genoma de *B. xenovorans* LB400 (<http://genome.ornl.gov/microbial/bfun/>) y herramientas como BlastP y tblastn (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>). Para la búsqueda de marcos de lectura abiertos se utilizó programas computacionales como Artemis y Vector NTI. La funcionalidad de vías catabólicas fue estudiada mediante ensayos de crecimiento con algunos compuestos aromáticos como única fuente de carbono y experimentos de expresión de genes catabólicos (RT-PCR). La cepa LB400 posee 11 vías centrales de degradación de compuestos aromáticos y al menos 21 vías periféricas de compuestos aromáticos que convergen en intermediarios centrales. Un número importante de genes catabólicos se encuentran agrupados e incluyen genes con función de transporte y regulación asociados a la funcionalidad de la ruta catabólica. Estudios de funcionalidad indican que la cepa LB400 utiliza compuestos como gentisato, 3-hidroxifenilpropionato, mandelato, benzoato, antranilato y 3-hidroxibenzoato como única fuente de carbono y energía. Durante el crecimiento en el compuesto aromático antranilato, se determinó la expresión del gen *catA* que codifica para la enzima catecol 1,2-dioxigenasa, lo que sugiere que el antranilato es metabolizado por mediante la ruta del catecol. Dado su gran potencial catabólico, la bacteria *B. xenovorans* LB400 es un biocatalizador promisorio para futuros estudios de biorremediación de suelos y aguas contaminadas con diversos compuestos aromáticos. Agradecimientos a proyectos FONDECYT 1070507 y 7080148, Núcleo Milenio EMBA P04/007-F y USM 130836.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Roberto Vidal*

País: Chile

Email: rvidal@med.uchile.cl

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

A NEW MULTIPLEX PCRs FOR IMPROVING THE DIAGNOSIS OF ENTEROTOXIGENIC *ESCHERICHIA COLI* (ETEC) AND CHARACTERIZATION OF THE MOST FREQUENT COLONIZATION FACTOR ANTIGENS AND ENTEROTOXIN GENOTYPE

Vidal Roberto*, Chile

Valenzuela Patricio, Chile

Del Canto Felipe, Chile

Prado Valeria, Chile

Nataro James P., USA

Levine Myron M., USA

RESUMEN: Enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) is the most frequently isolated enteropathogen, accounting for about 210 million diarrhea episodes and approximately 380,000 deaths annually. ETEC is transmitted by food or water contaminated with animal or human feces and is a leading cause of morbidity and mortality in children up to 5 years old. ETEC strains may produce either heat-stable enterotoxin (ST), heat-labile enterotoxin (LT), or both. To cause diarrhea, ETEC strains must first adhere to the small intestinal mucosa by means of colonization factors (CFs) that include either pili or fimbriae and non-fimbrial factors. Currently, over 22 different CFs have been characterized, of which the predominant CFs expressed by human ETEC pathogens include CFA/I, the CFA/II and the CFA/IV family. The diagnosis of ETEC infection and the detection of Colonization Factor Antigens (CFAs) are difficult due to lack of simple standardized methods. We designed three multiplex PCR (M-PCR) reactions for detection and characterization of clinical isolates of ETEC strains. These methods proved to be specific and rapid in detecting the heat-labile enterotoxin (LT), two types of the heat-stable enterotoxin STa, called STh and STp, encoded by the *estA* gene and the most common genes encoding fimbrial or non fimbrial colonization factors (colonization factor antigen I CFA/I and coli surface (CS) antigens CS1, CS2, CS3, CS4, CS5 and CS6) encoded in ETEC strain. This work was supported by Bill & Gates Foundation Grant.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ledys Sánchez*

País: Venezuela

Email: ledys@yahoo.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DE UN HONGO CAPAZ DE CRECER A BAJOS VALORES DE pH Y EN PRESENCIA DE HIDROCARBUROS Y OTROS XENOBIÓTICOS.

Sánchez Ledys*, Venezolana Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Postgrado en Química de Medicamentos, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Medina Ramírez Gerardo, Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Postgrado en Química de Medicamentos, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Grassi Cristina, Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Postgrado en Química de Medicamentos, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Ruiz Néstor, Centro de Innovación Tecnológica CITEC., Área Biomecánica, Facultad de Ciencias, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Andrades EDJ., Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Postgrado en Química de Medicamentos, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

Jiménez Medina José, Instituto de Investigaciones, Sección de Biotecnología, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Postgrado en Química de Medicamentos, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

RESUMEN: Los extremófilos constituyen un grupo de microorganismos capaces de crecer en ambientes sometidos a condiciones ambientales extremas (Altos o bajos valores de pH, presión, temperatura, salinidad entre otros), esta característica ha despertado el interés debido a sus posibles aplicaciones en diferentes áreas. En el presente trabajo se presenta un reporte preliminar sobre el aislamiento y caracterización de un hongo extremo-tolerante, capaz de utilizar para su crecimiento hidrocarburos y xenobióticos. El microorganismo fue aislado a partir de una solución de anodizado de piezas de aluminio. El análisis químico de dicha solución arrojó sólo la presencia del catión aluminio, del anión sulfato y de ácido sulfúrico. El aislamiento fue realizado a temperatura ambiente, utilizando medios mínimos agarizados con glicerol como única fuente de carbono y medio rico de tripticasa de soya. La evaluación del consumo de las fuentes de carbono se realizó en medio mínimo, añadiéndose en caso de ser necesario una mezcla de compuestos para disolver los hidrocarburos y los xenobióticos (Mezcla Biocompatible), en varios casos se asperjó sobre el medio de cultivo el compuesto a ensayar disuelto en éter dietílico. La evaluación del crecimiento se realizó bajo diferentes rangos de condiciones extremas: pH 1 - 7, temperatura 10 – 120 °C y presión 1 – 2 atm. El hongo fue capaz de crecer en todo el rango de pH evaluado, lo cual lo tipifica como extremo tolerante. La fuente de carbono de preferencia fue la glucosa, aunque el hongo fue capaz de crecer también, en medios mínimos suplementados con aceite industrial, tween 20, tween 20-etanol, tween 80, 1-octeno, parafina, fenantreno, naftaleno y asfaltenos como única fuente de carbono. Se concluye que estamos en presencia de un microorganismo interesante para estudios básicos, potencialmente utilizable en aplicaciones industriales o ambientales.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Luz María López*

País: México

Email: lmlopez@morepharmacorp.com, daklef@aim.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO DE SENSIBILIDAD EN MUESTRAS DE CEPAS DE PATÓGENOS RESPIRATORIOS Y OTROS SITIOS

López Martínez Luz María, Akle David

RESUMEN: El estudio se realizó con el objetivo de determinar la sensibilidad *Moraxella catarrhalis*, *Streptococcus pneumoniae* y *Haemophilus influenzae*, a partir de muestras obtenidas en diferentes localizaciones del aparato respiratorio, óticas y conjuntivales. Se realizó un estudio descriptivo de enero de 2006 a mayo 2008, en un total de 1843 pacientes que acudían a toma y muestra para cultivo, en diferentes localizaciones del aparato respiratorio, óticas y conjuntivales por indicación médica. Se realizaron cultivos de muestras obtenidas de: cavidad nasal, conjuntiva, expectoración, exudado nasofaríngeo y ótico. Se determinó la sensibilidad a 2 antibióticos (ampicilina y eritromicina) con el método de siembra directa en gelosa sangre y gelosa chocolate. El antibiograma se determinó con el método de difusión en gel en medio de Müller Hinton. Para el análisis de los datos se utilizaron frecuencias simples y proporciones, y prueba de Chi cuadrada para la comparación de proporciones, con nivel de significancia de $p < 0.05$. Se analizaron muestras de 1843 pacientes. El rango de edad fue de 0 meses a 94 años de edad. Se estratificaron por grupos etáreos (0-11 meses, 1-17 años y >18 años). La proporción de hombres y mujeres en todos los grupos fue similar. El microorganismo más frecuentemente encontrado fue *Haemophilus influenzae* en los grupos de 1-17 años y > 18 años (41% y 53%, respectivamente); y la mayor proporción de muestras se tomaron de la vía nasal (56%, 67.3% y 45%, respectivamente). En el grupo de 0-11 meses, el microorganismo más común fue *S. pneumoniae* (40%). En cuanto a la sensibilidad en el grupo de 0-11 meses para *Moraxella catarrhalis* se encontró 66% de resistencia a ampicilina y 0% de resistencia a eritromicina. En el mismo grupo para *Streptococcus pneumoniae* tanto para ampicilina como eritromicina no se encontró resistencia para ambos. Para *Haemophilus influenzae* se encontró 2% de resistencia a ampicilina. En el grupo de 1-17 años *Moraxella catarrhalis* mostró un 68% de resistencia a ampicilina y 0% de resistencia a eritromicina. Para *Streptococcus pneumoniae* mostró 1% de resistencia para ambos. Para *Haemophilus influenzae* se encontró 14% de resistencia a ampicilina. Finalmente el grupo de >18 años para *Moraxella catarrhalis* 39% de resistencia a ampicilina y 0% a eritromicina. *Streptococcus pneumoniae* sólo hubo 2% de resistencia a eritromicina. Para el grupo de *Haemophilus influenzae* se encontró 3% de resistencia a ampicilina. En conclusión, se observa sensibilidad adecuada de los patógenos respiratorios y en cultivos ótico y conjuntival a eritromicina. Se sugiere la vigilancia continua de la sensibilidad de los microorganismos a los diversos antimicrobianos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Javier Adolfo Hernández Fernández*

País: Colombia

Email: javier.hernandez@utadeo.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

EVALUACIÓN DE CUATRO METODOLOGÍAS PARA LA ESTANDARIZACIÓN DE UN BIOENSAYO CON FORMULACIONES COMERCIALES DE *BACILLUS THURINGIENSIS* PARA EL CONTROL DEL COGOLLERO DEL TOMATE TUTA ABSOLUTA MEYRICK (LEPIDOPTERA: GELECHIIDAE)

Ramírez Natalia, Ramírez Lorena, Fuentes Luz Stella, Jiménez Jaime,

Hernández Javier*

RESUMEN: El tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) es afectado por una gran cantidad de plagas dentro de las cuales se encuentra Tuta absoluta Meyrick (Lepidoptera: Gelechiidae). Este daño es causado por larvas minadoras de follaje y tallos de plantas, ataca hojas jóvenes, ramas, y además perfora las flores y frutos lo que ocasiona un debilitamiento gradual en la planta disminuyendo su potencial productivo. Se evaluaron cuatro metodologías utilizando tres formulaciones comerciales basadas en *Bacillus thuringiensis* (Dipel®, Turilav® y Xentari®): i. Inmersión total de hojas tomate en preparaciones comerciales del producto, ii. aspersión del producto sobre hojas utilizando aerógrafo, iii. foliolos sumergidos en agua con aspersión aérea del producto y iv. medio de cultivo elaborado con extracto de hojas de tomate. Se utilizó una dosis única de 5 g/l c/u para los tres productos. Los bioensayos se realizaron con larvas de 2do instar de T. absoluta con un testigo absoluto (sin aplicación + larvas); T1: Dipel (producto + larvas); T2: Turilav y T3: Xentari. Se utilizaron 3 larvas para cada una de las 5 repeticiones por tratamiento. El experimento se realizó en condiciones controladas en cuarto a $21 \pm 2^\circ\text{C}$, $70 \pm 10\%$ de humedad relativa y 12 h L:O de fotoperiodo. La lectura del bioensayo se realizó a las 24, 48 y 72 h hasta completar ocho días. Los resultados mostraron que la metodología 2 con la formulación comercial Dipel® presentó un 100% de eficacia al 2 DDA (Formula de Henderson y Tilton) y una sobrevivencia del testigo del 100%. Este resultado es alentador, ya que posible el control biológico de T. absoluta utilizando biopreparados de *Bacillus thuringiensis*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: David Pinzón Latorre*

País: Colombia

Email: d-pinzol@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN MEDIANTE EXPRESIÓN TRANSITORIA Y MUTAGÉNESIS DIRIGIDA DE PROTEÍNAS EFECTORAS DE *XANTHOMONAS AXONOPODIS PV. MANIHOTIS*

Pinzón David, Ortiz D. Trujillo C. Koebnik R. Verdier V. Bernal A.

RESUMEN: *Xanthomonas axonopodis pv manihotis* (Xam) es el agente causal del añublo bacteriano en la yuca, la enfermedad bacteriana más importante en Latinoamérica y África para este cultivo. Xam, al igual que otras bacterias fitopatógenas, posee un sistema de secreción tipo III a través del cual secreta proteínas importantes para su patogenicidad. En Xam hasta el momento sólo se ha reportado una proteína efectora asociada con la patogenicidad, PthB. Sin embargo, se conocen las proteínas efectoras de otras *Xanthomonas*, lo cual sirve para predecir proteínas efectoras en Xam por herramientas bioinformáticas. Se buscaron proteínas efectoras de Xam mediante la comparación de su genoma, secuenciado por medio de Tecnología Solexa, contra los efectores ya reportados en otras *Xanthomonas*. Se buscó la presencia de 36 proteínas efectoras reportadas mediante Blastn contra los contigs de Xam y se obtuvieron 13 proteínas putativas en el genoma de Xam, por presentar e-values mayores a $1E-10$; de estas 13 proteínas se pudieron diseñar primers para amplificar todo el gen para 9 de ellas. Los genes se clonaron mediante la tecnología Gateway en un vector binario, para su posterior expresión transitoria en tabaco mediante *Agrobacterium tumefaciens*, con el fin de evaluar su actividad como elicitores de respuesta hipersensible (HR), supresores de HR (elicitada por Pto-avrPto ó ntMEK). Así mismo, se generarán mutantes por recombinación simple para algunos de los genes que codifican para las proteínas efectoras, para de esta forma realizar curvas de crecimiento del tipo silvestre, el mutante y el mutante complementado.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Martha Vives-Florez*

País: Colombia

Email: mvives@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PRODUCCIÓN DE UN BIOSURFACTANTE POR *PSEUDOMONAS SPP.*

Vives Martha.*, Colombia.

RESUMEN: Los biosurfactantes son compuestos tensoactivos producidos por microorganismos, con grandes ventajas comparados con su contraparte química. Los ramnolípidos son un tipo de biosurfactante cuya producción ha sido reportada en cepas de *P.aeruginosa* a partir de diferentes fuentes de carbono. En Colombia no se ha reportado la producción de ramnolípidos por ningún microorganismo, por lo tanto, en el presente estudio inicialmente se realizó un tamizaje entre cepas nativas de *Pseudomonas spp* con el fin de seleccionar aquellas que exhibieran una mayor producción de compuestos tensoactivos. Se evaluaron 10 cepas de *P. aeruginosa* y 10 de *P. putida*. Por medio de la prueba cualitativa de capacidad hemolítica y la prueba cuantitativa de reducción de tensión superficial en un cultivo con hexadecano (control positivo de producción), se preseleccionaron las cepas M8A2, Pb22 y Pb18 de *P. aeruginosa* y la cepa M5A1 de *P. putida*. Se evaluó el potencial de estas cepas de producir compuestos tensoactivos a partir de diferentes subproductos industriales aceitosos: aceite de girasol quemado, borra de café, tierra de diatomeas de la extracción de aceite de palma, y aceite de motor. Únicamente se observó una significativa reducción de tensión en los medios con aceite quemado y con tierra de diatomeas. Las cepas Pb18 y M8A2 de *P.aeruginosa* fueron seleccionadas estadísticamente para la producción de ramnolípidos en estos dos medios. La mayor concentración de ramnolípidos (3.9 g/L) se da a las 48 horas por *P. aeruginosa* Pb18 en el medio con aceite quemado. Se realizó un análisis del efecto de la concentración de la fuente de nitrógeno, y se demostró que la producción se favorece en una concentración de 3.0 g/L de NH₄NO₃. Luego de concentrar y purificar los ramnolípidos obtenidos por *P. aeruginosa* Pb18 en aceite de girasol, se obtuvo un surfactante con una concentración de 9.4g/L, con propiedades hidrofílicas y un alto nivel de emulsificación de petróleo crudo indicando su potencial de usos en procesos de biorremediación.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Olga Inés Montoya Campuzano*

País: Colombia

Email: oimontoy@unalmed.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

VIABILIDAD DE CRECIMIENTO DE LA CEPA NATIVA *LACTOBACILLUS PLANTARUM* EN PULPA DE UCHUVA Y EN SOLUCIÓN ISOTÓNICA DE GLUCOSA MARÍN

Montoya Olga, Marín Zaira, Cortes Misael

RESUMEN: Los productos con características probióticas se encuentran principalmente en el sector lácteo, y su creciente consumo se debe a los beneficios que estos proporcionan en la salud. Lo anterior estimula a investigadores, industriales, consumidores y entes gubernamentales, a explorar alternativas de desarrollo de nuevos productos utilizando estos microorganismos en diferentes estructuras alimentarias. El objetivo de este trabajo es evaluar la supervivencia de la cepa nativa *Lactobacillus plantarum*, en los sustratos pulpa de uchuva y solución isotónica de glucosa al 14% p/p (disolución con igual actividad de agua que la uchuva fresca). Se utilizó un inóculo equivalente a una concentración 0,5 en la escala de McFarland, medidos por espectrofotometría a 560 nm. El inóculo fue adicionado en los sustratos alimentarios y almacenado a 4°C durante 0, 5, 10 y 15 días. Los conteos de las unidades formadoras de colonias (UFC/ml) se realizaron a partir de la siembra de las diluciones 10^{-4} a 10^{-8} en agar MRS, las cuales se incubaron a 37°C durante 72 horas. El promedio de las células viables de la cepa nativa en la pulpa y la solución de glucosa a los 15 días de almacenamiento fueron 14×10^8 y 10×10^8 UFC/ml respectivamente. Estos resultados identifican un mejor comportamiento probiótico en la pulpa, tomando como referente los niveles requeridos en los productos lácteos. El desarrollo de estos sustratos líquidos de carácter probiótico, representan medios que pueden ser utilizados, tanto en consumo directo, como en disoluciones de impregnación en la estructura de la uchuva fresca u otro fruto, a través de metodologías de obtención de alimentos funcionales como lo es, la ingeniería de matrices y así permitir el desarrollo de productos nuevos como frutas mínimamente procesadas de carácter probiótico.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ligia Luz Corrales García*

País: Colombia

Email: ligialu@yahoo.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

MÉTODO NOVEDOSO DE AISLAMIENTO DE MICROORGANISMOS PRODUCTORES DE POLI-AMINOÁCIDOS CON INTERÉS FÁRMACOALIMENTARIO

Corrales G. Ligia*, Colombia.

RESUMEN: Biopolímeros tipo poliaminoácidos (PA), (e-poli-L-Lisina y poli-glutamato), son similares a las proteínas -moléculas versátiles: enzimas, hormonas, antibióticos, etc.- Sin embargo, los PA se diferencian porque son sintetizados por microorganismos (MO) siguiendo rutas metabólicas no elucidadas totalmente, no tienen secuencia específica, poseen carga eléctrica neta, se obtienen por fermentación, son polimerizados partiendo de un único aminoácido, tienen masa molecular polidispersa e interesantes propiedades alimentarias y farmacéuticas -capacidad antibiótica, humectante, transporte de medicamentos-. La búsqueda convencional de biomoléculas de naturaleza proteica, consiste en evaluar un extracto libre de células de un MO con el reactivo Dragendorff, lo cual es engorroso para identificar MO de interés a partir de suelos. El novedoso método de aislamiento usado en esta investigación, permitió localizar MO por interacción entre moléculas generadas y el colorante cargado presente en el medio de cultivo. Se aislaron 20 muestras de suelos de varios pisos térmicos, en los medios: Glicerol sintético, glutamato, International *Streptomyces* Project. Se purificaron 35 cepas con base en la interacción con el colorante azul de metileno. De éstas se identificaron MO del género *Streptomyces sp* y *Bacillus sp*, como los de mayor respuesta (diámetro >5 mm); se cultivaron en medios líquidos y se precipitaron las proteínas (acetona) de los extractos libres de células; se identificaron péptidos y aminoácidos por TLC. Aquellos de alto contenido proteico se evaluaron por bioautografía, encontrando 2 extractos de 25, con actividad inhibitoria sobre *E. coli* ATCC 8739 (halos de 8mm). Se demostró la efectividad del método para aislar y purificar MO con capacidad de generar péptidos cargados y con actividad biológica e industrial de gran interés.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Gracia da Silveira*

País: Portugal

Email: gsilveira@uac.pt

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PROPERTIES OF AZOREAN GARLIC “PEDRAS BRANCAS” AS FOOD PRESERVATIVE

Barón E., Silveira M.

RESUMEN: Due to the negative consumer perception of artificial preservatives, attention is shifting towards alternatives that consumers perceive as natural. Thus, the purpose of the present work was to investigate the antimicrobial properties of a variety of garlic from Graciosa Island “Pedras Brancas”. The antimicrobial activity of crushed garlic was tested against a reference strain, this being *Listeria monocytogenes*, an opportunistic psychrotroph foodborne pathogen. Two different varieties of garlic were tested “in vitro” by agar well diffusion assays. Our results showed that the azorean variety of garlic displayed higher antimicrobial activity than a Spanish variety purchased in the local market, for the concentration of 500 mg/ml of garlic. Moreover, extracts of garlic that were previously filtered were less efficient inhibiting *L. monocytogenes*, suggesting that some compounds with antimicrobial activity are retained in the membrane. *L. monocytogenes* cells grown in the presence of 10 mg/ml and 40 mg/ml of garlic were as sensitive as cells grown without garlic when exposed to a challenge concentration of garlic (500 mg/ml). Moreover, these cells grown in the presence of garlic become more sensitive to vinegar, than control cells. Survival of *L. monocytogenes* in pork minced meat stored at refrigeration temperature was also studied. We observed that garlic (100 mg/g of meat) was not able to prevent the growth of *L. monocytogenes* after 2 days. However, garlic and vinegar together were able to inhibit the growth of *L. monocytogenes* for 5 days at refrigeration temperature. The present work provides evidence that *L. monocytogenes* is not able to develop garlic-induced resistance or cross-protection to acid conditions. Azorean garlic revealed to be a good candidate as food preservative.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Luis Henrique Guimarães *

País: Brasil

Email: lhguimaraes@ffclrp.usp.br

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PURIFICATION AND BIOCHEMICAL CHARACTERIZATION OF TANNASES PRODUCED BY *ASPERGILLUS OCHRACEUS*

Gonçalves Heloísa. Riul Alana. J, Terenzi Héctor. Jorge, Joao. A., Guimarães Luis Henrique

RESUMEN: Tannases (tannin acyl hydrolase, EC 3.1.1.20) are inducible enzymes that catalyses the break down of ester and depsidic bounds in hydrolyzable tannins, producing gallic acid and glucose. There are many organisms with the capacity to produce this enzyme, specially filamentous fungi, as the *Aspergillus* and *Penicillium*. Hence, tannases can be used in different industrial sectors, such as chemical and pharmaceutical. The aim of this work was to study the production of tannases by filamentous fungi isolated from Brazilian soil, under submerged (SbmF) and solid-state fermentation (SSF), and also determine several biochemical properties. The tannase activity was determined using methyl gallate as substrate (0.2%) according to Sharma et al. (2000) and protein was quantified according to Lowry et al. (1964). Among the 42 strains tested for production of tannase, *A. ochraceus* was better than others, producing higher levels of both intra (2110 Total U) and extracellular (3770 Total U) enzymes, in Khanna (Khanna et al., 2001) SbmF with 2% tannic acid as carbon source. However, when we used SSF, the best results were obtained using leaves of Eucaliptus (1667.4 Total U) as substrate with Khanna salt solution (1:1 w/v), at 30°C, for 5 days. The extracellular enzyme was partially purified 9.6-fold by DEAE-Celulose and Sephacryl S-200. The optimal temperature of activity for tannases from *A. ochraceus* was 35-40°C and the optimum pH was 4.5 and 5.5 for extra and intracellular form, respectively. In addition, the enzymes were stable at 40°C for more than 60 minutes. The activity was enhanced by 1mM of Mn²⁺, Mg²⁺ and inhibited by Ba²⁺ and Cu²⁺. In conclusion, *A. ochraceus* was a good producer of thermostable tannases with biotechnological potential. Support: FAPESP.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Jesús Hernando Díaz Acevedo*

País: Colombia

Email: Jes-diaz@uniandes.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

VALIDEZ DE LA PCR PARA LA DETECCIÓN DE *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* EN TRACTO RESPIRATORIO INFERIOR: UNA EVALUACIÓN META-ANALÍTICA.

Díaz Jesús Hernando, Sarmiento Olga, Delgado María del Pilar, Satizabal Caudia, Jaramillo Carlos Mojica Fernanda.

RESUMEN: *M. pneumoniae* ha emergido como una prevalente etiología de neumonía atípica en el mundo cuyo diagnóstico es difícil de establecer, debido a la ausencia de un estándar de oro. Investigadores recomiendan el uso de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) como paraclínico complementario. En consecuencia, se plantearon como objetivos evaluar la validez de PCR en el diagnóstico de neumonía por *M. pneumoniae* e identificar factores relacionados con diferencias en la validez aplicando un meta-análisis. La búsqueda de estudios se realizó a través de la base de datos "MEDLINE" usando los encabezados de búsqueda "*Mycoplasma pneumoniae*" y "Polymerase Chain Reaction". Artículos publicados antes de Junio de 2008, que utilizaban muestras humanas de tracto respiratorio inferior y de los cuales se podía calcular sensibilidad y especificidad, fueron incluidos. El análisis estadístico incluyó la prueba de homogeneidad de Cochran (Q test) y Meta-regresión. Adicionalmente, se construyó una curva ROC de resumen. Tras evaluar 411 artículos, se incluyeron 24 estudios. La sensibilidad y especificidad general de la PCR fue de 0,78 y 0,94, respectivamente. Se evidenció heterogeneidad tanto en sensibilidad (p 0,045) como en especificidad (p 0,001) entre estudios. La PCR presenta mayor validez en población adulta que en población infantil, en muestras con volúmenes superiores a 200ul y cuando se utilizó como control negativo de amplificación DNA diferente de *M. pneumoniae*. En conclusión la PCR no presenta suficiente validez para recomendarla como estándar de oro en población infantil. Se sugiere tener en cuenta los resultados de éste meta-análisis en futuras investigaciones que busquen optimizar y validar la PCR.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Victoria Carolina Ortiz Salazar*

País: Venezuela

Email: victoryortiz3@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

***E. COLI* (STEC) EN VEGETALES FRESCOS Y SU SUSCEPTIBILIDAD A DIVERSOS ANTIMICROBIANOS. CUMANÁ, VENEZUELA**

Ortiz Victoria.*, Venezuela.

RESUMEN: *Escherichia coli* productora de Shiga toxina (STEC) es reconocida como un patógeno significativo de transmisión alimentaria por el consumo de productos cárnicos; recientemente los brotes alimentarios se han originado por consumo de vegetales frescos. Es por ello que se realizó la siguiente investigación con el fin de detectar presencia de cepas STEC en vegetales frescos comercializados en el Mercado Público de Cumaná, Venezuela. Se estudiaron 20 muestras de berros, 22 de espinacas, 22 de lechugas y 6 de apio (celeries). El aislamiento e identificación bioquímica de las cepas se siguieron las recomendaciones FDA (1992) y el uso de API ID 32 E. El preenriquecimiento se efectuó en caldo BHI y posteriormente se cultivaron en agar McConkey Sorbitol, ambos con Cefexime. La identificación de STEC se realizó por aglutinación en látex (Dryspot *Escherichia coli* Serocheck & Seroscreen, Oxoid) para serogrupos No-O157. Se aislaron 46 cepas de *E. coli*, 18 de espinacas, 8 de lechugas, 19 de berros y 1 de celery (todas sorbitol positivas). Serológicamente 5 cepas (4 de lechugas y 1 de berro) fueron positivas en la prueba de aglutinación en látex para cepas *E. coli* No-O157, sugiriendo presencia de cepas STEC No-O157, sorbitol positivas en vegetales frescos que podrían causar desórdenes gastrointestinales en la población. A estas 5 cepas se les determinó el patrón de susceptibilidad por método de difusión en disco en agar, siguiendo las normas de Kirby-Bauer para los siguientes antimicrobianos: ampicilina sulbactam (SAM), claritromicina (CLR), sulfametoxazole trimetoprim (SXT), gentamicina (CN), cefixime (CFM), ciprofloxacina (CIP), imipenen (IPM), tobramicina (TOB), ceftazidime (CAZ); reportándose resistencia a CLR y CFM 100%, SXT y CAZ 80%, CIP 60% y CN, TOB, SAM 20%; desarrollaron resistencia intermedia a CIP 40%, SAM y CAZ 20%; fueron sensibles a IPM 100%, CN y TOB 80%, SAM 60% y SXT 20%. Los datos arrojados por este estudio son los primeros en ser reportados en este tipo de alimentos en nuestro país.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ana Claudia Vici *

País: Brasil

Email: acvici@usp.br

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

PROPERTIES OF CRUDE LIPASES FROM THE ENTOMOPATHOGENIC FUNGUS *CORDYCEPS BRONGNIARTII*

Vici A. Claudia, Tristão A. P., Jorge J. Terenzi H. F., Polizeli MLTM.

RESUMEN: Lipases occupy a place of prominence among biocatalyst due to their ability to catalyze hydrolysis, synthesis and transesterification of triacylglycerols. They possess biotechnological potential as detergent, food and cosmetic industries and biodiesel production. The aim of this study was to analyze the lipase production from *C. brongniartii*. For it, the fungus was inoculated in liquid medium added of 1.0% olive oil, incubation at 100rpm, 30°C for 72h. The crude samples from mycelial extracts and medium filtrates were used for enzymatic assays using p-nitrophenylpalmitate. Several media were tested (Adams, Khanna, M5, SR and Vogel) and time-course of lipase production was followed until 10 days using Khanna medium, the most appropriate medium. Various nitrogen sources were tested and the highest levels of lipase production were obtained in the presence of 0.1% peptone or 0.1% yeast extract. Twelve oils were tested as carbon source and olive, canola, sunflower, soya and pequi oils had higher lipase production than others. The addition of 0.5% D-glucose to 1.0% plant oil resulted in a specific activity higher than the medium controls. The most suitable oil concentration for lipase production was 0.75% canola oil. Optimal pH for intra- and extracellular lipases were 3-8 and 6-7.5, respectively. Optimal temperature for intracellular lipases was the range 50 - 60°C and extracellular lipases was 55°C. Both enzymes were stable after 60min at pH 3-8. The lipases intra- and extracellular were thermostable after 60min at 70°C, showing 53% e 70% of residual activity, respectively. *C. brongniartii* lipases were stable after 24h in the organic solvents: dimethyl sulfoxide, methanol, acetonitrile, ethanol, acetone and butanol.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Rubén Joaquín Moraga Mamani *

País: Chile

Email: rmoraga@unap.cl

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

RESISTENCIA A COBRE EN CEPAS DE *VIBRIO SP.* AISLADAS DESDE *ARGOPECTEN PURPURATUS*

Moraga M. Rubén, Godoy V. Karen, Medina A. Cristo, Santander P. Edgardo.

RESUMEN: Los sistemas acuáticos son impactados por el efecto de la contaminación por metales pesados, estos ingresan al ecosistema por efecto de la actividad humana. En pequeñas concentraciones algunos de ellos son nutrientes esenciales, pero en concentraciones elevadas son tóxicos, rompiendo el equilibrio entre biota y ambiente. Los moluscos bivalvos son organismos acuáticos capaces de incorporar los metales desde el medio ambiente, situación que condiciona la microflora de estos organismos; las bacterias presentan mecanismos de respuesta a estos incrementos en la concentración del tóxico. Razón por la cual en este trabajo se estudió el efecto de la exposición a concentraciones elevadas de cobre en cepas de *Vibrio* aisladas desde la microflora intestinal de *Argopecten purpuratus*. Se aislaron cepas desde homogeneizados de *A. purpuratus*, las cuales se sembraron en agar TCBS suplementado con cobre. Las colonias fueron identificadas mediante el Kit API 20E. Se procedió a determinar las concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) para el metal mediante la técnica de dilución en placa, se estudió el efecto del cobre en el crecimiento bacteriano mediante curvas de crecimiento en presencia de diferentes concentraciones del metal y su efecto por microscopía electrónica de transmisión (MET), se estudió la presencia de plasmidio y su transferencia mediante conjugación. Mediante SDS-PAGE se estudió la inducción expresión de proteínas por efecto del metal. Las cepas aisladas fueron identificadas como *Vibrio* sp. La CMI para los aislados fue de 4.0 a 8.0 mM de cobre. Las tasas de crecimiento de las cepas no resultaron ser significativamente distintas al ser crecidas en presencia de dosis elevadas de cobre. Los resultados de MET revelan la acumulación de material electrodensito a nivel de envoltura celular. Se detectó la presencia de plasmidios en todos los aislados, los cuales fueron transferibles por conjugación, por otra parte, se observó la inducción de la expresión de una proteína a nivel de membrana externa en algunas de las cepas crecidas en presencia de cobre (> 4.0 mM).

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Zarack Chacón *

País: Venezuela

Email: anduezaf@ula.ve, zarack15@yahoo.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE BIFIDOBACTERIAS EN HECES DE LACTANTES

Chacón Zarack.*, Venezuela.

RESUMEN: Las bifidobacterias están entre los primeros colonizadores del tubo digestivo de los recién nacidos, son adquiridas por estos a partir de la flora fecal materna durante el parto vaginal. Mientras los lactantes son amamantados, estos microorganismos constituyen casi el 90 % de la flora del colon, proporción que desciende a cerca del 10 % a partir del destete. A partir de heces de lactantes sanos de veinte días de nacidos y alimentados con leche materna se aislaron cuatrocientas colonias en placas con agar TPY. Luego de una selección inicial sólo se conservaron 20 de estos aislados; a partir de cultivos puros se continuó el proceso en condiciones anaeróbicas, descartándose siete aislados que no lograron desarrollarse, las restantes se sometieron a crecimiento en aerobiosis. La identificación a nivel de género *Bifidobacterium* se realizó mediante la prueba de la fructosa 6 fosfato fosfocetolasa, descartándose siete cepas más, a los dos aislados restantes se les caracterizó bioquímicamente por medio de galerías API 50CH. Identificándose ambas como *B. lactis*. Las cepas fueron sometidas a condiciones hostiles a fin de determinarles sus potenciales probióticos, encontrándose que resisten valores de pH de 2 y 3, durante tres horas, a concentraciones de 0,3 % de sales biliares durante 48 horas y 100µg/mL de lisozima durante 15 minutos. En cuanto a las propiedades antagonistas contra *Listeria monocytogenes* CVC 445, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 Y *Enterococcus faecalis* ATCC 29212 se encontró que los sobrenadantes libres de células presentaron actividad antimicrobiana contra los microorganismos probados. Con estos resultados, podemos afirmar que las cepas aisladas presentan cualidades deseables en un microorganismo probiótico que las hacen apropiadas para ser incluidas en la elaboración de un producto lácteo.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Noreldy Molina*

País: Venezuela

Email: noreldy@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

EVALUACIÓN DE LA CALIDAD SANITARIA DE LA LECHE PASTEURIZADA

Molina Noredly*, Venezuela.

RESUMEN: La leche pasteurizada es un importante rubro en la alimentación de la población venezolana, cuya demanda ha sufrido un incremento a consecuencia de la escasez de leche en polvo; la misma, es susceptible de contaminación, por lo que se realizó la evaluación de la calidad sanitaria de 29 muestras de 6 marcas de leche pasteurizada entera expandidas en la ciudad de Mérida durante el mes de diciembre del 2007. Se determinó la acidez titulable, el pH, bacterias aerobias mesófilas (BAM), coliformes totales y *Escherichia coli* por métodos convencionales APHA (1992). El pH de las muestras de leche fueron similares, con media de 6,44 excepto en las muestra A y C las cuales estuvieron por debajo de la media. El valor de acidez titulable promedio obtenido expresado en tres unidades diferentes fue: 20,29 ml NaOH/100ml, 0,18g ácido láctico/100ml y 1,83g ácido láctico /l; sin embargo, estas medias tienen una gran varianza debido a que congruentemente con lo obtenido en la determinación del pH, las muestra A y C, presentaron valores de acidez superiores a los límites establecidos por las normas venezolana, nicaragüense y mexicana, en tanto que, las muestras D y F están ligeramente por debajo de éstos límites. Las muestras A, B y C resultaron ser las más contaminadas al no cumplir con los límites microbiológicos establecidos por la Norma Covenin venezolana y las mencionadas normas internacionales; con valores promedios de: BAM $9,64 \times 10^5$, $1,01 \times 10^7$ y $1,50 \times 10^3$ ufc/ml, coliformes totales: $1,09 \times 10^5$, $9,4 \times 10^3$ y $3,4 \times 10^2$ ufc/ml y coliformes fecales: $3,3 \times 10^2$, $1,40 \times 10^2$ y $4,5 \times 10^2$ respectivamente para las muestras A, B y C. Las marcas de leche pasteurizada D, F y E resultaron ser de buena calidad, con conteo de BAM dentro de los límites establecidos por las referidas normas y sin conteo de coliformes. Se concluye que el 44,12% de las muestras analizadas no cumplen con las normas microbiológicas mencionadas, representando una fuente potencial de enfermedades gastrointestinales.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Freddy Díaz*

País: Venezuela

Email: anduezaf@ula.ve

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: poster

CALIDAD MICROBIANA DEL AGUA MINERAL ENVASADA

Díaz Freddy*, Venezuela.

RESUMEN: Diversos investigadores han alertado sobre el riesgo que representa para la salud de los niños, ancianos y personas inmunosuprimidas, el consumo de agua mineral envasada contaminada por microorganismos. Se evaluaron 10 lotes de marcas comerciales de agua minerales expendidas en establecimientos comerciales de la ciudad de Mérida, Venezuela, a fin de conocer su calidad bacteriológica. A cada muestra seleccionada al azar se le determinó el número de Bacterias Aeróbicas Mesófilas, el número de Mohos y Levaduras y el número de Bacterias Coliformes Totales por la técnica de petrifilm (AOAC, 1991) y la cuantificación de *Pseudomonas aeruginosa* por el método de siembra en agar cetrimide APHA(1998). De los 10 lotes analizados, 8 (80%) resultaron positivas para la presencia de bacterias Aeróbicas Mesófilas, observándose contajes desde menos de 1 UFC/ml hasta más de 6501 UFC/ml. Para *Pseudomonas aeruginosa* se detectaron positivas 1 marca (10%) de las aguas minerales estudiadas. Y respecto a las bacterias Coliformes totales, de los 10 lotes en el 40% de ellos se detectó este grupo bacteriano. Para los Mohos y Levaduras igual el 40% de los lotes resulto positivo. Al comparar los valores obtenidos con las normas Españolas y Canadienses resultan que el 80% de los lotes no cumplen con los límites establecidos en estas normas, según las normas estadounidenses sólo el 30% cumplen con los límites establecidos en ella y comparándola con las normas Venezolana (Covenin, 1993) y Cubana, resulta que el 40% no son aptas para el consumo humano. Se recomienda a las industrias de agua mineral envasadas, establecer sistemas de control microbiológico antes, durante y después del envasado, a fin de obtener un producto con una calidad sanitaria aceptable.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Datty Rosales*

País: Venezuela

Email: dattyrsl@gmail.com

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Oral

ESTUDIO SEROEPIDEMIOLÓGICO DE LA BRUCELOSIS HUMANA

Rosales Datty*, Venezuela

RESUMEN: La Brucelosis, es una infección producida por especies del género *Brucella*, las cuáles afectan a diferentes especies animales, y es causa de grandes pérdidas económicas en el sector agropecuario. Los animales infectados pueden transmitir la enfermedad a personas y también la transmisión está mediada por consumo de productos lácteos contaminados. En el caso de los mataderos industriales en Venezuela, por lo general, no se cumplen con las medidas básicas de Bioseguridad, lo que aumenta el riesgo de infección en los trabajadores expuestos a contaminación bacteriana. En el caso particular del Frigorífico FILACA, éste recibe para beneficio la mayor parte de los bovinos de la Zona Sur del Lago de Maracaibo, la cual está caracterizada como región endémica primaria para Brucelosis Bovina, incrementando de esta forma el riesgo ocupacional. Debido a lo antes expuesto, se propuso la realización del presente trabajo de investigación, donde se estudió una población de 205 trabajadores del Frigorífico FILACA, a los cuáles se les aplicó una encuesta epidemiológica y se les realizó el diagnóstico serológico para evaluar la presencia de anticuerpos anti-*Brucella sp.* mediante la aplicación de Técnicas de Aglutinación Estándar (SAT) como el Rosa de Bengala (cualitativa), Microaglutinación en placa con Fenol (MAP) y con 2-Mercaptoetanol (2-ME) (cuantitativas). Del total de trabajadores, el 4% ha padecido Brucelosis y ha sido tratada farmacológicamente. Por medio del serodiagnóstico se encontró que el 1,96% (4) de trabajadores fueron positivos a Anticuerpos anti-*Brucella sp.* con títulos para MAP desde 1/20 hasta 1/160 y para 2-ME desde 1/40 hasta 1/160, permitiendo evidenciar en estos pacientes enfermedad activa, la cual ameritó atención médica. Es por ello que, es necesario activar un alerta epidemiológico en la empresa a fin de minimizar los riesgos de salud pública.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Alba Morillo*

País: Venezuela

Email: alba_m_morillo@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CALIDAD MICROBIOLÓGICA DE LA LECHE CRUDA BOVINA

Morillo Alba*, Venezuela.

RESUMEN: La evaluación microbiológica de la leche cruda permite el diagnóstico de su calidad, información de las medidas higiénicas aplicadas y el aislamiento de microorganismos causantes de enfermedades. La presente investigación se realizó con el objetivo de determinar la calidad microbiológica de la leche cruda producida en la zona alta del estado Mérida. Se analizaron un total de 20 muestras procedente de tres fincas, tomadas de manera aséptica de los tanques de enfriamiento. De cada unidad de muestra se realizaron diluciones seriadas en agua peptonada al 0,1% y se sembraron en diferentes medios de cultivo para la determinación de los microorganismos, según los procedimientos de la APHA (1992). Bacterias aerobias mesófilas se sembraron en agar plate count con incubación a 30° C durante 48 horas; *S. aureus* en agar Baird Parker con incubación a 37° C; coliformes totales y fecales utilizando placas de petrifilm 3M incubando a 37°C y 44 °C respectivamente por 48 horas (FDA, 1998); los mohos y las levaduras en agar papa dextrosa a pH 3,5 incubando a 25° C por 7 días. Las bacterias aerobias mesófilas se detectaron en el 100% de las muestras analizadas con valores en el recuento entre $2,5 \times 10^6$ y $> 6,4 \times 10^8$ UFC/ml. Se detectó *S. aureus* en el 100% de las muestras, con valores mayores a $6,4 \times 10^8$ UFC/ml en todos los casos. Los coliformes totales se presentaron por encima de 10^3 UFC/ml en el 95 % de las muestras, con un rango de $2,5 \times 10^3$ a $> 2,0 \times 10^8$ UFC/ml. Los coliformes fecales se detectaron con cargas superiores a 10 UFC/ml en el 60% de las muestras, con un rango entre $< 1,0 \times 10$ y $> 2,0 \times 10^8$ UFC/ml. Los mohos estuvieron en el 50% de las muestras analizadas con un rango de < 1 a $> 6,4$ UFC/ml. No se detectaron levaduras en ninguna de las muestras. Al confrontar estos resultados con las normas establecidas, se demuestra que la calidad microbiológica de la leche cruda no se encuentra dentro de los límites establecidos por lo que, puede representar un peligro para la salud pública.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Judith Araque*

País: Venezuela

Email: juditharaque@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CALIDAD MICROBIOLÓGICA DEL QUESO BLANCO NO PASTEURIZADO

Araque Judith*, Venezuela.

RESUMEN: Los quesos blancos sin pasteurizar, constituyen uno de los principales alimentos de la dieta del venezolano. La producción de este tipo de queso no está estandarizada, a los que se añade una pobre calidad sanitaria de la leche utilizada para su producción y ausencia de controles durante el mismo. En este sentido, se realizó el presente estudio para determinar la calidad microbiológica del queso blanco que se vende en el Municipio Libertador del Estado Mérida, Venezuela. Se analizaron un total de 20 muestras, recolectadas asépticamente y de manera aleatoria en los principales expendidos comerciales del Municipio Libertador. La finalidad fue determinar la calidad microbiológica, a través del recuento de coliformes totales y fecales, *Staphylococcus aureus* y mohos y levaduras, utilizando la metodología de siembra en placas rehidratables Petrifilm según lo señalado por la FDA (1998). Los coliformes totales se presentaron por encima de 10^3 UFC/g en el 100% de las muestras, con un rango de $8,1 \times 10^3$ a $> 6,4 \times 10^8$ UFC/g. Los coliformes fecales se detectaron con una carga superior a 10 UFC/g en el 50% de las muestras y con un rango entre 1×10 y $8,7 \times 10^4$ UFC/g. Se detectó *Staphylococcus aureus* en el 100% de las muestras, con un rango de $1,2 \times 10^2$ a $> 6,4 \times 10^8$ UFC/g. El 70% estuvo por encima de 10^3 UFC/g. Los mohos estuvieron presentes en el 100% de las muestras con valores superiores a 10^3 UFC/g en el 55% de las mismas y un rango de $1,3 \times 10^2$ a $> 6,4 \times 10^8$ UFC/g. Las levaduras se encontraron en el 100% de las muestras y con valores por encima de 103 UFC/g en todos los casos y con un rango de $3,5 \times 10^3$ a $> 6,4 \times 10^8$ UFC/g. Estos resultados indican un elevado número de microorganismos en las muestras de queso blanco evaluadas, excediendo los límites microbiológicos establecidos en la normativa nacional. Esto demuestra la pobre calidad microbiológica de los quesos blancos no pasteurizados expendidos en el Municipio Libertador del Estado Mérida.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María de Lourdes Teixeira de Moraes Polizeli*

País: Brasil

Email: polizeli@ffclrp.usp.br

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

APPLICATION OF *ASPERGILLUS NIVEUS* XYLANASE IN RUMINANT FEED TO IMPROVE THE DIGESTIBILITY

Peixoto-Nogueira S. C., Bertipaglia L., Reis R., Jorge J. A., Terenzi H.F., Polizeli MLTM.

RESUMEN: Xylanases can be applied in ruminant feeds, cellulose biobleaching, textile and others. In this work, *Aspergillus niveus* xylanases were evaluated on different forage digestibility. The fungus was cultivated in Czapeck liquid medium supplemented with 1% wheat bran, at 40°C, during 120h. The crude filtrate (4, 8 or 16 ml) or distilled water (controls) was used in vitro digestibility test. Alfalfa (*Medicago sativa*), Jaragua (*Hyparrhenia rufa*) hays, signal grass (*Brachiaria decumbens*) and corn silage digestibility were evaluated. The mixtures (forage plus enzymes or water) were added of rumen liquid collected from rumen canulated Nellore cattle, artificial saliva and buffer solution, to maintain the pH in similar conditions to the rumen. The samples were incubated at rumen temperature (40°C) and in anaerobic conditions. The test in vivo was done in six canulated female goats adding 5.63U/ml of xylanase or distilled water (control) directly on rumen. During 8h rumen liquid was sampled to determine xylanase activity. As result of in vitro tests was observed a higher consumption of organic matter when xylanase was added. With 16ml of enzyme, the best results were obtained on alfalfa hay, with digestibility 20% higher comparing to control. To signal grass corresponded to a digestibility improvement of 11% with only 4ml of xylanase. To jaragua grass hay the digestibility improvement was 33.6% independent of xylanase quantity. Using corn silage the digestibility improved 6.2% with 4 or 8mL of xylanase. During in vivo tests *A. niveus* xylanase tolerated the rumen conditions and the enzyme quantity was always higher in treated animals comparing to untreated ones.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Rosa Prado*

País: Venezuela

Email: rprado_2000@yahoo.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

BIODEGRADACIÓN DE LAS FRACCIONES SATURADAS Y AROMÁTICAS DEL PETRÓLEO PESADO Y GASOIL RANGO DIESEL MEDIANTE CULTIVOS BACTERIANOS.

Prado Rosa, Rojas Julio

RESUMEN: Siendo el petróleo una mezcla compleja de hidrocarburos, además de poseer elementos minoritarios como azufre, nitrógeno, oxígeno y trazas de metales; y el gasoil un combustible derivado del petróleo, es evidente que ambos originan los mismos problemas ambientales. Actualmente, el empleo de microorganismos en la recuperación de áreas contaminadas, esencialmente con desechos tóxicos producidos por actividades petroleras, ha aumentado considerablemente. Por tal motivo, en este trabajo se estudió la actividad biodegradativa de 5 cepas identificadas en trabajos anteriores como *Pseudomonas pseudoalcaligenes* alq3, *Pseudomonas fluorescens* alq8, *Pseudomonas mendocina* alq9, *Chrysomonas luteola* alq12, *Pseudomonas mendocina* alq13. Los microorganismos fueron cultivados previamente con gasoil con la finalidad de inducir las enzimas del catabolismo de hidrocarburos para luego determinar su actividad sobre las fracciones de saturados y aromáticos presentes en el petróleo y gasoil rango diesel. Asimismo, se determinó el efecto del tratamiento previo con un biosurfactante (rhamnolípido) sobre la actividad biodegradativa de estos microorganismos. Para registrar los cambios en las fracciones saturadas y aromáticas del petróleo pesado y gasoil se utilizó como técnicas analíticas: cromatografía en capa fina, espectrofotometría ultravioleta/visible y espectroscopía infrarrojo con transformadas de fourier. Se observó cualitativamente una disminución de las fracciones alifáticas y aromáticas tanto del petróleo pesado como del gasoil rango diesel, así como también, se pudo apreciar que la aplicación previa del biosurfactante sobre los microorganismos aumentó relativamente la biodegradación de las fracciones saturadas y aromáticas de los sustratos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Hedy Espinoza*
País: Perú
Email: heldyiyi@hotmail.com
Categoría: Industrial
Tipo de presentación: Poster

AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y ESTUDIO DE LA SUSCEPTIBILIDAD A LOS ANTIBIÓTICOS DE CEPAS DE *AEROMONAS SPP.* PRESENTES EN EL AGUA POTABLE EN CUSCO.

Espinoza Hedy, Flores Dariela, Caceres Marlene, Facultad de Ciencias Biológicas, Minaya Medalith, Kühn Inger, Colque Navarro Patricia, Möllby Roland, Silva Juan

RESUMEN: *Aeromonas* comprende un grupo de bacterias mesófilas, Gram negativas, móviles y anaerobias facultativas, que están ampliamente distribuidas en aguas frescas y aguas servidas. Estas bacterias han sido asociadas a una gama de infecciones humanas, especialmente gastroenteritis. El objetivo de este estudio es aislar y caracterizar cepas de *Aeromonas* spp presentes en agua potable del Cusco, Perú. Se obtuvieron 114 muestras de agua de 11 sectores diferentes del Cusco, desde lugares de captación hasta las piletas domiciliarias. Las muestras fueron sembradas en placas con medio selectivo para *Aeromonas* con ampicilina SR136. La identificación se hizo por pruebas bioquímicas y la susceptibilidad a diversos antibióticos por técnica de dilución en placa (CLSI). Se determinaron los fenotipos bioquímicos por el sistema Phene-Plate^{MR}, usando microplacas PhP-AE. Se aislaron 60 cepas de *Aeromonas* y se identificaron 3 especies, *A. hydrophila* con 44 cepas, *A. caviae* con 8 cepas y *A. veronii* 8 cepas. *A. hydrophila* se aisló con mayor frecuencia en el sector Margen Derecha con 12 aislamientos, Chocco y Cuychiro con 8 aislamientos cada uno. Los mayores aislamientos de *A. hydrophila* ocurrieron en los lugares de captación del agua potable. Solamente, en el sector de Margen Derecha se aisló *A. hydrophila* en una pileta domiciliaria. El sistema Ph-Plate identificó 5 PhP-tipos comunes y 34 cepas únicas. El PhP-tipo 1 se identificó como más frecuente e incluía a 18 cepas de *Aeromonas*. En los otros PhP-tipos sólo 4 cepas cada uno. Los ensayos de susceptibilidad solamente se describen para *A. hydrophila*. La mayoría de las cepas mostraron una gran susceptibilidad, detectándose resistencia a ampicilina y cloranfenicol (54,5%), eritromicina (43,5%), nitrofurantoína (31,8%) y ácido nalidíxico (9%). Estos resultados muestran la existencia ciertos clones fenotípicos dominantes de *Aeromonas* en agua potable, con resistencia moderada a antibióticos, que pueden constituir un peligro para la salud pública.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Carolina Chaves*

País: Costa Rica

Email: evelyn.chaves@ucr.ac.cr

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

AISLAMIENTO DE BACTERIAS LÁCTICAS RESISTENTES A ANTIMICROBIANOS A PARTIR DE HECES Y ALIMENTOS

Chaves Carolina, Rodríguez César, Arias María, García Fernando.

RESUMEN: Las bacterias lácticas son ampliamente usadas en la industria, por lo que, en los últimos años su estudio ha ido en aumento. Un aspecto relevante de su estudio es la resistencia a diferentes compuestos antimicrobianos. La resistencia a los antibióticos es un problema en aumento y se ha demostrado que la transferencia de los genes de resistencia puede ocurrir bajo condiciones naturales y entre bacterias de diverso origen (Kruse y Sorum, 1994). De esta forma, las bacterias lácticas pueden convertirse en reservorio para diseminar genes de resistencia entre bacterias potencialmente patógenas (Katla et al., 2001). Los microorganismos examinados en este trabajo se aislaron a partir de muestras de heces de infantes residentes en Puerto Limón (Costa Rica), de quesos, embutidos, melón entero, carne molida y pulpa de piña expendidos en el área metropolitana del mismo país. Para realizar el aislamiento se utilizó una modificación de la metodología descrita por Vanderzant y Splittstoesser (1995). Las muestras de heces fueron rayadas en platos de agar MRS con vancomicina. Posteriormente, se realizó la confirmación de los aislamientos mediante el sistema API CH50. Para determinar el perfil de susceptibilidad a diferentes antimicrobianos se utilizó la técnica descrita por Zhou et al. (2005). Se obtuvo un total de 88 aislamientos. Las bacterias lácticas aisladas a partir de heces exhibieron más frecuentemente resistencia a ceftazidime y tetraciclina que las cepas de alimentos. Excluyendo los antimicrobianos que presentaron resistencia intrínseca, el 56% de las cepas mostró resistencia al menos a 2 y como máximo a 6 antibióticos. El hecho de que presenten resistencia a más de un antimicrobiano debe ser evaluado para determinar la posible transmisión de esta característica.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Hortensia BritoVega*

País: México

Email: hortensia@colpos.mx

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DE BACTERIAS DEL TRACTO DIGESTIVO DE LA LOMBRIZ DE TIERRA (*OLIGOCHAETA*)

Brito Vega Hortencia., Espinosa Victoria David, Barois Boullard Isabelle, Gómez Vásquez Armando.

RESUMEN: Se conoce poco sobre la diversidad microbiana del intestino de las lombrices de tierra, así como, de las relaciones que se establecen entre ambos simbioses. En el presente trabajo se determinó la diversidad de bacterias del tracto digestivo de la lombriz de tierra *Dendrobaena octaedro*. La zona de muestreo fue el Parque Nacional Forestal Iztaccíhuatl–Popocatepetl, localizado en el centro de México. Los individuos adultos fueron fijados con agua estéril a 50°C por 10 s. Bajo condiciones asépticas, el contenido de cada una de las 4 regiones del intestino (A: segmentos 1- 35, B: 36-69, C: 70-101 y D: 102-135) fue sembrado en medios Brain Heart Infusion, Agar Nutritivo, Agar Soya Trypticaseína y medio para *Pseudomonas*. Los aislamientos fueron identificados con los sistemas API® E20 y NE20. La población bacteriana en el tracto digestivo fue más alta en la región B y en el suelo forestal, 2×10^6 UFC y 1.5×10^8 UFC, respectivamente. Se identificaron ocho especies de bacterias: *Serratia odorífera*, *S. liquefaciens*, *S. fonticola* y *S. marcescens*, *Pseudomonas luteola*, *Vibrio fluvialis*, *Burkholderia cepacia* y *Aeromonas hydrophila*, que preferentemente se localizaron en las regiones B y D. El género *Serratia* fue el más abundante (4 especies), encontrándose en las 4 regiones del tracto digestivo. Las poblaciones bacterianas encontradas en *D. octaedro* fueron similares a las reportadas en *Eisenia fetida* y *Lumbricus rubellus*, pero no se encontró el género *Bacillus*. Se identificaron bacterias de importancia agrícola que han sido reportadas como productoras de bacteriocinas, ácido indol-3-acético, sideróforos y solubilizadoras del fosfato.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Adriana Chalbaud*

País: Venezuela

Email: obduliacht@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO MICROBIOLÓGICO DE CEPAS DE BIFIDOBACTERIAS AISLADAS DE PRODUCTOS LÁCTEOS TIPO YOGURT

Chalbaud Adriana*, Venezuela.

RESUMEN: Los probióticos son suplementos microbianos utilizados para mejorar el equilibrio bacteriano intestinal, favoreciendo la salud de los consumidores. Los efectos que provocan dependen del sinergismo que debe establecerse en los cultivos y los iniciadores de la fermentación, para obtener un producto de excelente calidad, así como, de los factores extrínsecos que condicionan la viabilidad de la cepa. En el país, son pocos los estudios dirigidos a evaluar la caracterización microbiológica de organismos probióticos. En este trabajo nos propusimos estandarizar técnicas microbiológicas para el aislamiento e identificación de bifidobacterias aisladas de 2 productos comerciales (uno etiquetado como producto probiótico), empleando siembras en profundidad en placas y tubos Miller-Pricket. Se utilizaron 2 medios suplementados con antibióticos para la comparación del crecimiento, el RCA y el MRS suplementado con HCl-cisteína. Las muestras fueron incubadas en jarras de anaerobiosis, con una vela más una solución de Alka-Seltzer diluido. Se realizaron pruebas microbiológicas características del género, y pruebas automatizadas (Galerías API Rapid ID32 para anaerobios). Se obtuvo un mayor recuento en el medio MRS. La siembra por profundidad en tubos arrojó un título más alto que la siembra en placa, oscilando entre $4,7$ a 9×10^7 UFC/ml para un producto y $3,5$ a $5,20 \times 10^5$ UFC/ml para el otro. Las lecturas de las pruebas automatizadas no arrojaron ningún perfil de identificación aceptable. Los resultados permiten concluir que el medio MRS es apropiado para el crecimiento de bifidobacterias. Los tubos Miller-Pricket son eficientes para el conteo ya que su forma plana y la doble capa, mejoran las condiciones anaerobias. En las 60 cepas aisladas, las pruebas microbiológicas tradicionales concuerdan con lo esperado para el género y coinciden a su vez con lo leído por el sistema automatizado, a pesar de no obtener un perfil de identificación aceptable.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Adriana Chalbaud*

País: Venezuela

Email: abduliacht@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO DE CEPAS GRAM NEGATIVAS AISLADAS DEL EMBALSE PAO CACHINCHE

Chalbaud Adriana*, Venezuela.

RESUMEN: La contaminación de los cuerpos de agua por las descargas continuas de materia orgánica es un problema de salud pública a nivel mundial. Las bacterias presentes en estos hábitats han desarrollado diferentes mecanismos de resistencia, siendo los plásmidos los principales protagonistas. En este trabajo nos propusimos ahondar en la búsqueda de una solución al creciente problema de la dispersión de plásmidos en las bacterias presentes en el Embalse Pao-Cachinche. Se aislaron muestras de agua en zonas del embalse en Mayo de 2005 y Octubre de 2007. Se realizó la titulación de bacterias totales y coliformes. Algunas de las cepas aisladas fueron identificadas por métodos bioquímicos y con el uso de galerías de identificación (API). Se realizó la determinación de los perfiles de resistencia usando el método de Kirby-Bauer, y se aisló el DNA plasmídico empleando el método de lisis alcalina, determinándose la capacidad de transferencia de dichos plásmidos por ensayos de conjugación y transformación. Nuestros resultados demostraron que para el año 2005 los niveles de contaminación eran inferiores a los del 2007. En las muestras del 2007 los aislados predominantes fueron Enterobacterias, probablemente por la incorporación de afluentes al Río Pao. Todos los aislados portaron determinantes de resistencia. Se demostró la presencia de DNA plasmídico en más del 90% de las cepas, siendo el 25% de los plásmidos transferibles bajo las condiciones ensayadas. Estos estudios representan una señal de alarma, así como, un aporte para el análisis bacteriológico después de a la implementación de un sistema de aireación como medida de mitigación ante la eutrofización, reportando cambios favorables en título y diversidad microbiana. La posterior desviación del Río Cabriales hacia el Río Pao condujo al aumento significativo de coliformes en el brazo este del embalse perdiéndose el efecto mitigador logrado.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Silvia DR Miyazaki

País: Argentina

Email: miyazaki@agro.uba.ar

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

AISLAMIENTOS DE BACTERIAS CON ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA Y CARACTERIZACIÓN DE SUS METABOLITOS ACTIVOS

DR Miyazaki Silvia*, Argentina.

RESUMEN: Existen varios Géneros bacterianos que poseen una alta capacidad controladora de agentes patógenos en plantas, entre ellos se encuentran *Pseudomonas* y *Bacillus*; éste último es formador de esporas, Gram positivas. Entre los mecanismos de biocontrol que desarrolla se encuentra la producción de metabolitos secundarios que son mayoritariamente lipoproteínas de bajo peso molecular. En este trabajo se realizó un screening con bacterias Gram positivas y Gram negativas con actividad antifúngica, especialmente contra los hongos causantes de “dumping off” en soja, entre ellos *Fusarium solani*, *Pythium sp*, *Rhizoctonia solani* y *Sclerotium rolfsii*. Se utilizó el medio mínimo de sales minerales con glucosa 1% o glicerol 1% como fuentes carbonadas, se incorporó 9,5 mM de ácido L- glutámico para el crecimiento y síntesis de los metabolitos de *Bacillus*. Se incubó a 30°C a 100 rpm y se midió la DO a 610 nm hasta las 100 h. Se identificaron los metabolitos antifúngicos en los sobrenadantes filtrados, se realizó una cromatografía en capa delgada (thin layer chromatography, TLC) preparativa con Silicagel 60 (Merck). El solvente de corrida fue Cl₃CH: CH₃OH: H₂O 65:25:4V/V. Se reveló a 254 nm y 354 nm y con ninhidrina. Las bacterias seleccionadas fueron *Bacillus subtilis* ATCC 6633 y *Bacillus subtilis var natto*. Las curvas de crecimiento fueron similares cuando la fuente carbonada utilizada fue glucosa 1%. *Bacillus subtilis var natto* mostró el doble de crecimiento cuando la fuente carbonada fue glicerol 1%. Los sobrenadantes mostraron mayor actividad a las 100 h. Se corrió en TLC los sobrenadantes, se encontró 2 bandas a 300 nm (una en el origen y otra a un R_f 0.3). Una tercera banda se reveló con ninhidrina, R_f 0,15. En la fase estacionaria tardía (100 h) se observó la mayor actividad antifúngica y la mayor concentración de los metabolitos que absorben a 300 nm, por lo tanto, ésta fracción y la fracción proteínica serían las activas; a las cuales se les determino el grupo funcional.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Paula Andrea Salinas Cisternas*

País: Chile

Email: paula.salinas@gmail.com

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Poster

ESTUDIO DE GENES DE VIRULENCIA EN CEPAS DE *E. COLI* AISLADAS DESDE FECAS DE LOBO DE MAR CON Y SIN IMPACTO DE AGUAS SERVIDAS

Salinas C. Paula, Moraga M. Rubén, Santander P. Edgardo, Sielfeld K. Walter.

RESUMEN: Las costas chilenas presentan poblaciones de lobo marino común *Otaria flavescens*, algunas de estas se encuentran influenciadas por la actividad antropogénica, lo cual ocasiona que algunos de estos hábitat presente malas condiciones sanitarias, siendo este el caso de la lobera ubicada en caleta Riquelme en Bahía Iquique, en esta Bahía se vierten las aguas servidas de la ciudad, las que no reciben ningún tipo de tratamiento, razón por la cual, en el presente trabajo se estudia el efecto de la contaminación fecal generada por estas aguas servidas en la presencia de cepas enteropatógenas de *E. coli* en las deposiciones de la colonia de lobos marinos que habitan en las aguas del puerto y la variabilidad genética de estas cepas. Se tomaron muestras de fecas de lobos marinos de dos poblaciones una en Bahía Iquique y otra en la colonia de lobos marinos en Punta Patache, distante a 55 Km, y sin el impacto de aguas servidas, se tomaron muestras de agua de mar en ambos sectores, así como, de la descarga del emisario submarino. Se procedió a aislar las cepas de *E. coli* las cuales se identificaron mediante pruebas bioquímicas. Se procedió a la extracción de ADN y a la amplificación mediante PCR para detectar la presencia de genes de virulencia asociadas a cepas patógenas: *stx1*, *stx2*, *eae*, *daa*. Mediante ERIC-PCR se estudió la variabilidad genética entre las cepas aisladas. Las cepas de *E. coli* aisladas desde agua de mar de Punta Negra y del emisario submarino, presentaron cepas de *Escherichia coli* enteropatógenas (gen *eae*), en las fecas analizadas de ambas colonias de lobos no se detectó la presencia de genes de virulencia asociados a cepas enteropatógenas, salvo la amplificación del gen *daa* en una muestra proveniente de Punta Patache. El análisis de la variabilidad génica de las cepas de *E. coli* (de agua de mar, aguas servidas, fecas de ambas poblaciones lobos marinos), mediante la técnica ERIC-PCR, dió como resultado agrupamientos de acuerdo al origen de la muestra, separando las muestras de *E. coli* de cada población de lobo con las de cepas aisladas desde las aguas servidas del emisario submarino.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Pool Marcos Carbajal*

País: Perú

Email: asperpool@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

PREVALENCIA Y EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE CEPAS DE *E. COLI* BLEES EN INFECCIONES URINARIAS EN LIMA

Carbajal Pool Marcos*, Perú.

RESUMEN: Antecedentes: Determinar la prevalencia de la resistencia a antimicrobianos mediada por BLEEs en Lima metropolitana y realizar la genotipificación de las cepas de UPEC productoras de BLEEs mediante Rep-PCR y electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE). Metodología: Se incluyeron 181 pacientes ambulatorios con infección del tracto urinario de Mayo a Julio de 2006. La producción de BLEEs se determinó mediante discos de sensibilidad usando los criterios del Clinical and Laboratory Standards Institute (NCCLS) en el Laboratorio de la Clínica Good Hope – Miraflores, el Rep-PCR y la PFGE se hicieron de acuerdo a los procedimientos estandarizados en el Laboratorio de Microbiología Molecular de la Facultad de Ciencias Biológicas – UNMSM y en el Laboratorio del Hospital Clinic de Barcelona – España, respectivamente. Resultados: Se aislaron cepas UPEC productoras de BLEEs del 17.6% de los pacientes estudiados, la mayoría de las cuales fueron resistentes a sulfonamidas, fluoroquinolonas y penicilinas. La coresistencia a amoxicilina/ácido clavulánico y ciprofloxacino fue casi común a todas las cepas productoras de BLEE, seguido de sulfametoxazol/trimetoprim y gentamicina. Mediante Rep-PCR y PFGE se demostró una baja clonalidad de las cepas de *Escherichia coli* productoras de BLEE aisladas en este estudio, es decir, que mayoritariamente los perfiles de cada una de las cepas son distintos unos de otros. Conclusiones: Hay una elevada prevalencia de resistencia mediada por BLEEs en infecciones del tracto urinario adquiridas en la comunidad en Lima metropolitana y una alta diversidad genotípica (baja clonalidad) de las cepas de UPEC – BLEE positivas aisladas en este estudio, lo que significa que no se hace vigilancia de la resistencia a antimicrobianos y que persiste el uso indiscriminado y automedicación de antibióticos en la comunidad con relación a las infecciones del tracto urinario.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Fernanda Rosales*

País: Ecuador

Email: mrosales@uazuay.edu.ec

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

AISLAMIENTO Y PURIFICACIÓN DE CEPAS DE *PENICILLIUM ROQUEFFORTI* APLICABLES EN ALIMENTOS

Rosales M. Fernanda*, Ecuador.

RESUMEN: El objetivo del presente trabajo fue el de aislar y purificar el hongo *Penicillium roquefforti*, el cual fue obtenido de un sustrato comercial. Para aislarlo se elaboraron diferentes cultivos para su desarrollo; utilizándose principalmente: Agar PDA, Agar Sabouraud y Agar YMG, los cuales permiten un mejor desarrollo del micelio. Se realizaron microcultivos según la técnica de la Cámara Húmeda. Posteriormente, se observó al microscopio el crecimiento fungal. Con esta técnica se pudo observar claramente la forma micelar y los conidióforos del *Penicillium*. La purificación del hongo consistió en limpiar el cultivo de todo microorganismo indeseable, que se desarrolle a su alrededor. Las cepas se mantuvieron congeladas y posteriormente se determinó la cantidad de células viables por medio de la Cámara de Neubauer. Las esporas desarrolladas en agar YMG estaban en una cantidad 6×10^9 esp./ml. En cuanto a las esporas que se desarrollaron en agar Sabouraud se encontraron en una cantidad de 11×10^9 esp./ml. Las esporas de *Penicillium sp.* se aplicaron en campo mediante la elaboración de quesos de pasta azul, con adición de cultivo láctico mesófilo homofermentativo conjuntamente con cepas de *Penicillium*. Posteriormente al cuajado y desuerado, se realizó el salado por frotación por cuatro días. Finalmente, se los madura por 45 días en condiciones controladas de 20°C y 85% de humedad relativa. En los quesos elaborados se realizó la tipificación del *Penicillium*, para lo cual se tomó una muestra a sembrar en agar MEA; purificarlo, y enseguida se elaboró microcultivos. Se observó al microscopio las características del hongo, siendo: diámetro de 40 a 60 mm, planos y bajos, estrictamente voluminosos. Presentan un micelio inicial copioso, de color blanco, poseen una producción de conidios, los bordes son color turquesa grisáceo y posteriormente verde oscuro. Otros parámetros microbiológicos establecidos en la norma del Codex Alimentario para quesos de pasta azul fueron realizados.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: David EspinosaVictoria*

País: México

Email: despinos@colpos.mx

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DE BACTERIAS ENDOFÍTICAS DE RAÍCES DE CAÑA DE AZÚCAR (*SACCHARUM OFFICINARUM*) EN MÉXICO.

Espinosa Victoria David.*, Colegio De Postgraduados, Montecillo, Estado De México.

Rodríguez María de las Nieves

Gómez Merino Fernando

Trejo Tellez Libia

Paredes-Mendoza Marianela

Brito Vega Hortencia

RESUMEN: La caña de azúcar (*Saccharum officinarum*) es un cultivo de importancia agrícola e industrial, que requiere de un elevado nivel de nitrógeno y fósforo para su desarrollo. El objeto de este trabajo fue aislar y caracterizar cepas bacterianas de las raíces de éste cultivo para la elaboración de biofertilizantes. Las raíces fueron colectadas en Córdoba, Veracruz, la principal zona cañera de México. Las raíces fueron desinfectadas superficialmente, cortadas en pequeños segmentos y sembradas en placas de agar nutritivo. Los aislamientos obtenidos fueron purificados, crecidos en medios selectivos, y sometidos a pruebas bioquímicas básicas para su identificación con el sistema Api 20E y Api 20NE (Biomeriux). La capacidad de las cepas bacterianas para solubilizar fosfato insoluble se evaluó en el medio mínimo MRP sólido y líquido con $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ como fuente de fósforo. La producción de ácido indolacético (AIA) y ácido 2-cetoglucónico se determinó con los medios SFS y Haynes modificado, respectivamente. De las 148 cepas bacterianas aisladas, 27 solubilizaron fosfato, 20 produjeron AIA, y 100 produjeron ácido 2-cetoglucónico. Se identificaron especies como *Pseudomonas luteola*, *Chryseobacterium meningosepticum*, *Pseudomonas fluorescens*, *Shewanella putrefaciens group*, *Sphingomonas paucimobilis*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Aeromonas hydrophila*, *Burkholderia cepacia* y *Citrobacter freundii*. Dadas sus características bioquímicas, las bacterias aisladas son susceptibles de emplearse en la elaboración de biofertilizantes para la caña de azúcar.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Carlos Yesid Soto Ospina*

País: Colombia

Email: cysotoo@unal.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

MOLECULAR MODELING AND CHARACTERIZATION OF *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* 3-KETOACYL-ACYL CARRIER PROTEIN REDUCTASE (FABG2)

Arenas Nelson Enrique, Ramírez Ana Silvia, Salazar Luz Mary, Soto Ospina Carlos

RESUMEN: Machinery of lipid biosynthesis in *Mycobacterium tuberculosis* comprises a complex pathway with a defined function on mycolic acid biosynthesis, acid-fastness, and pathogenesis, and represents an opportunity of development new mycobacterial drug targets. FabG2 is an essential gene which encodes a polyketide synthase which catalyses the first step in the reductive modification of the beta-carbonyl centers in the growing polyketide chain. It uses NADPH to reduce the keto group to a hydroxy group and could be act as a β -hydroxyacyl-coenzyme, a dehydrogenase. We built a partial structural model from FabG2 (Rv1350) aminoacid sequence by using bioinformatic homology servers; refinement and minimization structure was carry out in Swiss PDB Viewer (<http://www.expasy.org/spdbv/>) and Insight II (accelrys) according to a secondary structure prediction. Domains and transmembrane helices were predicted by SMART and TopPred respectively. Our results show a high structural similarity among FabG2 and eukaryotic hydroxysteroid dehydrogenase. The protein contains a typical Rossmann fold structure, with a twisted, parallel α -sheet composed of seven β -strands flanked on both sides by a total of eight α helices. Structural comparison with of *E. coli* FabG2 structure without cofactor suggest that substantial conformational change occurs in the enzyme upon cofactor binding and it contains a conserved catalytic triad (Tyr155, Lys159 and a Ser142). FabG2 lacks of transmembrane regions their hydrophobicity profile and KR domain suggests strong membrane association. Deciphering clues on enzymes involved in mycobacterial lipid biosynthesis is relevant for its role in constitutive physiological process of lipid metabolism/trafficking for mycobacterial viability and virulence.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Yusibeska Ramos*

País: Venezuela

Email: Yusibeska@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

LOS ANTISÉPTICOS Y DESINFECTANTES SON UTILIZADOS EXTENSIVAMENTE EN EL CONTROL DE LAS INFECCIONES HOSPITALARIAS

Ramos Yusibeska*, Venezuela.

RESUMEN: Introducción: Los antisépticos y desinfectantes son utilizados extensivamente en el control de las infecciones hospitalarias. Entre los más utilizados se encuentran los compuestos catiónicos cuaternarios de amonio (QACs), agentes activos de los antisépticos de acción polivalente. El abuso cotidiano de estos compuestos ha conllevado a la selección de cepas bacterianas resistentes, que aumentan el riesgo de la adquisición de infecciones nosocomiales. Objetivo: Evaluar la capacidad de crecimiento en presencia de agentes desinfectantes de cepas bacterianas provenientes de pacientes hospitalizados en la Unidad de Terapia Intensiva y cepas aisladas de diferentes superficies inanimadas de la Unidad de Neonatología, ambos Servicios del Hospital Clínico Universitario de Caracas. Metodología: Para evaluar los niveles de resistencia se utilizaron las pruebas recomendadas por la Association of Official Analytical Chemists, éstas son la Determinación de Suspensión Cuantitativa (recuento del número de colonias viables), y la prueba de Rapidez de Muerte Celular (medida de la turbidez en medio líquido), ambas determinaciones posteriores a la exposición del microorganismo al desinfectante. Resultados: El 60% de los microorganismos evaluados fueron capaces de crecer en presencia de los agentes desinfectantes de la familia de los QACs. Los aislados ambientales provenientes de la Unidad de Neonatología presentaron un mayor número de colonias y mayor de turbidez a los diferentes tiempos ensayados, en comparación con los aislados provenientes de pacientes con infección nosocomial. De los microorganismos estudiados, los Gram negativos, como *P. aeruginosa*, tuvieron la mayor capacidad de crecimiento. Conclusiones: Nuestros resultados representan una alerta para las autoridades sanitarias, y contribuirán a diseñar medidas más exitosas para controlar la presencia de cepas bacterianas en el ambiente, tales como la rotación de los agentes desinfectantes utilizados.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Nadia Catalina Alfonso Vargas*

País: Colombia

Email: nc.alfonso104@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CARACTERIZACIÓN DE LOS GENES IMPLICADOS EN QUORUM SENSING, SÍNTESIS DE POLISACÁRIDOS Y ENZIMAS DEGRADADORAS DE PARED CELULAR EN LA PATOGENICIDAD DE *XANTHOMONAS AXONOPODIS PV. MANIHOTIS*

Nadia Alfonso, Trujillo César, Pardo Carolina, Bernal Adriana

RESUMEN: La yuca (*Manihot esculenta*) se constituye como un producto básico en la dieta de millones de personas a nivel mundial y según la FAO el incremento en su producción podría ayudar a mitigar el hambre en regiones tropicales pobres en las cuales este producto es importante. Una de las limitantes en el cultivo es el añublo bacteriano, causado por *Xanthomonas axonopodis pv. manihotis* (Xam). Esta es una enfermedad ampliamente distribuida en América del Sur y en África, generando pérdidas entre un 12 y 100 % de los campos cultivados. El presente estudio pretende identificar por medio de herramientas bioinformáticas genes candidatos asociados con la patogenicidad en Xam, específicamente los relacionados con el sistema de Quorum Sensing, producción de exopolisacáridos y enzimas degradadoras de pared celular. Esto se realiza por medio del alineamiento de las secuencias y posterior diseño de primers hacia regiones conservadas de varias especies de *Xanthomonas* y la posterior generación de mutantes para estos genes con el fin de evaluar el efecto en la infección. La caracterización de estos grupos de genes permitirá entender más ampliamente la interacción planta – patógeno y a largo plazo generar nuevas estrategias de control para la enfermedad.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Teresa Reyes Blanco*

País: México

Email: josuesolisp@gmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CINÉTICA DE CRECIMIENTO DE *L. REUTERI* UTILIZANDO FOS DE AGAVE TEQUILANA COMO FUENTE DE CARBONO

Reyes María Teresa*, México.

RESUMEN: El *Lactobacillus reuteri* es considerado un probiótico con buena adhesión a glicoproteínas del íleon humano y productos prebióticos como: fibras y polisacáridos, evitando la transformación de células normales a tumorosas aumentando la actividad inmunológica. Para la producción de probióticos, se utilizan como fuentes de carbono a la lactosa y glucosa, que en condiciones óptimas de cultivo favorecen al crecimiento de las bacterias. Existen diversas fuentes de carbono (prebióticos) que pueden ser utilizadas como los fructo-oligosacáridos (FOS) de inulina de achicoria y agave. Estudios efectuados en humanos sugieren que la fermentación de FOS con una grado de polimerización (DP) mayor a 25, estimula la movilidad intestinal y el crecimiento de la flora intestinal reflejándose en un mejor funcionamiento del intestino y sistema inmunológico. En este trabajo, el *L. reuteri* fue cultivado en matraz con medio líquido YPL (5g/l de extracto de levadura y peptona, 20g/l de lactosa) y medio líquido YPI (5g/l de extracto de levadura y peptona, 20g/l de FOS de agave). Las cinéticas se llevaron a cabo a pH 6.5, temperatura 37°C y agitación a 250 rpm. La concentración celular se midió por densidad óptica y conteo celular. Se evaluó consumo de sustrato por fenol-sulfúrico y consumo de proteína por Lowry. Los resultados mostraron que *L. reuteri* cultivado en lactosa presenta una velocidad máxima de crecimiento de 0.017 h⁻¹ y un No. máximo de células vivas de 5.5X10⁸ cel/ml. En las fermentaciones con FOS, presentaron una velocidad máxima de crecimiento de 0.010 h⁻¹ y un No. máximo de células vivas de 5.3X10⁸ cel/ml. Por tanto, el probiótico tiene la capacidad de crecer en FOS de agave manteniendo su nivel de células vivas similar al cultivo con lactosa. El *L. reuteri* consumió 97% de lactosa y 62% de proteína en YPL, mientras que en YPI consumió 78% de FOS y 46% de proteína. Por lo tanto, los FOS pueden considerarse una fuente de carbono alternativa para la obtención de probióticos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María del Rocío López Álvarez*

País: México

Email: r.lopezalvarez@yahoo.com.mx

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

PREVALENCIA DE MICOBACTERIAS

López María del rocío*, México.

RESUMEN: Antecedentes. Las principales causas que han contribuido a la alta incidencia de tuberculosis (TB) son el VIH, la diabetes, la desnutrición y las terapias inmunosupresoras, etc. En estos pacientes se han incrementado las coinfecciones con micobacterias no tuberculosas (MNT). Las enfermedades causadas por MNT son indistinguibles de las causadas por los miembros del complejo *M. tuberculosis* (CMT) tanto clínica, radiológica y microbiológicamente; pero el tratamiento es diferente, de ahí la importancia de identificar la especie de micobacteria. Métodos utilizados: A partir de tubos Lowenstein-Jensen se tomó una colonia, se realizaron 2 ensayos de PCR. Se identifican: género *Mycobacterium*, el CMT, *M. tuberculosis* y *M. bovis*. Resultados. En un período de 10 meses se procesaron 49 (100%) muestras, de las cuales fueron 13 pulmonares (26%) y 36 extrapulmonares (74%). De 13 muestras pulmonares, 10 (77%) correspondieron a *M. tuberculosis* y 3 (23%) a MNT. En las muestras extrapulmonares (36) se encontraron 14 (39 %) *M. tuberculosis* y 22 (61 %) MNT. Del total de muestras (49), 24 fueron *M. tuberculosis* (49%) y 25 MNT (51%). Del total (49), 11 fueron de pacientes inmunocompetentes y 38 de inmunodeprimidos (20 VIH, 13 diabéticos y 5 con otras inmunosupresiones). En los VIH y los inmunocompetentes, tanto las CMT como las MNT se aislaron de muestras extrapulmonares, a diferencia de los diabéticos en donde fueron aisladas los 2 grupos de micobacterias de sitios pulmonares y extrapulmonares. No se encontró *M. bovis* en este estudio. Conclusiones. En todos los grupos de pacientes se aislaron tanto CMT como MNT. En los pacientes VIH, se aisló un mayor número de cepas pertenecientes a MNT. El 100% de las muestras de pacientes VIH fueron extrapulmonares. En los pacientes inmunocompetentes se aislaron 5 MNT de muestras de orina. Con los resultados obtenidos, se demuestra la importancia de identificar las micobacterias a nivel de especie.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Elsa Nancy Pallares*

País: Argentina

Email: pallares@inti.gov.ar

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

EVOLUCIÓN Y EVALUACIÓN DE LOS MEDIOS DE CULTIVO MÁS DIFUNDIDOS PARA LA DETECCIÓN DE *ALICYCLOBACILLUS* (ACB) EN MUESTRAS DE JUGOS CONCENTRADOS DE MANZANA PROVENIENTES DE DIFERENTES EMPRESAS ELABORADORAS DE LA REPÚBLICA DE ARGENTINA

Pallares Elsa*, Instituto Nacional de Tecnología Industrial, Argentina.

RESUMEN: Antecedentes del estudio: *Alicyclobacillus spp.* son bacterias esporoformadoras que pueden sobrevivir a las temperaturas habituales de pasteurización. Con las condiciones apropiadas, como temperaturas elevadas y un medio ácido estas esporas pueden germinar, crecer y causar alteración de productos de frutas. En los productos alterados por ACB pueden detectarse daños sensoriales por la producción de metabolitos indeseables (2- metoxifenol y 2,6- dibromo fenol o guayacol). Métodos utilizados: Los métodos empleados son por filtración por membrana (0.45µm). El primer aislamiento lo realizaron en 1984, Cerney G., Hennlich W., Poralla K., quienes aislaron un bacilo esporoformador que alteraba un jugo de manzana y no crecía en los medios habituales de cultivo. Propusieron la utilización del medio de Darland y Brock. A partir de este descubrimiento han sido numerosos los investigadores que han publicado trabajos acerca de los mejores medios de cultivo. Aproximadamente, a partir de 1992 el medio de cultivo más recomendado es el Agar K. En 2003, se comienza a usar el medio YSG, así como también, el medio BAT adoptado por IFU (International Federation of Fruit Juice Producers). Actualmente, está aceptado y demostrado que en el medio K crecen predominantemente *A. Acidoterrestres* y en cambio en el medio BAT crecen la mayoría de las cepas conocidas de ACB. Resultados: Se analizaron 89 muestras de jugo concentrado de manzana provenientes de diferentes empresas elaboradoras. Comparativamente, se emplearon agar k y agar BAT obteniéndose confirmación de ACB con agar K en el 3 % de muestras mientras que con agar BAT un 10% de muestras resultaron positivas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Miguel Reina Ortiz*

País: Ecuador

Email: miguelr@usfq.edu.ec

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

INMUNIDAD A *ASCARIS LUMBRICOIDES* EN NIÑOS ESCOLARES RURALES DEL ECUADOR.

Reina Miguel*, Ecuador.

RESUMEN: Antecedentes: Estudios previos han mostrado una relación inversa entre helmintiasis y alergia aunque los hallazgos no son consistentes. En exposiciones agudas habría un incremento de eventos alérgicos y una disminución en las crónicas. La explicación estaría en una regulación inmune inducida por la respuesta TH2 modificada que existiría en infecciones crónicas. Este estudio evaluó si en la exposición crónica a *Ascaris lumbricoides* se observa tal respuesta. Métodos: Se capturaron 60 niños de 7 a 12 años en 5 escuelas rurales de Esmeraldas que fueron asignados a tres grupos: sin helmintiasis, infección aguda e infección crónica, esta última definida por la presencia de IgG4 a-*Ascaris*. Se cultivaron monocitos periféricos sanguíneos con mitógeno, PPD o *Ascaris* y en los sobrenadantes de 5 días se midió la expresión de 22 citocinas (IL-1 α , IL-1 β , IP-10, IL-16, GMCSF, RANTES, IL-4, IL-2, IL-12, IL-15, TGF- β , SDF-1 β , MCP-2, MIP-1 α , MIP-1 β , TNF- α , IFN- β , IFN- γ , MIG, IL-5, IL-10 e IL-13). También se determinó el perfil de expresión de mRNA por microarrays en sangre periférica. Resultados: Los niños crónicamente infectados tuvieron mayores niveles de todos los anticuerpos medidos y mayor expresión de IL-5, IL-13 e IL-10 en cultivos con *Ascaris*. El Análisis de Componentes Principales incluyó la expresión de IL-2, IL-12, IFN- γ , TNF- α , IL-5 e IL-10 y produjo tres componentes: TH1, TH2 y mTH2, según qué citocinas los determinaban. Se observó un patrón de mayor respuesta mTH2 (componente mTH2) en estos mismos niños y los resultados de los microarrays fueron concordantes con mayor expresión de genes sugestivos de activación inmunológica contra la infección (SOS1, CCL23, RNASE2, IL32 y BST2) y menor expresión de genes proinflamatorios (IL8, GCA). Conclusión: Estos hallazgos sugieren por primera vez en seres humanos, que la exposición crónica a *Ascaris lumbricoides* estaría asociada a una respuesta TH2 modificada, lo que explicaría la discordante relación entre helmintiasis y alergia

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ivis Josefina Graterol Silva*

País: Venezuela

Email: ivis957@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO EN NEOPLASIA CERVICAL INTRAEPITELIAL Y CAMBIOS DEL ENDOTELIO VASCULAR EN COMPARACIÓN CON LOS OBSERVADOS EN CÁNCER DE CÉRVIX.

Graterol Ivis*, Venezuela.

Correnti María

Finol Héctor

Inojosa Gipsy

Herrera Mercedes

Antúñez Sasha

RESUMEN: La neovascularización está inducida por la persistencia de vasos sanguíneos íntimamente asociados con la invasión, la proliferación y metástasis de tumores sólidos, está relacionado con una variedad de factores de crecimiento producidos por células neoplásicas, células inflamatorias infiltrada en un tejido tumoral, en otras instancias macrófagos y células endoteliales. **Objetivo:** Determinar los tipos de virus presentes en las neoplasias cervical intraepitelial (NIC) y su posible influencia en la angiogénesis en comparación con el cáncer de cérvix. **Métodos:** Se estudiaron 58 muestras de cérvix de pacientes de la consulta de patología de cuello uterino del Estado Aragua, Venezuela, con reportes histopatológicos de infección por virus del papiloma humano (VPH). Para el estudio de ultraestructura se siguió la técnica de corte fino, que comprende la fijación, deshidratación, infiltración e inclusión; la detección y tipificación del virus de papiloma humano se realizó mediante la técnica de PCR (MPCR). **Resultados:** El 37,9% NICI, 36,2% NICII, 15,5% NICIII, 10,3% fue insuficiente, VPH16 fue encontrado en lesiones NICII y III. A nivel ultraestructural, se observó en muestras NICI, duplicación de la membrana basal de un vaso sanguíneo. Esta muestra reportó infección de VPH6. En las muestras NICII con VPH16, se observaron abundantes mastocitos. En una muestra NICIII con VPH16 se evidenciaron mastocitos invaginados hacia la luz capilar y en el endotelio vascular. En las muestras de cáncer invasivo de cérvix con infección de VPH11 de bajo riesgo oncogénico, se apreciaron prolongaciones del citoplasma endotelial hacia la luz de un capilar y engrosamiento del citoplasma endotelial. **Conclusiones:** Los cambios en el tejido.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Guadalupe Córdova*

País: México

Email: mixtlipp@yahoo.com.mx

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

IDENTIFICACIÓN DEL GEN *GLMM* Y UREA EN CEPAS DE *HELICOBACTER PYLORI* AISLADAS DE PACIENTES PEDIÁTRICOS.

Córdova Guadalupe, González Rosa, Morales Iyari, Escamilla Alejandro, Flores Saúl, Instituto Nacional de PerinatologíaGiono Silvia

RESUMEN: *Helicobacter pylori* es un bacilo Gram negativo, curvo, espirilado, microaerofílico. En niños es causa de gastritis crónica y dolor recurrente, puede cursar asintomático, en adultos se asocia con úlcera duodenal, adenocarcinoma, cáncer gástrico y es factor predisponente de úlcera péptica, dispepsia y linfoma tipo MALT. *H. pylori* produce la enzima ureasa que hidroliza la urea produciendo amoníaco y CO₂, neutraliza el pH ácido del estómago y coloniza. El gen *glmM* es constitutivo y predecesor de fosfoglucosamina mutasa, participa en síntesis de pared celular. **Objetivo:** Identificar el gen *glmM* y *ureA* en cepas de *H. pylori* aisladas de pacientes pediátricos por PCR. **Materiales y Métodos:** Se empleó *H. pylori* ATCC 43504 para estandarizar la PCR y se aplicó en 101 cepas clínicas aisladas de biopsias de pacientes pediátricos. Se empleó el iniciador GLM MR1: 5' GCATTCACAACTTATCCCAATC 3' diseñado en el laboratorio, además de los de bibliografía. **Resultados:** Se estandarizaron las condiciones para la amplificación de ambos genes por PCR en la cepa de referencia. En las 101 cepas amplificó el gen *glmM*, con el gen *ureA* amplificaron 95 cepas. La validación del iniciador diseñado fue por secuenciación y alineamiento en la base de datos de la NCBI. **Conclusiones:** El iniciador diseñado GLM MR1 sirvió bien para detectar el gen *glmM* de *H. pylori* y se recomienda para su uso como método de genotipificación ya que no se obtuvieron bandas espurias ni otro tipo de interferencias, así como, en bacterias no relacionadas con *H. pylori*.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Carlos Redondo*

País: Venezuela

Email: cfrm1979@yahoo.es

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE CEPAS DE *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* AISLADAS DE LA UCI

Redondo Carlos*, Venezuela.

RESUMEN: Introducción: Las infecciones nosocomiales (IN) son un problema de Salud Pública de carácter mundial. La epidemiología molecular (EM) se presenta como una herramienta para vigilar y controlar las IN. La EM tiene como objetivo principal establecer la relación clonal entre cepas bacterianas, dicha información permite detectar las cepas asociadas a un brote, endémicas o aislados esporádicos. En el Hospital Universitario de Caracas (HUC) se ha reportado que la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) es el servicio que presenta mayor incidencia de IN, indicándose a *P. aeruginosa* como el principal agente causal. Objetivo: Evaluar la relación clonal entre las cepas de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes internados en la UCI del HUC del 3/10/2006 al 2/11/2006. Materiales y Métodos: Se recolectaron y analizaron 18 cepas de *P. aeruginosa* aislados de 8 pacientes. Todas las cepas fueron aisladas de muestras de secreción traqueal. La identificación de las cepas de *P. aeruginosa* se realizó mediante ensayos bioquímicos convencionales. La genotipificación se realizó mediante ERIC-PCR y REP-PCR. Resultado: Al genotipificar con REP-PCR y ERIC-PCR, en 5 pacientes se detectó la presencia de cepas con estrecha relación clonal. Discusión y conclusión: Este estudio evidencia la infección de 5 pacientes por una misma cepa de *P. aeruginosa*. Este resultado puede ser reflejo de insuficientes medidas de barreras entre los pacientes y puede indicar que las vías por medio de las cuales estos pacientes se pudieron infectar fueron el personal de salud y los instrumentos o equipos biomédicos de uso común, principalmente los asociados a las vías respiratorias. En conclusión, se detectó un brote por *P. aeruginosa* en la UCI.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Adriana Chalbaud*

País: Venezuela

Email: abduliacht@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: oral

RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN GÉNEROS BACTERIANOS DE IMPORTANCIA CLÍNICA AISLADOS DE LA UTI

Chalbaud Adriana*, Venezuela.

RESUMEN: Introducción: *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, y *Stenotrophomonas maltophilia* han sido reportados como los principales responsables de Infecciones Nosocomiales (IN), y al encontrarse en ambientes hospitalarios representan un factor de riesgo, especialmente para los pacientes de la Unidad de Terapia Intensiva (UTI). En Venezuela, los estudios se han enfocado en la caracterización de los determinantes de resistencia a antibióticos presentes en los microorganismos aislados de pacientes, más no el ambiente hospitalario. Objetivo: Identificar los microorganismos de los principales géneros bacterianos causantes de IN en el ambiente y pacientes de la UTI del Hospital Universitario de Caracas (HUC) por un año, y analizar sus perfiles de resistencia a antibióticos. Métodos: Se recolectaron muestras de superficies inanimadas, manos del personal, etc., entre abril 2007 y marzo 2008. La identificación bacteriana se realizó por galerías de identificación. Los perfiles de resistencia a los antibióticos se analizaron por el método de difusión en disco. Resultados: En más del 60% de las muestras de pacientes fueron identificadas cepas de los tres géneros, 26 cepas de *P. aeruginosa*, 16 de *A. baumannii* y 7 *S. maltophilia*, el 75% de las cepas fueron resistentes a más de 6 antibióticos. De los 1072 aislados ambientales, fueron identificados 42 *A. baumannii*, 5 *P. aeruginosa* y 6 *S. maltophilia*. Al analizar los perfiles de resistencia a antibióticos, 12 cepas de *A. baumannii* mostraron ser resistentes a los 14 antibióticos estudiados, 1 aislado resultó sensible a todos estos. El 40% de las cepas de *A. baumannii* y *P. aeruginosa*, mostraron resistencia a más de 6 antibióticos. Los aislados de *S. maltophilia* fueron sensibles a SXT y LEV. Conclusiones: La alta distribución de los principales géneros bacterianos asociados a IN, multirresistentes a antibióticos, en la UTI del HUC, resulta alarmante ya que estos genes de resistencia podrían estar circulando en el ambiente de la UTI.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Luzmila Sofía Albarado Ysasis*

País: Venezuela

Email: luzalv@hotmail.com

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

ACTIVIDAD ANTAGÓNICA Y ANTIBIÓTICA DE *PSEUDOMONAS SPP.* DE SUELOS AGRÍCOLAS DEL ESTADO SUCRE-VENEZUELA

Albarado Luzmila*, Venezuela.

RESUMEN: Souza et al. (2003) publicaron que *Pseudomonas spp.* es un habitante común de suelo e importante agente de biocontrol. Para evaluar la actividad antagónica y antibiótica de *Pseudomonas spp.* de suelos bajo cultivos agrícolas del estado Sucre, Venezuela, a las muestras se les determinó pH, humedad, clase textural y conductividad eléctrica. Se usó el método de diluciones seriadas para el recuento de bacterias aerobias totales. La actividad antagónica se realizó por la técnica de doble capa usando las cepas indicadoras *S. aureus* CVCM 636 y CVCM 925, *E. coli* CVCM 178, *B. subtilis* CVCM 591 y *P. aeruginosa* CVCM 787. Se realizó el método de difusión en disco, y sinergismo de doble disco para betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Los suelos fueron arcillosos y arenarcillosos, alcalinos, con conductividad eléctrica menores a 3 dS.m⁻¹ y humedad entre 0,67 y 1,78%. Los suelos bajo cultivo de lechosa y limón² mostraron contajes de bacterias aerobias totales de 6,8x10¹⁰ y 8x10¹⁰ UFC.g⁻¹. Se obtuvieron 22 (40%) aislados de *P. aeruginosa*, 20 (36%) de *P. mendocina* y 13 (24%) de *P. putida*. El análisis de múltiples variables indicó que no hubo correlación estadísticamente significativa (p>0,05) entre tipo de suelo y frecuencia de especies. Sólo 13 (24%) cepas produjeron sustancias antagónicas, una con efecto antagónico contra todas las cepas indicadoras. *P. aeruginosa* 1, 2 produjo el mayor efecto inhibitorio contra *P. aeruginosa* CVCM 787. *P. mendocina* 1,4 inhibió *P. aeruginosa* CVCM 787 y *B. subtilis* CVCM 591. De 13 cepas de *Pseudomonas spp.*, 11 inhibieron a *B. subtilis* CVCM 591. Todas las cepas fueron resistentes a trimetoprim-sulfametoxazol, aztreonam, ceftriaxona, cefoxitina y cefotaxima, no hubo resultados positivos a BLEE. El estudio de bacterias de suelo desde su propio ecosistema o nicho natural, permitirá a futuro su aplicación biotecnológica para esclarecer incógnitas que descifren mecanismos involucrados en resistencia bacteriana y producción de sustancias antagónicas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Evelin Margarita Flores Fernández*

País: Venezuela

Email: evflores@cantv.net

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

CARACTERÍSTICAS TINTORIALES DE *N. GONORRHOEAE* POR LA TINCIÓN DE FLUORESCENCIA MODIFICADA

Flores Evelin*, Venezuela.

RESUMEN: Flores et al. (2008) evaluaron la coloración diferencial de fluorescencia modificada en frotis de secreciones genitales y perianales y observaron que los diplococos emitían una fluorescencia anaranjada, infiriendo que esta variación en color podría estar relacionada al proceso de transcripción de ARN durante su ciclo celular. Poco se sabe de *N. gonorrhoeae* sobre replicación, recombinación, reparación de sistemas, transcripción, segregación y la forma en que puedan estar interconectados. Se planteó como objetivo evaluar las características tintoriales de *N. gonorrhoeae*, a partir de colonias de cultivos primarios, por Gram y la coloración diferencial de fluorescencia modificada, a fin de aportar nueva información sobre su ciclo celular. Se colorearon con Gram y fluorescencia modificada, extendidos de colonias de cultivos primarios de *N. gonorrhoeae*, de muestras uretrales y perianales de hombres. Por Gram se observó, que las colonias con diámetro de 1 mm, mostraron diplococos Gram negativos, cocos en pares Gram positivos y cocos en pares donde una célula era Gram negativa y otra Gram positiva. Por fluorescencia se visualizó que las colonias contenían monococos y diplococos en tonalidades de tinción verde, amarillo, anaranjado e intensidad de fluorescencia variable. En las de 0,1 mm predominaron diplococos verdes no fluorescentes, en las de 0,5 mm, fueron los diplococos verdes fluorescentes; también, en cantidad de escasa a moderada, se visualizaron diplococos anaranjados fluorescentes, amarillos fluorescentes y con ligera fluorescencia. En las colonias de 1 mm, predominaron diplococos verdes no fluorescentes, amarillos ligeramente fluorescentes y cocos en pares, donde una de sus células expresaba tinción verde no fluorescente y la otra, amarillo no fluorescente. Se sugiere que las variaciones de color e intensidad de fluorescencia en los diplococos, probablemente, están asociadas a la transcripción de ARN y representan las distintas fases del ciclo celular bacteriano.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Cristina del Rosario Gutiérrez García*

País: Venezuela

Email: crisricharo@yahoo.com, crisgutier@cantv.net

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

MUTACIONES DE RESISTENCIA A ANTIRRETROVIRALES EN PACIENTES CON EL VIRUS DE INMUNODEFICIENCIA HUMANA (VIH+), REFERIDOS AL INSTITUTO NACIONAL DE HIGIENE “RAFAEL RANGEL” (INHRR) EN VENEZUELA.

Gutiérrez Cristina del Rosario, Molina M., Carballo M., Rosales A. Hernández M., Roldán , Deibis L.,

Comegna M., MPPS., Caracas, Venezuela.

RESUMEN: La resistencia primaria a antirretrovirales (RP-ARV) se refiere a la pérdida de susceptibilidad a los ARV ocasionada por transmisión de virus resistentes en la infección aguda por VIH en pacientes sin tratamiento. En contraste, la resistencia secundaria a ARV (RS-ARV) ocurre en individuos bajo terapia ARV con inhibidores nucleosídicos de la transcriptasa reversa (INTR), no nucleosídicos (INNTR) y/o inhibidores de proteasa (IP). Objetivo: Evaluar la frecuencia de mutaciones asociadas a resistencia primaria y secundaria en pacientes VIH+. Métodos: Se analizaron por secuenciación las regiones génicas: TR y P virales en 284 plasmas de pacientes con VIH, comprendidos en: 254 pacientes bajo terapia ARV y 30 pacientes sin terapia ARV con cargas virales >1000 copias/ml, referidos al INHRR en el período: junio 2005-diciembre 2007. Resultados: El 82% (206/254) de los aislados presentaron mutaciones de RS-ARV, de los cuales el 95,6% (197/206) mostraron mutaciones de resistencia asociadas a INTR, el 66,5% asociados a INNTR y el 70% a IP. El 6,7% (2/30) de los aislados mostraron mutaciones de RP-ARV a INTR y polimorfismos en la región P en el 93% (28/30) de los casos. Conclusión: Se encontró un elevado nivel de RS-ARV, predominando las mutaciones asociadas a INTR. En contraste, se obtuvo un bajo nivel de RP-ARV asociada a INTR y una elevada frecuencia de polimorfismos aislados en la región P, no observándose mutaciones de resistencia primaria asociadas a IP.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Consuelo Vanegas*

País: Colombia

Email: mvanegas@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

CUANTIFICACIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LA MICROBIOTA EN YOGURES CON PROBIÓTICOS EN COLOMBIA

Vanegas María C.*, Colombia.

RESUMEN: La importancia que en la actualidad tienen los productos con probióticos a nivel mundial como productos alimenticios que además de un valor nutritivo intrínseco, ayudan a mantener el estado de salud general del organismo, ha llevado a realizar nuevas investigaciones que ayuden a ampliar el conocimiento y que permitan un desarrollo más eficiente de los microorganismos que comprenden este tipo de productos. Sin embargo, el desarrollo de los productos con probióticos en Colombia es insipiente, por lo que, se requiere establecer registro confiable de los límites de recuperación de microorganismos en este tipo de productos distribuidos en el territorio nacional. Para este estudio se evaluaron 7 marcas comerciales de 11 yogures con probióticos distribuidas en Bogotá D.C., efectuando tres réplicas por producto. La recuperación y aislamiento de las bacterias se realizó en medio de cultivo Rogosa; evaluando recuperación en diferentes condiciones de O₂; posteriormente, se llevó a cabo una identificación con pruebas bioquímicas y confirmación con PCR. Los recuentos más altos en carga microbiana, tanto para yogures con probióticos como sin probióticos estuvieron en condiciones de anaerobiosis, debido a las características metabólicas de las bacterias propias del yogurt y cepas complementarias (*Lactobacillus*, *Streptococcus* y *Bifidobacterium*); además se observó que la carga microbiana de yogures con probióticos es de $2,4 \times 10^9$, diferencia significativa comparada con $9,8 \times 10^6$ de los productos sin probióticos. Estableciendo así, que los yogures con probióticos tienen mayor carga microbiana que los yogures sin probióticos; de igual modo, se estableció que no hay diferencias significativas en la carga microbiana de las 8 marcas de yogures evaluados; en condiciones de anaerobiosis el recuento microbiano de BAL es mayor, por lo que es recomendable el recuento en esta condición.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Consuelo Vanegas López*

País: Colombia

Email: mvanegas@uniandes.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

LACTOBACILLUS SP Y BIFIDOBACTERIUM SP DE LECHE MATERNA Y HECES DE NEONATOS

Vanegas López María C.*, Colombia.

RESUMEN: La necesidad de suplir la demanda industrial en alimentos funcionales y el uso de bioconservantes en alimentos, ha generado el interés de aislar cepas de origen humano. Para tal fin, con frecuencia se reportan cepas de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp* que previenen enfermedades, estimulan la respuesta inmune, producen sustancias inhibitorias etc. Estos microorganismos se pueden encontrar en el intestino de personas sanas, principalmente neonatos, y en los últimos años se han aislado de leche materna. El objetivo de este estudio fue aislar e identificar mediante microbiología clásica y PCR 16S cepas de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp* provenientes de leche materna y heces de neonatos. Las muestras fueron colectadas de diez madres voluntarias y sus respectivos hijos lactantes. Las muestras fueron procesadas en agar MRS, a 30°C por 72 horas. Se seleccionaron las cepas que presentaron morfología típica, catalasa y oxidasa negativas. Se estandarizó la PCR 16S con el protocolo reportado por Dubernet para la identificación de *Lactobacillus sp* y con el reportado por Kok para la identificación de *Bifidobacterium sp*. Las cepas controles fueron *Lactobacillus plantarum*, donada por el Instituto Ziel Alemania y *Bifidobacterium breve* ATCC 15700. Se identificaron 40 cepas de *Lactobacillus sp* y 17 cepas de *Bifidobacterium sp*. En todos los casos, las muestras de leche materna contenían menor cantidad de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp* que las muestras de neonatos analizadas. Sin embargo, a pesar de su escasa cantidad, en las muestras de leche materna se recuperaron mayor número de morfologías distintas. Este estudio demuestra la presencia de *Lactobacillus sp* y *Bifidobacterium sp*, tanto en leche materna como en heces de neonatos. Se recomienda caracterizar sus potenciales usos en bioconservación y como probióticos, así como, determinar mediante genotipificación molecular relaciones directas de cepas provenientes de leche materna y heces de sus correspondientes neonatos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Catalina Gómez Puerto*

País: Colombia

Email: catali-1@uniandes.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

BIOPROSPECCIÓN DE BACTERIÓFAGOS ACTIVOS CONTRA *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*.

Gómez María Catalina*, Colombia.

González C.

Vives A.

Florez M.

Echeverri-Erk

RESUMEN: Las bacterias patógenas oportunistas causantes de infecciones nosocomiales se han convertido en un problema de salud pública a nivel mundial debido a la emergencia de cepas resistentes a múltiples medicamentos (MDR), contribuyendo a los niveles de morbilidad y mortalidad en la población. El uso indiscriminado de los antibióticos junto con la presión selectiva que causan y los diferentes mecanismos de transferencia horizontal han acelerado el surgimiento de cepas MDR, creando preocupación creciente en la comunidad médica. Se han realizado estudios alrededor del mundo con el fin de certificar alternativas a la antibioticoterapia; una de las modalidades prometedoras de tratamiento antibacteriano es la fagoterapia. Dicha alternativa que reporta alta efectividad, utiliza bacteriófagos de ciclo de vida lítico o lisogénico para combatir infecciones bacterianas. La especificidad de hospedero de los fagos es una característica importante a la hora de realizar fagoterapia, ya que estos son altamente específicos atacando sólo una especie bacteriana o, en casos extremos, una sola cepa. El objetivo del presente estudio fue aislar bacteriófagos activos contra cepas de *Pseudomonas aeruginosa* MDR provenientes del Hospital Federico Lleras Acosta de Ibagué (Colombia), y proponer un modelo determinista y estocástico que describa la interacción fago-bacteria. Los fagos fueron aislados a partir de materia fecal equina mediante una metodología estandarizada para el estudio, y fueron caracterizados por microscopía electrónica. La actividad del fago fue evaluada por medio del seguimiento del crecimiento de cada bacteria con y sin el fago; todos los ensayos fueron realizados por triplicado. Se evaluaron cinco ecuaciones diferenciales como posibles modelos de la interacción. Este es el primer trabajo en Colombia con bacteriófagos y los resultados confirman la diversidad de microorganismos nativos abriendo perspectivas para su aprovechamiento.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Roman Jiménez-Vera*

País: México

Email: roman.jimenez@damr.ujat.mx

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Oral

BIOMASA FECAL PARA ESTUDIOS IN VITRO DEL ECOSISTEMA INTESTINAL

Jiménez Roman*, México.

Resumen: En estudios in vitro se recomienda emplear heces fecales provenientes de individuos sanos, sin historial clínico de problemas digestivos y sin haber consumido antibióticos durante tres meses anteriores a la donación de la muestra, sin embargo, es difícil encontrar donantes con estas características. Además, la flora fecal puede ser alterada durante su manipulación y almacenamiento. Debido a la variedad de factores que pueden afectar las heces fecales, surgió la necesidad de desarrollar un ecosistema bacteriano similar al de la microflora fecal con menores variaciones debidas a los donantes, sin problemas de manipulación y sin interferencias por sustancias desconocidas. El objetivo fue evaluar el crecimiento y producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC) de una comunidad bacteriana fecal en caldos comerciales, así como su estabilidad a la congelación. Se evaluó caldo soya tripticasa (TSB), infusión de cerebro corazón (BHI) y caldo tioglicolato (TB). Se utilizó un diseño completamente al azar y la prueba de Tukey para la comparación de medias de tratamientos. Los caldos fueron inoculados con solución fecal (SF) e incubados a 37°C durante 24 h, sin agitación. En TSB y BHI se obtuvo crecimiento de todos los grupos bacterianos. Sin embargo, en TB la concentración de enterobacterias y coliformes disminuyó hasta niveles no detectables. La concentración de bifidobacterias ($\log 4.15 \pm 0.21$ ufc/ml), bacteroides ($\log 5.10 \pm 0.20$ ufc/ml) y lactobacilos ($\log 5.30 \pm 0.00$ ufc/ml) en solución fecal fue menor que en los medios de cultivo. No se encontró diferencia significativa en la concentración de AGCC en TSB, BHI y SF, excepto en ácido butírico, donde la concentración en BHI fue no detectable. El cultivo en TSB y BHI permitió obtener un ecosistema bacteriano con una concentración similar a la fecal, con características constantes, menos problemas de manipulación, transporte y almacenamiento.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Armando Guevara*

País: Venezuela

Email: agvillefort@yahoo.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

***PSEUDOMONAS AERUGINOSA* PRODUCTORAS DE METALO β -LACTAMASAS DE TIPO VIM EN UN HOSPITAL DEL SUR ORIENTE DE VENEZUELA.**

Guevara Armando, Oliveros María, De Waard J

RESUMEN: Antecedentes: Uno de los principales mecanismos que está implicado en la resistencia a los β -lactámicos de amplio espectro es la producción de metalo β -lactamasas (MBL). Estas enzimas, que tienen la capacidad de hidrolizar a todas las penicilinas, cefalosporinas y carbapenemos, presentes en algunas especies de bacilos gramnegativos ambientales, recientemente han emergido como determinantes de resistencia de importancia clínica. Materiales y métodos: Se analizaron 24 cepas de *P. aeruginosa* resistentes a los carbapenemos aisladas de pacientes recluidos en el Hospital “Ruiz y Páez” en Ciudad Bolívar, Estado Bolívar, en el sur oriente de Venezuela, durante el periodo 2003 al 2007. A todas las cepas se les determinó la susceptibilidad antimicrobiana por el método de difusión con discos, se les realizó la detección fenotípica de las (MBL) mediante la técnica del doble disco, utilizando discos de imipenem (10 μ g), meropenem (10 μ g) y ácido etilendiaminotetraacético-mercaptoacético de sodio (EDTA-SMA) (0,5M-300mg/ml), y se les determinó la presencia de los genes que codifican para las (MBL) de las familias IMP, VIM y SPM. Resultados Las cepas fueron recuperadas en su mayoría de muestras de secreción intraabdominal (16,67%), herida quirúrgica (16,67%), secreción ótica (12,5%) y sangre (12,5%). La mayoría de las cepas fueron resistentes a los β -lactámicos, sensibles al aztreonam y con resistencia asociada a los aminoglucósidos (gentamicina y amikacina) y al ciprofloxacino. En 23 cepas (95,8%) se demostró la producción de metalo β -lactamasas mediante el método fenotípico. La cepa negativa para esta prueba presentó resistencia sólo a la cefoperazona y a los carbapenemos. En todas las cepas positivas por el método fenotípico, se logró la detección de genes que codifican para metalo β -lactamasas de la familia VIM. Conclusión En el Complejo Hospitalario “Ruiz y Páez” en Ciudad Bolívar, circulan cepas de *P. aeruginosa* productoras de metalo β -lactamasas de tipo VIM. Por consiguiente, es necesario mantener a este microorganismo bajo vigilancia epidemiológica e implementar nuevas políticas que aseguren el uso adecuado de los antibióticos en esta institución.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ángel Antonio Entrena García*

País: Cuba

Email: inmunoparasitologia@cenpalab.inf.cu

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

GUÍA METODOLÓGICA PARA LA APLICACIÓN DE UN SISTEMA DE GESTION DE INOCUIDAD DE LOS ALIMENTOS, SEGÚN ISO 22000/2005

Entrena García Ángel, Carballo Velázquez Nelson.,Cabezas Rodríguez Leonardo,Llanes Mederos Haydee

RESUMEN: El requisito de la seguridad de los alimentos es fundamental para todas las organizaciones que producen, elaboran, manipulan o suministran alimentos. Asimismo, todas estas organizaciones reconocen la creciente necesidad de demostrar y ofrecer evidencias de su capacidad para identificar y controlar los peligros para la seguridad de los alimentos. La seguridad de los alimentos está relacionada con la presencia en los mismos de peligros de diversos orígenes, por consiguiente, es una responsabilidad conjunta de todas las partes que participan en la cadena alimentaria. Con este trabajo proponemos la presentación de una guía, que refiere definiciones y terminologías, así como orientaciones, recomendaciones y metodologías basadas en nuestras experiencias que pueden facilitar la implementación de esta norma a organizaciones de todo tipo en el contexto de la cadena alimentaria, desde los productores primarios hasta los fabricantes de alimentos, operadores de transportes, almacenamiento y subcontratistas de puntos minoristas y de servicios de alimentación, además de otras organizaciones interrelacionadas.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ángel Antonio Entrena García*

País: Cuba

Email: inmunoparasitologia@cenpalab.inf.cu

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

EVALUACIÓN POR 10 AÑOS DE UN MÉTODO DE CRIOPRESERVACIÓN DE LA CEPA RH DE *TOXOPLASMA GONDII*. PROPUESTA DE DOCUMENTACIÓN PARA EL CUMPLIMIENTO DE LAS MEJORES PRÁCTICAS DE LABORATORIO Y LA BIOSEGURIDAD

Entrena García Ángel, Negrín Natasha, Chi Ramírez Lourdes, Rodríguez Matheu Irelio, Cox Reymundo, Casanova Pedro, Ginorio Dora,

RESUMEN: La criopreservación es una técnica que se ha empleado en ocasiones para la conservación de parásitos, fundamentalmente de protozoos, sin embargo, se reconoce internacionalmente que mediante estos métodos se alcanzan muy bajos índices de supervivencia, por lo que, los resultados no siempre son satisfactorios. Mediante este trabajo damos a conocer la metodología empleada en la evaluación de dos métodos de conservación mediante congelación en nitrógeno líquido en dos pasos y a temperaturas de -80°C de la cepa RH de *Toxoplasma gondii* en Buffer Fosfato Salino pH $7,2 \pm 0,2$ y glicerol al 5 %, los resultados obtenidos demuestran que para *Toxoplasma gondii* el método de criopreservación en nitrógeno líquido resultó superior a la congelación a -80°C , permitiendo estabilidad y un 100 % de prendimiento a los 10 años de crío preservada, igualmente se pone a consideración un sistema de expedientes de trabajo y registros para el control de los bancos primarios, de expansión y de trabajo encaminados a la protección de la integridad de la cepa, el cumplimiento de las mejores prácticas de laboratorio y la bioseguridad.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ángel Antonio Entrena García*

País: Cuba

Email: inmunoparasitologia@cenpalab.inf.cu

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO DE UN ELISA INDIRECTO PARA *TOXOPLASMA* EN PRIMATES USANDO CONJUGADO DE PROTEÍNA A PARA SU USO EN HUMANOS

Entrena G. Ángel, González M. Alfredo, Cox I. Reymundo, Tabares B. Tania, Rodríguez Jesús, Álvarez Elba.

RESUMEN: *Toxoplasma gondii* protozoo pertenece a la lista de las zoonosis de obligatorio vigilancia en la cría y uso de animales de laboratorio, estas permiten obtener animales con calidad higiénico sanitaria superior para uso en las investigaciones biomédicas, así como una barrera de protección para el personal que trabaja directamente con ellos. Para el cumplimiento de estas regulaciones el CENPALAB se dio a la tarea de estandarizar diferentes sistemas diagnósticos para estos microorganismos, nuestro laboratorio como parte integrante del centro desarrolla como línea de trabajo la obtención de sistemas inmunoenzimáticos (ELISA) para el diagnóstico de diferentes agentes parasitarios, entre los cuales se incluye *Toxoplasma gondii*. Con este trabajo damos a conocer la metodología empleada en la producción del antígeno citoplasmático a partir de la cepa RH de *T.gondii* y los sueros controles entre otros, así como el estudio de estabilidad y validación usando el método de tablas de contingencia 2x2. Los estudios de validación se realizaron en los laboratorios del Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri (IPK. Centro de referencia nacional), mediante la inmunofluorescencia Indirecta (IFA, técnica de referencia), empleando un panel de 240 muestras de primates de ellas 100 positivas con títulos entre 1/16 a 1/1024 y 140 muestras negativas entre las que se incluyen animales parasitados con protozoos intestinales (*Giardia* y *Entamoeba*), alcanzando resultados de 100 % de Sensibilidad, 98.9% de Especificidad, Valores predictivos positivos de 98.2%, Valores predictivos negativos 100%, Eficiencia 99.3% y Reproducibilidad de 99.5%, por otra parte como se expone en el trabajo nuestro sistema fue capaz de detectar seroconversión en tres animales, resultados confirmados por IFA.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ángel Antonio Entrena García*

País: Cuba

Email: inmunoparasitologia@cenpalab.inf.cu

Categoría: Veterinaria

Tipo de presentación: Oral

IMPLEMENTACIÓN DE UN ELISA COMPETITIVO PARA EL DIAGNOSTICO DE *TOXOPLASMA GONDII* EN SUROS HUMANOS Y DE ANIMALES. RESULTADOS PRELIMINARES.

Entrena Ángel*, Centro Nacional para la Producción de Animales de Laboratorio, CENPALAB, Cuba.

Negrín Natasha, Centro Nacional para la Producción de Animales de Laboratorio, CENPALAB, Cuba.

Burón Miriam, Centro Nacional para la Producción de Animales de Laboratorio, CENPALAB, Cuba.

Cox Reymundo, Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri (IPK), Cuba.

Rodríguez Jesús, Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri (IPK), Cuba.

Silva Elba, Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria, Laboratorios de la Defensa Civil, Cuba.

RESUMEN: Para el diagnóstico de *Toxoplasma gondii* se emplean diferentes medios diagnósticos, generalmente los más confiables e internacionalmente recomendados por sus ventajas como la Inmunofluorescencia Indirecta y el ELISA en sus diferentes variantes, dependen de conjugados específicos para cada especie, por lo tanto, poder contar con un sistema inmunoenzimático, que permita el diagnóstico simultáneo de grandes cantidades de sueros sanguíneos de cualquier especie animal e incluso de humanos, sería una herramienta de incalculable valor tanto para estudios epizootiológicos como epidemiológicos, simplificando el trabajo a nivel de laboratorio. Mediante este trabajo damos a conocer la metodología empleada en la estandarización y validación mediante el uso de la Inmunofluorescencia Indirecta como técnica de referencia (desarrollada en los laboratorios del Instituto de Medicina Tropical de esta capital, más conocido por sus siglas IPK), de nuestro sistema de inmunodiagnóstico competitivo (ELISA competitivo), el cual demostró en un estudio de más 3000 muestras de diferentes especies animales (Conejo, ratones, perros y ovinos) y humanas, ser capaz de detectar anticuerpos tanto de isotipo IgG como IgM, con una alta repetibilidad, reproducibilidad, especificidad, sensibilidad y valores predictivos positivos y negativos.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Andrea Carolina Aguirre Rodríguez*

País: Colombia

Email: aaguirr@javeriana.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

PRODUCCIÓN DE PROBIÓTICOS

Aguirre Andrea Carolina*, Colombia.

Resumen: En el presente estudio se evaluó “in vitro” la capacidad probiótica de una cepa nativa de *Saccharomyces cerevisiae* (A) y se comparó con una cepa comercial (B) utilizada como probiótico. Para esto, se determinó la concentración de melaza de caña (10, 20 y 30% (p/v)) que permitiera obtener la mayor cantidad de biomasa de las cepas, así mismo, se determinaron parámetros cinéticos. La concentración que arrojó mejores resultados fue 20% (p/v) y se encontró diferencia en la producción de biomasa para la cepa en estudio A (28g/l) y la cepa control B (3g/l) en medio melaza. Se realizaron pruebas “in vitro” como resistencia a sales biliares, tolerancia a rangos de pH y jugos gástricos, donde no se observaron diferencias entre la cepa A y B al medir el crecimiento. La reducción del colesterol en presencia de sales biliares después de 12 horas de incubación fue de 54% para la cepa A y 58% para la B. Por último, se hizo una prueba en células Caco-2, encontrando adherencia a estas por parte de las dos cepas. De acuerdo con los resultados anteriores, la cepa A tiene los requisitos mínimos para ser empleada como probiótico.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Dariela Flores*

País: Perú

Email: darielaflores@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

COMPARACIÓN DE LOS FACTORES DE VIRULENCIA EN *ENTEROCOCCUS SPP* AISLADOS DE DIVERSOS NICHOS ECOLÓGICOS DEL CUSCO.

Flores Dariela, Espinoza Helder, López Laura, Padilla Nelson, Gahona Joselyne, Silva Juan, Departamento de Tecnología Médica, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

RESUMEN: En los últimos años, *Enterococcus* se ha ubicado entre los principales agentes etiológicos de bacteremias, infecciones urinarias, endocarditis y otras infecciones nosocomiales, debido a la existencia de factores de virulencia de las cepas implicadas y a la progresiva propagación de clones multirresistentes a los antibióticos. En Perú, existe escasa información acerca de los factores de virulencia en cepas de *Enterococcus*. El objetivo de este estudio fue comparar las actividades de algunos factores de virulencia en cepas de *Enterococcus* aisladas en Cusco, los fenotipos bioquímicos (PhP-tipos) y su resistencia a diversos antimicrobianos. Un total de 96 cepas de *Enterococcus spp* fueron aisladas de humanos, animales, aguas, alimentos, vegetales y suelos. La actividad de proteasa fue ensayada en agar tripticasa con 1,5 % de leche descremada, hemolisina en agar tripticasa con 5 % de sangre de cordero, ADNasa en agar ADNasa y bacteriocinas por medio de un set de 19 cepas indicadoras. La resistencia a los antibióticos fue determinada por técnica de dilución seriada en placa (CLSI) y la tipificación fenotípica por el sistema Phene-Plate. Las especies más frecuentes aisladas fueron *E. faecalis* (40%), *E. cecorum* (21%) y *E. faecium* (14%). La presencia de bacteriocinas (50%), seguidas de la actividad hemolisina (38%), la producción de proteasa (32%) y en menor proporción ADNasa (24%) fueron detectadas en las cepas de *Enterococcus*. Bacteriocinas, hemolisinas y proteasas, las 3 juntas, fueron encontradas solamente en cepas humanas de *E. faecalis*. La mayoría de las cepas fueron susceptibles a vancomicina y ampicilina y con niveles moderados de resistencia a otros antimicrobianos. Los PhP-tipos 3 y 6 fueron predominantes, incluyendo 12 y 9 cepas de *Enterococcus* y presentaban factores de virulencia. Se concluye que cepas *Enterococcus* resistentes a los antibióticos, que presentan factores de virulencia y exhiben clones dominantes están presentes en diversos nichos ecológicos del Cusco.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Sandra Fernández Figueiras*

País: Venezuela

Email: sfernandez@inhrr.gov.ve

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

RESISTENCIA ANTIMICROBIANA CONFERIDA POR UN PLÁSMIDO CONJUGATIVO Y UN INTEGRÓN CLASE 1 EN CEPAS DE *VIBRIO CHOLERAE* O1 DE UN BROTE DE CÓLERA EN VENEZUELA

Fernández-Figueiras Sandra*, Alonso Guillermina, De Waard Jacobus,

RESUMEN: Antecedentes del estudio: Aunque la resistencia a múltiples antibióticos en *Vibrio cholerae* no es un hecho inusitado, en Venezuela, durante el tercer brote, ocurrido entre noviembre de 1998 y enero del 2000, se aislaron las primeras cepas de *V. cholerae* O1 con resistencia a ampicilina, trimetoprim y sulfametoxazole. El objetivo del presente estudio fue caracterizar las bases moleculares de dicha resistencia a los antibióticos. Métodos utilizados: Se investigó la capacidad de transferencia de la resistencia a antibióticos en 11 cepas resistentes a ampicilina y trimetoprim-sulfametoxazole, así como, el análisis plasmídico mediante digestión con la nucleasa S1 y la electroforesis en campo pulsante (S1-PFGE). Se determinó mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) la presencia de integrones clase 1 y se obtuvo la secuencia del gen incluido en la región variable de integrón. Resultados: Los determinantes de resistencia fueron transferibles mediante un plásmido conjugativo de aproximadamente 170 kb común en todos los aislados. La resistencia a trimetoprim está codificada por el gen *dfrAXV*, el cual está incluido en un integrón de clase 1 de 750 pb, presente en el plásmido. Conclusión. El hallazgo que la resistencia a los antibióticos utilizados en el tratamiento de las diarreas puede ser transferida es de importancia en salud pública.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Patricia Vigilanza*

País: Venezuela

Email: jacobusdeward@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CARGA DE ENFERMEDAD PNEUMOCÓCCICA EN INFECCIONES RESPIRATORIAS BAJAS EN UN HOSPITAL INFANTIL. CARACAS, VENEZUELA.

Vigilanza Patricia*, Bello Teresita, Del Nogal Berenice, De Waard Jacobus H.

RESUMEN: Antecedentes: Las Infecciones respiratorias agudas (IRA) constituyen una de las principales causas de morbi- y mortalidad en niños menores de 5 años. Estudios realizados indican que las neumonías se asocian con predominio a infección con *Streptococcus pneumoniae* y *Haemophilus influenzae*. Sin embargo, hay poca información sobre agente causal en países en desarrollo. En este estudio determinamos la carga de la enfermedad por *S. pneumoniae* en neumonías en niños atendidos en un hospital infantil en Caracas-Venezuela. Métodos: Evaluación clínica: Se incluyeron 55 niños que cumplieron los criterios de OMS para neumonía con radiología y laboratorio que orientaron a etiología presuntamente bacteriana. Evaluación microbiológica: A todos los niños se les tomaron muestras de sangre para hemocultivos e hisopados nasofaríngeos para el cultivo bacteriano. Resultados: De 23 hisopados nasofaríngeos se aislaron *S. pneumoniae* (41.8%), la mayoría (80 %) de serotipos invasivos incluidos en la vacuna 23 valente. De 22 niños (40%) se aislaron *Moraxella catarrhalis* y de 3 (5.5 %) *Staphylococcus aureus*. Se observó una asociación entre *Streptococcus pneumoniae* y *Moraxella catarrhalis* en 11 casos (20%) y 18 (32%) pacientes tuvieron hisopados nasofaríngeos negativos. De cuatro niños los hemocultivos (7.27%) fueron positivos para *S. pneumoniae* y la serotipificación de estas cepas correspondió a los serotipos aislados en la nasofaringe de estos niños. No se aislaron *H. influenzae*. Conclusiones: Se encontró un alto porcentaje de portadores nasofaríngeos de *S. pneumoniae* con serotipos invasivos en niños, con clínica y estudios de laboratorio compatibles con neumonía bacteriana, y hubo correspondencia de 100% en los serotipos nasofaríngeos y aislados de hemocultivos indicando que posiblemente el 40% de las neumonías en nuestro hospital son causadas por *S. pneumoniae*. Se desconoce el papel de la asociación *S. pneumoniae*- *Moraxella catarrhalis* y estudios serológicos para determinar la importancia de *M. catarrhalis* en neumonías en nuestro medio están actualmente en proceso.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Ismar Rivera Olivero*

País: Venezuela

Email: ismaralejandra@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

PCR MÚLTIPLE REVELA COLONIZACIÓN CON MÚLTIPLES SEROTIPOS DE *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* EN LA POBLACIÓN INFANTIL WARAO EN VENEZUELA

Rivera-Olivero Ismar A.*, Laboratorio de Tuberculosis, Instituto de Biomedicina, Caracas, Venezuela

Blommaart Martijn, Department of Pediatrics, Radboud University Nijmegen Medical Centre, Nijmegen, The Netherlands (Holanda)

Bogaert Debby, Department of Epidemiology, Harvard School of Public Health, Boston, USA.

Hermans Peter W.M., Department of Pediatrics, Radboud University Nijmegen Medical Centre, Nijmegen, The Netherlands (Holanda)

De Waard Jacobus H., Laboratorio de Tuberculosis, Instituto de Biomedicina, Caracas, Venezuela

RESUMEN: Antecedentes del Estudio: La colonización nasofaríngea con *Streptococcus pneumoniae* es el principal factor de riesgo para desarrollar una enfermedad neumocócica invasiva. Los reportes de colonización con más de un serotipo son escasos. Co-colonización se determina tomando al azar colonias individuales y serotificandolas mediante el método estándar de Quellung. Sin embargo, es un método con un alto costo y baja sensibilidad. El conocimiento de la co-colonización está cobrando gran importancia para evaluar el impacto de la vacunación debido a situaciones como el reemplazo de serotipos. En este estudio determinamos co-colonización aplicando una PCR múltiple. Métodos: Se aplicó una PCR múltiple a 50 cultivos primarios provenientes de hisopados nasofaríngeos de niños Warao para identificar los serotipos presentes en la vacuna conjugada 7-valente. Resultados: Se identificó un segundo serotipo en 20% (n=10) de los niños. Estos resultados se confirmaron mediante la serotipificación de varias colonias individuales con el método de Quellung. La PCR múltiple puede detectar la presencia de un segundo serotipo en los cultivos donde dicho serotipo esté presente en menos de un 5% lo que requeriría serotipificar al menos 60 colonias individuales por el método estándar. Conclusión: La PCR múltiple es el método con alta sensibilidad y bajo costo para detectar múltiples serotipos en cultivos nasofaríngeos y podría ser una herramienta muy útil para la vigilancia del estado de portador posterior a la implementación de un programa de vacunación antineumocócica.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Aileen Farreras*

País: Venezuela

Email: jacobusdeward@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

INFECCIÓN CUTÁNEA DISEMINADA POR *MYCOBACTERIUM ABSCESSUS* EN UNA PACIENTE CON LUPUS ERITEMATOSO SISTÉMICO

Farreras Aileen, Pérez Alfonso Ricardo, Sunico Nayrin, Da Mata Omaira, laboratorio de Tuberculosis, Instituto de Biomedicina, Caracas, Venezuela.

De Waard Jacobus, Laboratorio de Tuberculosis, Instituto de Biomedicina, Caracas, Venezuela.

RESUMEN: Antecedentes del estudio: Se trata de paciente femenino de 30 años de edad con lupus eritematoso sistémico (LES) de 15 años de evolución, en tratamiento con metilprednisolona y azatioprina, la cual presenta úlceras vasculíticas recidivantes en piernas. Dos meses previos a la consulta dermatológica presenta nódulo inflamatorio ulcerado con drenaje espontáneo en glúteo derecho y nódulo eritematoso fluctuante doloroso ubicado en la rodilla derecha, sin antecedentes traumáticos o invasivos. Métodos utilizados: Muestras de secreción de los nódulos fueron tomados para investigación de Micobacterias, las cuales fueron sembradas en medio Lowenstein-Jensen a 37°C. El aislamiento fue identificado a través el análisis del polimorfismo del gen *hsp65* (PRA). Resultados: Se evidenció el crecimiento a los 5 días de incubación de bacilos ácido resistentes identificados como *Mycobacterium abscessus*. Dos semanas después de las lesiones iniciales aparecen 2 nódulos eritematosos fluctuantes en la zona inguinal derecha, de donde se aisló nuevamente *M. abscessus*. Conclusión: Los signos y síntomas observados en el paciente sugieren una exacerbación del LES con vasculitis cutánea, sin embargo, el cultivo demostró infección por *M. abscessus*. La aparición de las lesiones a lo largo de la pierna y glúteo derecho podrían sugerir una diseminación hematogena o linfática del microorganismo. Son poco los casos reportados de infección cutánea causado por Micobacterias atípicas en pacientes con LES, siendo mas comunes reportes de infecciones cutáneas por *M. tuberculosis* u otras bacterias. Es por ello, que subrayamos la importancia de realizar el diagnóstico diferencial entre manifestaciones cutáneas del LES e infecciones cutáneas causados por Micobacterias.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: María Carolina Sisco*

País: Venezuela

Email: jacobusdeward@gmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

PRIMER CASO CLÍNICO REPORTADO EN SURAMÉRICA DE INFECCIÓN PULMONAR CON *NOCARDIA CYRIACIGEORGICA*

Sisco Maria Carolina, Da Mata Omaira, Laboratorio, Caracas, Marín Eliud, Centro Médico Anzoátegui, Venezuela.

Mendoza Mireya, Laboratorio de Micología, Instituto de Biomedicina, Caracas, Venezuela.

De Waard Jacobus, Laboratorio de Tuberculosis, Instituto de Biomedicina, Caracas, Venezuela.

RESUMEN: Antecedentes del estudio: El género *Nocardia* puede causar infecciones cutáneas, pulmonares y sistémicas en el hombre, siendo frecuentemente aisladas en pacientes inmunocomprometidos. La dificultad que enfrenta el laboratorio ante este tipo de infecciones es la compleja clasificación taxonómica del género y la necesidad de métodos de identificación que superen a las pruebas bioquímicas convencionales. En este trabajo reportamos el primer aislamiento clínico en Suramérica de la especie *Nocardia cyriacigeorgica*, descrita por primera vez por Yassin y col. en el año 2001. Métodos utilizados: En el cultivo de una secreción bronquial de un paciente inmunocompetente de 77 años con diagnóstico de enfermedad bronco pulmonar obstructiva crónica se observaron bacilos ácido alcohol resistentes de crecimiento rápido no ramificados por lo que se identificó como *Mycobacterium ssp.* Sin embargo, la identificación a través del análisis del polimorfismo especie específico del gen *hsp65* (PRA) demostró un patrón que no correspondió a ninguna especie de micobacteria. Debido a este resultado se realizó la secuenciación del gen 16S *rRNA* y *hsp65*. Resultados: Las secuencias de los genes mostraron 100% de similitud con *Nocardia cyriacigeorgica*. La identificación fue confirmada con pruebas bioquímicas. La cepa fue resistente a la mayoría de los antibióticos probados con excepción de Amikacina y Trimetoprim-sulfametoxazol. Conclusión: Este es el primer reporte de un aislamiento clínico de *N. cyriacigeorgica* en Suramérica. Destacamos la presencia de esta especie como agente causal de infección pulmonar crónica y la importancia de su correcta identificación por cuanto su patrón de sensibilidad difiere de otros géneros que comparten características similares. Subrayamos la importancia de tomar en cuenta las características de esta especie, ya que puede no mostrar ramificaciones, ser ácido resistente y en consecuencia confundirse con micobacterias no tuberculosas

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Eneida López*

País: Venezuela

Email: ismaralejandra@hotmail.com

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Poster

CASOS DE BRUCELOSIS HUMANA EN VENEZUELA. 1997-2007

López Eneida, Moros Rosalba, Rivera-Olivero Ismar A, Cardona Marta, Hernández Roberto, Pérez José Luis

RESUMEN: Antecedentes: La brucelosis es una enfermedad zoonótica causada por bacterias pertenecientes al género *Brucella*, las cuales son transmitidas al hombre por contacto directo con secreciones vaginales, restos de aborto o placentas y/u orina de animales infectados o por contacto indirecto al ingerir sus derivados contaminados. Métodos utilizados: En este trabajo se hace un estudio retrospectivo de los casos de brucelosis diagnosticados en el Instituto Nacional de Higiene "Rafael Rangel" (INHRR) mediante las técnicas serológicas de aglutinación estándar con Fenol y 2-mercaptoetanol y Rosa de Bengala, a través de la revisión de los reportes e historias clínicas de dichos pacientes. Resultados: Entre 1997 y 2007 se recibieron 1634 muestras de suero de pacientes con sospecha de brucelosis y se diagnosticaron 83 casos, que representan un 5.1%. El mayor porcentaje de casos se evidenció en los años 1996, 2003 y 2007 con 9%, 8.7% y 9% respectivamente. El 81% de los casos de brucelosis correspondieron a hombres y el consumo de derivados lácteos no pasteurizados (queso y leche) fue el antecedente epidemiológico común en más del 50% de los casos. Los grupos erarios de 14-35 y 36-60 años fueron los más afectados. Conclusión: La Brucelosis humana constituye un problema de salud pública en Venezuela que evidencia un subregistro y el aumento de la positividad podría estar relacionado con diferentes factores, como el detrimento de condiciones de higiene en alimentos, mayor circulación de lácteos sin pasteurizar y/o al incremento en la pesquisa diagnóstica.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: M. Mantilla Cárdenas*

País: Colombia

Email: mmmartin@javeriana.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

Produccion de acido indol acético AIA por un bioinoculante y efecto en cultivo de crisantemo (*Chrysanthemum morifolium* var. yoko ono) en periodo de enraizamiento

M. Mantilla-Cárdenas*

M. Martínez-Salgado,

Rodríguez M.

B. Quevedo Hidalgo, J

Montaña- Lara, M. López, V.

RESUMEN: A partir de un inoculante mixto de uso como activador biológico de suelos se aislaron e identificaron *Burkholderia cepacia*, *Aeromonas hydrophyla*, *Lactobacillus paracasei* y *Cryptococcus laurentii*, sobre las cuales se verificó la producción de ácido indol acético (AIA), por medio de la reacción colorimétrica de Salkowski. La bacteria fósforo solubilizadora (BFS) *Burkholderia cepacia* produjo la mayor concentración de AIA al cuarto día de incubación (14.823 µg/ml) frente a 18.332 µg/ml de *Azotobacter vinelandii* ATCC 12518 usado como control positivo y 0.384 µg/ml de *Salmonella enteritidis* ATCC 13221 usado como control negativo. El inóculo mixto produjo 5.826 y 2.4 µg/ml (en medios tripticosa soya y melaza-leche) y se evaluó en el enraizamiento de esquejes de crisantemo (*Chrysanthemum morifolium* var. yoko ono) en 3 tratamientos, verificando su influencia sobre la altura, peso fresco, peso seco y peso seco radicular. Se observó un incremento en peso fresco de los esquejes de crisantemo (3.5 g) (tratamiento 2; $p < 0.001$), el tratamiento 1 (cascarilla + compost) incrementó en mayor cantidad la altura (18.77 cm) ($p < 0.001$) y el peso seco radicular (0.113 g) ($p < 0.001$).

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Diana Marcela Rodríguez*

País: Colombia

Email: mmmartin@javeriana.edu.co

Categoría: Industrial

Tipo de presentación: Poster

SEGUIMIENTO DE *Salmonella* Typhimurium EN ABONOS ORGANICOS DE USO EN LECHUGA

Rodríguez Diana Marcela*

Torres Francy Elaine

Gutiérrez Edna Viviana

López Maritza Paola

Martínez Ma. Mercedes

Carrascal Ana Karina

Pontificia Universidad Javeriana, Facultad de Ciencias, Departamento de Microbiología, Grupo de Biotecnología Ambiental e Industrial. Laboratorio de Microbiología Ambiental y de Suelos¹. Laboratorio de Microbiología de alimentos². Cra 7 N° 43-82. Edificio Félix Restrepo. Bogotá, Colombia.

RESUMEN: *Salmonella enterica* serovariedad Typhimurium, se ha asociado a brotes por el consumo de frutas y vegetales contaminadas a partir de agua de riego, manipuladores, bioabono y suelo. En esta investigación se inoculó artificialmente un bioabono aplicado a un cultivo de lechuga para determinar la capacidad de transferencia a las plantas, así como establecer el efecto del uso de cubiertas de polietileno en la protección del cultivo frente a este patógeno. Para ello, se utilizaron plántulas de lechuga de 8 semanas y se establecieron cuatro tratamientos y dos controles: T1 y T2, con y sin cubierta de polietileno respectivamente, contenían una concentración de *Salmonella enterica* Serovariedad Typhimurium ATCC 13176 inoculada en el compost en concentración de 0,04 mo/g, T3 y T4 con y sin cubierta de polietileno respectivamente con 100 mo/g de compost y finalmente C1 y C2 con y sin cubierta pero sin inoculación. El seguimiento del microorganismo en suelo se realizó durante las 8 semanas del cultivo, mediante la técnica de NMP/4 g (EPA 1682/2006) al cabo de este tiempo se evaluó el total de plantas cultivadas mediante la misma técnica. Se determinó que *Salmonella enterica* serovariedad Typhimurium ATCC 13176 se transmite a la lechuga, a partir del bioabono contaminado (OR=2.53) sin importar la concentración inicial del microorganismo en el bioabono; así mismo se encontró que existe asociación entre la contaminación y la condición de cubierta del cultivo (p=0.002). Por otra parte, al analizar las raíces no se encontró asociación de transmisión.

DETALLE DEL RESUMEN

Autor: Iván Neira Cortés*

País: Chile

Email: mmmartin@javeriana.edu.co

Categoría: Clínica

Tipo de presentación: Oral

NEIRA, Iván, Unidad de Parasitología Molecular, Universidad de Antofagasta – Chile.

FOSFATIDIL-INOSITOL-3-KINASA (PI3K) DE *TRYPANOSOMA CRUZI*: ESTRUCTURA Y FUNCIÓN.

CORDERO, Esteban * Unidad de Parasitología Molecular, Universidad de Antofagasta – Chile.

da SILVEIRA, José Franco, Disciplina de Parasitologia, Universidad Federal de São Paulo-Brasil.

SAGUA, Hernan, Unidad de Parasitología Molecular, Universidad de Antofagasta – Chile.

GONZÁLEZ, Jorge, Unidad de Parasitología Molecular, Universidad de Antofagasta – Chile.

ARAYA, Jorge, Unidad de Parasitología Molecular, Universidad de Antofagasta – Chile.

La invasión de *T. cruzi* es un proceso constituido de varias etapas, en el cual el parásito se adhiere a la célula huésped, para posteriormente ser interiorizado por diferentes mecanismos, dependiendo de la naturaleza de la célula huésped. Este contacto activa una serie de procesos que desencadena una cascada de eventos intracelulares, tanto para la célula huésped como para el parásito. Específicamente en tripomasatigote metacíclico, forma infectante de *T. cruzi*, la invasión promueve un aumento significativo en los niveles de Ca^{+2} intracelular, evento aparentemente clave en el proceso invasión. Existen escasas evidencias que demuestran que PI3K estaría implicada en la invasión intracelular. En nuestro laboratorio utilizando inhibidores específicos de estas enzimas, entre ellos Wortmanina y LY294002, realizamos ensayos de invasión con tripomastigotes metacíclicos de las cepas CL y G de *T. cruzi*, en los cuales evidenciamos una disminución en la entrada del parásito a la célula huésped en concentraciones de 1 a 10 μ M, siendo este mecanismo más efectivo en la cepa CL que en la cepa G.

Estos datos sugieren que las PI3K están presentes en *T. cruzi* y que formarían parte del proceso de invasión de la célula huésped.