

Póster: bacteriología



ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA IN VITRO DE FERMENTADOS DE KOMBUCHA SOBRE *Escherichia coli* UROPATÓGENA

Iván Amaya^{1,2}, Daniela Arellano, Fernando Linares^{1,2}.

¹Departamento de Parasitología y Microbiología, Escuela de Ciencias de la Salud, UDO-Bolívar.
²Laboratorio 42 Centro Especializado de Investigación Clínica. Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela. iamaya@udo.edu.ve



Introducción

La Kombucha preparada a partir de té negro y verde ha sido ampliamente estudiada, aunque hasta ahora no se han realizado estudios microbiológicos en profundidad sobre bacterias y levaduras que formen parte de los preparados con estos sustratos.

Objetivo

Se propuso demostrar la actividad antimicrobiana de la Kombucha de té verde y de té negro sobre una cepa de *Escherichia coli* uropatógena y establecer las variaciones de preparación que pueden afectar dicha actividad.

Metodología

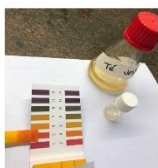
Se trató de estudio experimental de tipo multifactorial, donde se ensayaron fermentados de Kombucha de 2 sustratos: 20gr (té negro y té verde) con 100gr de sacarosa por cada 500mL de cada preparado), bajo condiciones de laboratorio. Posterior a la obtención del líquido fermentado, se realizaron diluciones seriadas a 1:10; 1:20; 1:40; y 1:80, se confeccionaron discos de sensibilidad impregnándolos con 50ul de cada preparado. Se realizó el estudio de susceptibilidad de la cepa *Escherichia coli* uropatógena, siguiendo la técnica de Kirby Bauer

Resultados

Se observó que en promedio el pH del fermentado de Kombucha de té verde a los 14 días fue 3; mientras que el de té negro fue 4. El grado alcohólico de Kombucha tanto de té negro como de té verde osciló entre 2.7° y 3.0. Con respecto a la actividad antimicrobiana, se encontró que ninguno de los discos impregnados con Kombucha de Té verde, presentó actividad antimicrobiana. Mientras que en la Kombucha de Té negro a las 24 horas de incubación se observaron halos de inhibición en concentraciones 1:10 y 1:20 con un diámetro promedio de 22mm y 16mm respectivamente.

Medición de pH de té Kombucha (Té verde- Té negro) Variaciones por día

Sustrato	0 días	2 días	4 días	6 días	8 días	10 días	12 días	14 días
Té Negro	6.5	4.5	4.23	4.00	4.0	4.0	4.0	4.0
Té Verde	6.5	4.5	3.20	3.10	3.0	3.0	3.0	3.0



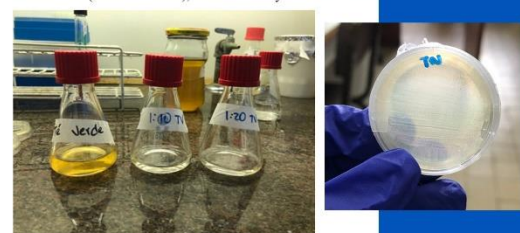
Medición grados Brix de té Kombucha por día

Sustrato	10 días	12 días	14 días	°OH
Té Negro	4.5	4.5	4.5	2.71
Té Verde	4.2	5.0	5.0	3.01



Preparados de Kombucha Sin crecimiento bacteriano a 24 y 48 horas.

Dilución 1:1 (Solución madre), Dilución 1:10 y Dilución 1:20



Kombucha de Té negro

Conclusiones

Se encontró evidencia de actividad antimicrobiana del fermentado de Kombucha de Té negro sobre cepas de *Escherichia coli*

Referencias bibliográficas

- Abaci, N., Senol Deniz, F.S., Orhan, I.E. 2022. Kombucha: una antigua bebida fermentada con bioactividades deseadas: una revisión limitada. *Food Chemist X [Serie en línea]* 14 (1). Disponible: <https://www.sciencedirect.com/journal/food-chemistry-x> [marzo, 2023].
- Al-Mohammadi, A. R., Ismaiel, A. A., Ibrahim, R. A., Mostafa, A. H., Abou Zeid, A., Enan, G. 2021. Constitución Química y Actividad Antimicrobiana de la Bebida Fermentada de Kombucha. *Collection Bioactive Compounds: Molecules [Serie en línea]* 26 (16). Disponible: <https://doi.org/10.3390/molecules26165026> [marzo, 2023].
- Amarasinghe, H., Weerakkody, N., Waisundara, V. 2019. Evaluation of physicochemical properties and antioxidant activities of kombucha "Tea Fungus" during extended periods of fermentation. *Rev Food Sci Nutr [Serie en línea]* 6 (3): 659 - 665. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5993001> [agosto, 2023].
- González-Téllez S.V., Vázquez Olivares, D.A., Espinosa-Raya, J.B., Gómez-Plego R.A. 2019. Estudio Comparativo de la microbiota aislada del Hongo Kombucha y su uso en la elaboración de alimentos fermentados para Síndrome metabólico. *FCB UANL Mex [Serie en línea]* 4 (1): 2-33. Disponible en: <http://www.fcb.uanl.mx/IDCyTA/files/volumen4/4/2/33.pdf> [marzo, 2023].
- Greenwalt, C.J., Ledford, R.A., Steinkraus, K.H. 1998. Determinación y caracterización de la actividad antimicrobiana del té fermentado de Kombucha. *Food Sci Technol-LEB [Serie en línea]* 31 (3): 291-296. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002364897903546> [marzo, 2023].



LABORATORIO 42
Haciendo Medicina de laboratorio

Póster: bacteriología

ACUMULACION DE ¹⁴C CIPROFLOXACINA EN MUTANTES RESISTENTES A FLUOROQUINOLONAS DE *Mycobacterium bovis*.

Rosalva Rodriguez, Estalina Baez, Howard Takiff

Laboratorio de Genética Molecular. Centro de Microbiología Y Biología Celular. Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (I.V.I.C). Altos de Pipe- Venezuela

Introducción

La tuberculosis es una enfermedad infecciosa que ha convivido con el hombre desde hace largo tiempo, que ataca un amplio rango de animales además del hombre, y es producida por varias especies bacterianas del género *Mycobacterium*. Según la Organización Mundial de la Salud la tuberculosis es la principal causa de muerte de personas infectadas con VIH y una de las principales causas de muerte relacionadas con resistencia a los antimicrobianos. La aparición de casi 5 millones de nuevos casos de tuberculosis (TB) resistente a los medicamentos es alarmante, lo cual indica que hay que revisar el régimen de tratamiento existente (4). La constante aparición de cepas resistentes de micobacterias ha motivado cada vez mas, la investigación en esta área. Uno de estos mecanismos es la sobreexpresión de bombas de eflujo. (1) Las bombas de eflujo son proteínas de membrana que se encuentran tanto en procariontes como en eucariotes y se clasifican en cinco familias, que están implicadas en el bombeo de una amplia variedad de fármacos, colorantes y otros compuestos. (5) Se piensa que la sobreexpresión o desregulación de las bombas de eflujo facilita la evolución hacia resistencia (4). Por ejemplo, la exposición a la azitromicina condujo a la sobreexpresión de muchas bombas de eflujo, incluidas MAV_3306 y MAV_1406 de *Mycobacterium avium*, (4). Otro estudio demostró que un nivel más bajo de resistencia a la isoniazida mediada por eflujo finalmente resultó en mutaciones en el gen katG que conducen a una mayor resistencia a la isoniazida. Para comprender el papel de las bombas de eflujo, se han diseñado muchas estrategias, una de ellas, es estudiar mutantes espontáneos resistentes a antibióticos. En este trabajo, se analizaron mutantes espontáneos resistentes a fluoroquinolonas de *Mycobacterium bovis*, que es una cepa no patógena para el hombre y de fácil manipulación en el laboratorio, utilizando un método fluorescente para determinar la cantidad de antibiótico acumulado en el interior de la célula.

Objetivo General:

Efectuar ensayos de medición de acumulación de ¹⁴C ciprofloxacina en cepas mutantes espontáneas de *Mycobacterium bovis* resistentes a moxifloxacina y gatifloxacina utilizando un método de fluorimetría.

Metodología

Mycobacterium bovis (BCG): Cepa Pasteur de *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*) atenuada en virulencia (ATCC 35734 Cepa Trudeau).

Mutantes espontáneos de *M. bovis* seleccionadas en Moxifloxacina y en Gatifloxacina:

Cepas de <i>M. bovis</i> (BCG)	Nivel de Selección en Moxifloxacina (µg/mL)	Nivel de Selección en Gatifloxacina (µg/mL)
GMBM 1, GMBM 2, GMBM 3, GMBM 5, GMBM 7, GMBM 9 GMBM 10, GMBM13, GMBM14, GMBM 16, GMBM21	0,125	
GMBM 4, GMBM 11, GMBM 15, GMBG 4, GMBG 5, GMBG 6, GMBG 9, GMBG 13, GMBG 14, GMBG 15, GMBG 7, GMBG 8, GMBG 10, GMBG 11, GMBG 17, GMBG 18, GMBG 22, GMBG 24.	0,25	0,064
GMBG 1, GMBG 2, GMBG 3		0,125
		0,25

GMBM: Genética Molecular BCG seleccionada en Moxifloxacina
GMBG: Genética Molecular BCG seleccionada en Gatifloxacina.

Condiciones de Crecimiento de las Bacterias:

Para el crecimiento de los mutantes espontáneos de *M. bovis* BCG se utilizó el medio de cultivo líquido Middlebrook 7H9, y como medio sólido 7H10. La cepa de *M. bovis* BCG se colocó en los medios de cultivo a 37°C sin agitación durante 20 a 30 días en presencia de diferentes concentraciones de moxifloxacina y gatifloxacina.

Ensayo de Acumulación de ¹⁴C Ciprofloxacina por Fluorimetría:

Se realizaron ensayos de acumulación de ciprofloxacina por fluorimetría aprovechando la capacidad que tienen los antibióticos fluoroquinolonas de excitarse y emitir fluorescencia a longitudes de onda específicas. Con este ensayo se puede medir la cantidad intracelular del antibiótico. Primero se incuban las células con el antibiótico, posteriormente se lavan y lisan para poder cuantificar la cantidad de antibiótico intracelular. La fluorescencia de los sobrenadantes se midió en un fluorímetro (SpectraMaxGeminisXS, Molecular Devices) a 279 nm de excitación y 447 nm de emisión para ciprofloxacina. (3)

Resultados

Se han descrito múltiples sistemas de eflujo que están presentes a través del genoma de micobacterias, siendo LfrA y EfpA los mayormente estudiados (2,6). Aunque se deben realizar estudios directos en *Mycobacterium tuberculosis* para poder comprender los diferentes mecanismos de resistencia que presenta, los diversos modelos disponibles en el laboratorio como *Mycobacterium smegmatis*, y *Mycobacterium bovis* (BCG), se han utilizado ampliamente para destacar aspectos relevantes de la fisiología de las micobacterias (5). Se ha reportado que muchos aislados clínicos de tuberculosis no presentan mutaciones en los blancos de acción antimicrobiana, lo que sugiere que el mecanismo de eflujo juega un papel fundamental en el desarrollo de la resistencia. (4) En este trabajo, se realizó la medición de la acumulación de ¹⁴C ciprofloxacina para todas las cepas resistentes a fluoroquinolonas. La mayoría de las cepas seleccionadas en las diferentes concentraciones de moxifloxacina y gatifloxacina mostraron en general un nivel de acumulación semejante al que presentó la cepa sensible de *M. bovis* (BCG). El experimento se repitió bajo las mismas condiciones de 3 a 5 veces, dependiendo de los valores obtenidos. (ver figura 1 a Figura 3). Únicamente se registró la cepa GMBG 2 seleccionada en 0,064 µg/mL de gatifloxacina con un bajo nivel de acumulación del antibiótico semejante al nivel de acumulación registrado para la cepa de *Mycobacterium smegmatis* (mc² 552) que tiene sobreexpresada la bomba LfrA, que confiere resistencia a los fluoroquinolonas (Datos no mostrados), lo cual pudiera indicar la activación de un mecanismo similar. A todas las cepas se les secuenció la región blanco del gen *gyrA* y la mayoría de ellas exhibieron mutaciones, lo que podría explicar de entrada el mecanismo de resistencia predominante en los mutantes espontáneos (Datos no mostrados). La cepa GMBM 2 también presentó mutaciones en el blanco de acción, sin embargo, no se puede descartar la posibilidad de encontrar los dos mecanismos activos actuando en sinergia para describir el nivel de resistencia.

Fig. 1: Medición de Acumulación de ¹⁴C Ciprofloxacina en cepas mutantes de *M. bovis* (BCG) seleccionadas en 0,125 µg/ml de Moxifloxacina.

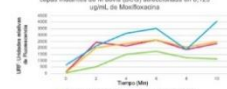


Fig. 2: Medición de Acumulación de ¹⁴C Ciprofloxacina en cepas mutantes de *M. bovis* (BCG) seleccionadas en 0,25 µg/ml de Gatifloxacina.

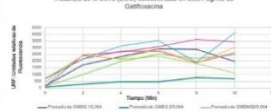
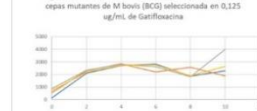


Fig. 3: Medición de Acumulación de ¹⁴C Ciprofloxacina en cepas mutantes de *M. bovis* (BCG) seleccionadas en 0,125 µg/ml de Gatifloxacina.



Conclusion

De acuerdo a los resultados obtenidos utilizando mutantes resistentes de *M. bovis* a moxifloxacina y gatifloxacina, el mecanismo predominante de resistencia parece ser mutaciones en el blanco de acción. Es posible que para la cepa GMBG2 se encuentren activos los dos mecanismos de resistencia a fluoroquinolonas. Una posibilidad para reducir el número de cepas resistentes de *Mycobacterium* es el silenciamiento y control de la expresión de bombas de eflujo, lo cual conduciría a una mayor acumulación intracelular del fármaco, lo que podría mejorar su rango de acción.

Bibliografía

- Bansal A, Mallik D, Kar D, Ghosh AS. Identification of a multidrug efflux pump in *Mycobacterium smegmatis*. FEMS Microbiol Lett. 2016;363(13):fnw128.
- Liu J, Takiff HE, Nikaido H. Active efflux of fluoroquinolones in *Mycobacterium smegmatis* mediated by LfrA, a multidrug efflux pump. J Bacteriol. 1996;178(13):3791-3795.
- Piddock LJ, Williams KJ, Ricci V. Accumulation of rifampicin by *Mycobacterium aurum*, *Mycobacterium smegmatis*, and *Mycobacterium tuberculosis*. J Antimicrob Chemother. 2000;45(2):159-165.
- Rai D, Mehra S. The mycobacterial efflux pump EfpA can induce high drug tolerance to many antituberculosis drugs including moxifloxacin in *Mycobacterium smegmatis*. Antimicrob Agents Chemother. 2021;65(11):e010-1128.
- Sander P, De Rossi E, Böddinghaus B, Cantoni R, Branzoni M, Böttger EC, Riccardi G. Contribution of the multidrug efflux pump LfrA to innate mycobacterial drug resistance. FEMS Microbiol Lett. 2000;193(1):19-23.
- Takiff HE, Cimino M, Musso MC, Weisbrod T, Martinez R, Delgado MB, Jacobs Jr WR. Efflux pump of the proton antiporter family confers low-level fluoroquinolone resistance in *Mycobacterium smegmatis*. Proc Natl Acad Sci U S A. 1996;93(1):362-366.

Póster: bacteriología

Aislamiento e identificación de cepas de *Shigella spp* proveniente de piezas cárnicas de tipo avícola comercializadas en dos expendios comerciales de la ciudad de Caracas

Indira Pérez Valduciel^{1,2}; Marlui García¹; Giovanna Vitelli de Flores^{1,3}; Vidal Rodríguez Lemoine^{1,2,3}; Guillermina Alonso^{1,2}

¹Universidad Central de Venezuela, Facultad de Ciencias
²Instituto de Biología Experimental
³Centro Venezolano de Colecciones de Microorganismos

INTRODUCCION

Las carnes de pollo son un alimento bastante atractivo para muchos consumidores, dada sus características que lo ubican como alimento de alto valor nutricional, bajo en grasas, y de fácil digestión. Sin embargo, las formas de comercialización de estos productos, hoy en día en el país, pueden representar una alerta a la inocuidad, en el caso que los procesos de manipulación y cocción en casa no son llevados de forma adecuada.

Entre los patógenos asociadas a estos productos se destaca a grupos como *Salmonella* y *Shigella*, siendo este último uno de los responsables, según la OMS, de producir al menos 700 000 muertes a nivel mundial, producto de enfermedades diarreicas agudas.

En este trabajo se propuso verificar la presencia de este patógeno en estos productos de tipo avícola, comercializados en dos tipos de expendios comerciales de la ciudad de Caracas, durante el periodo agosto 2015-abril 2016.

OBJETIVOS

Evaluación de la presencia de *Shigella spp* en pechugas de pollo comercializadas en dos expendios comerciales de la ciudad de Caracas

MATERIALES Y MÉTODOS

BIBLIOGRAFÍA

Araque, Y., Bastardo, J. (1999). Estudio bacteriológico de la diarrea aguda infantil en Caracas- estado Nariño. *Salud*, 11 (3): 45-51.

Baker, S., The, R. (2010). Recent insights into Shigella: a major contributor to the global diarrhoeal disease burden. *Current Opinion in Infectious Diseases* 31(5):449-454. DOI: 10.1097/QCO.0b013e318190475

Barrantes K y Acha R. (2011). Calidad microbiológica y análisis de patógenos (*Shigella* y *Salmonella*) en lechuga. *AGVIM*, 31(1):21-36.

Palhin, R., Amari, Z., Akhrya, S., Mousavi, S., Mikavadi, R., Ertek, W., Si, Poyani, A. (2021). Genetic diversity and antibiotic resistance of *Shigella spp.* isolated from food products. *Food Science & Nutrition*, 9(11): 4362-4371. DOI: 10.1002/fsn2.2682

Pedraza Altamirano, B., Escobar Aguilera, S., Gómez Ulibarri, J., Mazarinella Miranda, C., Cruz Quirozana, S. (2023). Detección de *Shigella spp.* en muestras de carne de pollo que se expende en el cantón Ambato. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria PE'N'ZAC'E'N'Z'AS*, 5(5), 644-655. DOI: <https://doi.org/10.59108/peznacencas.v5i5.738>

RESULTADOS

12 muestreos en agares selectivos

Figura 1: Aislamientos primarios por el método de titulación en gotas en medio selectivo SS.

80 aislados con morfología colonial característica

Figura 2: Resultados del crecimiento bacteriano de la cepa PPH2 de *Shigella sonnei* en distintos medios de cultivo. A) colonias traslúcidas en medio Salmonella-Shigella. B) Colonias traslúcidas en medio XLD. C) Colonias blancas en medio MacConkey.

14 aislados presuntivos para *Shigella spp*

Figura 4: Resultados de la identificación mediante galerías automatizadas rapid ID32E.

CONCLUSIONES

- Los resultados indican la presencia de especies de *Shigella sonnei* en 8 de los 12 muestreos (66,7%) durante el periodo de estudio.
- La mayoría de los aislados característicos fueron obtenidos del expendio popular móvil (PC), el cual tiene precarias condiciones de higiene para los productos que comercializan.
- La presencia de este patógeno habla de la prevención para asegurar la inocuidad necesaria en este tipo de alimentos.
- Se debe educar sobre los procesos de manipulación en casa, para que sean apropiados, y evitar el incremento de ETAS causados por estos agentes, los cuales, en principio, no deberían encontrarse en este tipo de alimentos.

Tabla 1. Pruebas bioquímicas aplicadas

Prueba	Resultado	Prueba	Resultado
Glu	++	Catalasa	++
Kligler Lac	-	Oxidasa	-
Citrato	-	Nitrato	+
Motilidad	-	Esculina	-
Indol	-	O,F Aeróbico	+
SIM	1/2S	manitol Anaeróbico	+
Urea	-	Ornitina	+

Figura 3: Registro fotográfico de algunas pruebas bioquímicas utilizadas manualmente para la identificación microbiológica

Tabla 2. Aislamientos y proveniencia

Cepa	Proveniencia	Aislamiento	Cepa	Proveniencia	Muestreo
PPH2	Supermercado	2	PPV11	Supermercado	7
PC13	Carnicería popular móvil	2	PCV02	Carnicería popular móvil	7
PC14	Carnicería popular móvil	2	PCX2	Carnicería popular móvil	9
PC16	Carnicería popular móvil	2	PPX1	Supermercado	10
PPV2	Supermercado	4	PCX7	Carnicería popular móvil	11
PPV1	Supermercado	5	PPX2	Supermercado	12
PCV4	Carnicería popular móvil	5	PCX2	Carnicería popular móvil	12

Póster: bacteriología

CALIDAD SANITARIA DEL AGUA DE MANANTIAL ENVASADA EXPENDIDA EN LA CIUDAD DE QUITO, ECUADOR

Christian Pillajo ^a, Judith Araque ^b, Félix Andueza ^{a, c}

^a Universidad Central del Ecuador, FIGEMPA. Carrera de Ingeniería Ambiental.

^b Universidad Central del Ecuador. Facultad de Ingeniería Química. Lab. Microbiología. Quito. Ecuador.

^c Universidad de los Andes. Facultad de Farmacia y Bioanálisis. Mérida. Venezuela

cjpillajo@uce.edu.ec, jdaraqued@uce.edu.ec, fdandueza@u.ce.edu.ec

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

- De acuerdo con el informe realizado en marzo del 2023 por la UNU INWEH, cada minuto se venden más de un millón de botellas de agua en todo el mundo, de manera que este sector económico mueve aproximadamente 270.000 millones de dólares/año. Ecuador se encuentra en la posición 31 entre los 50 países con mayor consumo de agua embotellada con 67 Litros/habitante-año, con un promedio de compra de 134 botellas/habitante-año. De acuerdo con el INEC en Ecuador la población que consume agua contaminada a nivel rural es del 41,3% y a nivel urbano 19,7%, de las cuales el 5,5% y 6,6% corresponde a agua embotellada, respectivamente.
- El agua de manantial envasada suele ser considerada como saludable y pura, sin embargo, en diversos estudios se ha reportado contaminación inorgánica, orgánica y microbiológica.
- Es por ello que el objetivo de la presente investigación observacional descriptiva fue determinar la calidad sanitaria del agua de manantial envasada al momento de su comercialización en la ciudad de Quito, cuantificando el número de bacterias heterótrofas, coliformes totales, *Escherichia coli* y *Pseudomonas spp.*

MATERIALES Y MÉTODOS

Las muestras de agua mineral de manantial envasada fueron obtenidas aleatoriamente en establecimientos comerciales de la ciudad de Quito. Para el análisis de las muestras se siguió la técnica de filtración en membrana y siembra en medios de cultivos específicos de acuerdo a las normas APHA, COVENIN, ISO, UNE, (Figura 1 y Figura 2).

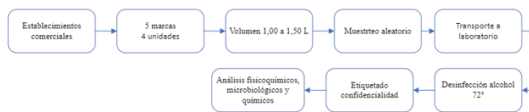


Figura 1. Metodología de recolección de muestras.

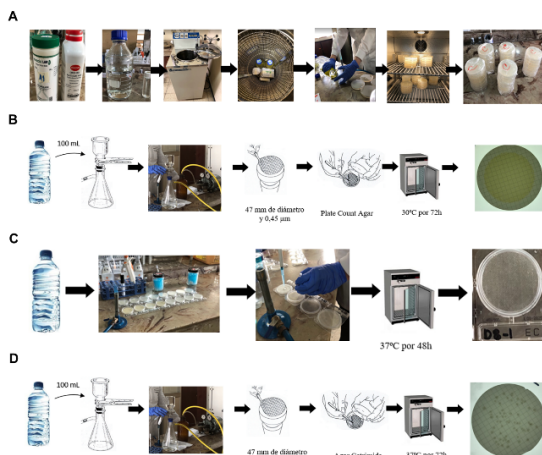


Figura 2. Análisis microbiológico; A. Esterilización y elaboración de medios de cultivo; B. Cuantificación de bacterias heterótrofas; C. Cuantificación de Coliformes totales y *Escherichia coli*; D. Cuantificación de *Pseudomonas spp.*

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

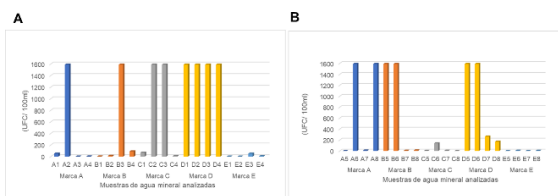


Figura 3. Conteo de bacterias heterótrofas; A. Primer muestreo; B. Segundo Muestreo.

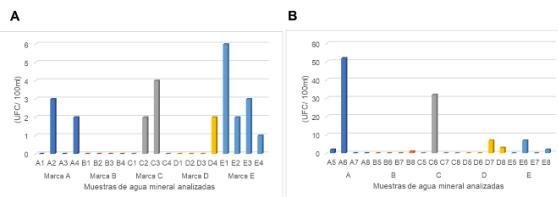


Figura 4. Conteo de *Pseudomonas spp.*; A. Primer muestreo; B. Segundo muestreo.

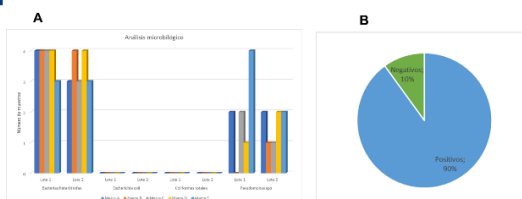


Figura 5. A. Número de muestras positivas a grupos bacterianos por lote y marca; B. Porcentaje de lotes positivos a grupos bacterianos.

Se determinó la presencia de bacterias heterótrofas en 2 lotes de aguas envasadas, en un rango de 1×10^4 a $1,6 \times 10^3$ UFC/100 mL y 1×10^4 a $5,2 \times 10^2$ UFC/100 mL superando los valores establecidos en las normativas de la Comunidad Europea, Ecuador, España y Venezuela.

Conclusiones

- La presencia de patógenos oportunistas como es el caso de las colonias del género *Pseudomonas* pone en evidencia la necesidad un control más estricto, precautelando la seguridad del consumidor, a fin de evitar brotes de enfermedades infecciosas, especialmente en personas inmunodeprimidas.

REFERENCIAS

- Adesakin y col. Effects of Prolonged Storage Condition on the Physicochemical and Microbiological Quality of Sachet Water and Its Health Implications: A Case Study of Selected Water Brands Sold within Samaru Community, Northwest Nigeria. *Microbiology Research*, 2022 13, no. 4: 706-720.
- Andueza F. Calidad bacteriológica del agua mineral envasada expendida en la ciudad de Mérida, Venezuela. *Perspectiva (Cajamarca)*. Facultad de Farmacia y Bioquímica. UPAGU, 2013, Vol. 14 (16): 41-49.
- Araque J. Microbiota bacteriana heterótrofa aerobia mesófila del agua envasada. Tesis de Maestría. Postgrado de Microbiología. Facultad de Farmacia y Bioanálisis. Universidad de los Andes. Mérida. Venezuela. 2014
- Bouhler, Z., Köpke, J., Mina, M., and Smakhtin, V. *Global Bottled Water Industry: A Review of Impacts and Trends* United Nations, University Institute for Water, Environment and Health, Hamilton, Canada. 2023
- Instituto Nacional de Estadística y Censos, *Medición de los Indicadores de Agua, Saneamiento e Higiene (ASH)*, en Ecuador: Marzo, 2019.

Póster: bacteriología

DETERMINACIÓN FENOTÍPICA DE MECANISMOS DE RESISTENCIA A β -LACTÁMICOS EN *Acinetobacter baumannii* complex Y *Pseudomonas aeruginosa* CIRCULANTES EN CARACAS - VENEZUELA

Genezalet Sinai, Tortoza Diaz; Jose Gregorio, Gonzalez Hernandez¹;
¹Escuela de Bioanálisis, Universidad Central de Venezuela

Introducción

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha declarado como amenaza a la salud publica el fenómeno de la resistencia a los antimicrobianos¹, ocasionado por el indebido y excesivo uso de los antimicrobianos; alarmante por la rápida difusión mundial de bacterias multiresistentes y panresistentes. La Red Latinoamericana de Monitoreo/Vigilancia de la Resistencia a los Antibióticos (ReLAVRA) destaca a *P. aeruginosa* y *Acinetobacter spp.* como especies objeto de vigilancia a nivel hospitalario para la prevención y control de la resistencia a los antibióticos². En los últimos años la prevalencia de las infecciones causadas por *P. aeruginosa* multiresistente ha mostrado un incremento significativo³, siendo la producción de metalo β -lactamasas (MBLs) uno de sus principales mecanismos^{4,5}. Por su parte el patrón de resistencia expuesto por *A. baumannii* complex confirma la capacidad de adquirir diferentes mecanismos de resistencia caracterizándose principalmente por su alto nivel de resistencia a drogas estables e importantes en terapéutica como los carbapenémicos

Objetivos

- Comprobar la resistencia a betalactámicos en cepas de *A. baumannii* complex y *P. aeruginosa*
- Detectar por metodología fenotípica la presencia de enzimas tipo BLEE y Carbapenemasas en *P. aeruginosa* y *A. baumannii* complex resistentes a β -lactámicos.
- Determinar los porcentajes de resistencia en cepas de *P. aeruginosa* y *A. baumannii* complex, aisladas en centros de salud de Caracas, frente a β -lactámicos

Materiales y Métodos

Técnica de difusión en disco⁶ para detección de resistencia a betalactámicos con los antibióticos ceftazidima 30 μ g, piperacilina-tazobactam 110 μ g, cefepime 30 μ g, meropenem 10 μ g, imipenem 10 μ g y aztreonam 30 μ g. Método de diferencia de halo para detección de BLEE^{6,7} con Ceftazidima 30 μ g, Ceftazidima 30 μ g/ Ácido Clavulánico 10 μ g, Cefotaxima 30 μ g, Cefotaxima 30 μ g/ Ácido Clavulánico 10 μ g. Método de Hodge modificado con tritón⁷ (fig 1). Método de inactivación del carbapenémico CIM Tris⁸ (fig 2) para la detección de carbapenemasas. Sinergia con discos de EDTA 0.5M y Ac. Borónico 300mg/MI para clasificación de carbapenemasas. Cepas control *Escherichia coli* ATCC 25922 y *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603

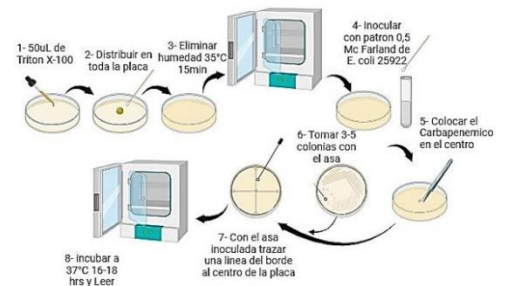


Figura 1. Procedimiento del método de Hodge modificado con Tritón

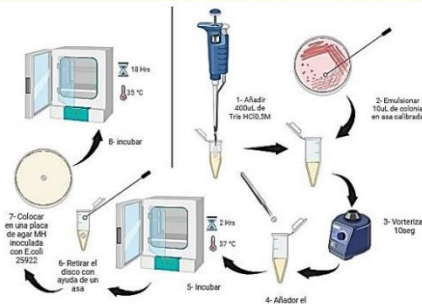


Figura 2. Procedimiento del método de inactivación del carbapenémico

Resultados

El 73% de la población presentó resistencia a β -lactámicos, el 37% de las cepas resistentes a cefepime y/o ceftazidima y aztreonam, expresó fenotípicamente BLEE, el 98% de las cepas resistentes a carbapenémicos fueron carbapenemasas positivo, siendo las metalo β -lactamasas las de mayor incidencia 54% seguida de la doble carbapenemasas 27%, y 9% serinocarbenemasas, así mismo, el 50% de las cepas resistentes a carbapenémicos y cefalosporinas (13 cepas) tenían BLEE + Carbapenemasas. Concluyendo que existe un alto porcentaje de resistencia a β -lactámicos por parte de *A. baumannii* complex y *P. aeruginosa*, con mayor expresión de carbapenemasas (98%) por encima de BLEE (37%). El método de Inactivación del Carbapenémico Modificado con Tris muestra mejores resultados que el método de Hodge modificado.

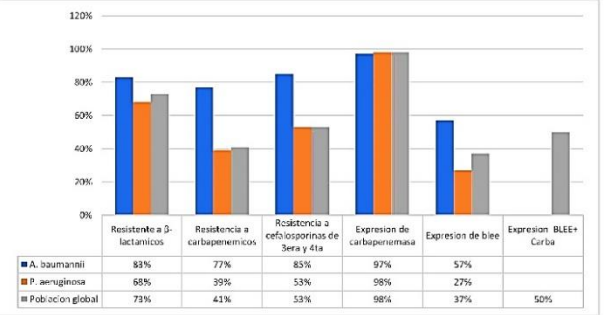


Tabla 1. Resultados de resistencia antimicrobiana global y detallada

Conclusiones

- En el 73% de las infecciones causadas por *P. aeruginosa* y *A. baumannii* complex se limita la terapia empírica con β -lactámicos.
- Las cepas de *A. baumannii* complex presentaron mayor expresión de BLEE (57%) por encima de *P. aeruginosa* (27%).
- El 98% de las cepas resistentes a carbapenémicos han expresado carbapenemasas; *P. aeruginosa* con un 98.4% y *A. baumannii* complex con 96.7%.
- En la ciudad de Caracas hay cepas de *P. aeruginosa* y *A. baumannii* complex con doble carbapenemasas.
- Las metalobetalactamasas son la clase de carbapenemasas con mayor expresión 54%, seguido de la doble expresión de carbapenemasas con un 27%.

Referencias Bibliográficas

- Organización Mundial de la Salud. Resistencia a los antimicrobianos [Internet]. Ginebra, 17 de noviembre de 2021 [Consultado 10 Nov 2023]. Disponible en: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>
- Red de monitoreo/vigilancia de la resistencia a los antibióticos. Informe Anual de la Red de Monitoreo/Vigilancia de la Resistencia a los Antibióticos 2007. El Salvador: 2008. Disponible en: <https://www.paho.org/his/0000/download/16049a1f6d04/P04mraAF0V1>
- Bifalaco, C. y Larrazo, J. Fenotipo fenotípico de resistencia en *Pseudomonas aeruginosa* de muestras clínicas a nivel de Sudamérica. *Caldehú Vitarol*. 2018; 4(01): 75-100.
- Torres L. La era de las Carbapenemasas. *Sociedad Venezolana de Microbiología*. Escuela de Bioanálisis UCV. 2005. [Serie en Internet] disponible en: http://biblioteca.udo.edu.ve/bitstream/123456789/3177/1/ESIS_Y1.pdf
- Torres L, Gaglietta V, Torres O, y Bonillo M. β -Lactamasas de Lipidato Liparidato en *Enterobacteriaceae* aisladas. *RSVM* 2008; 29(2): 86-88.
- Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 30th ed. CLSI Supplement M100 [Internet]. USA, CLSI [consultado 21 Marzo 2023]. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1552-2918.13838>
- Calvo, J., Camón, R., Fernández, F., Mirás, S., y Navarro, F. Detección fenotípica de mecanismos de resistencia en Gramnegativos [Internet]. España: Emilia Cercanado y Rafael Canón, 2011 [Consultado 22 Oct 2023]. Disponible en: <https://www.repositorioinvestigacion.us.es/bitstream/handle/10261/10000/1/13838.pdf>
- Loza, K., Teo, T., Garmy, K., Kowalczuk, A., Arakaki, V., Tama, T., Nakazono, I., Akeda, S., Criss, T., y Fujita, J. Método modificado de inactivación de carbapenemasas, CIMTris, para la detección de carbapenemasas en especies de *Acinetobacter* y *Pseudomonas*. [Internet]. *J Clin Microbiol*, 55, 3435 – 3440. DOI: 10.1128/JCM.00865-17.
- Corvega, M., Guzman, M., Carrero, O., Molina, M. y Grupo colaborativo del grupo venezolano de resistencia bacteriana. Resistencia bacteriana a los antimicrobianos en Venezuela - nuevos hallazgos. *RSVM* 2000; 20(1).

Póster: bacteriología

DISBIOSIS INTESTINAL EN PACIENTES ADULTOS DIABÉTICOS DE CIUDAD BOLÍVAR, ESTADO BOLÍVAR

Iván Amaya^{1,2}, Ana Campo¹

¹Departamento de Parasitología y Microbiología, Escuela de Ciencias de la Salud, UDO-Bolívar.
²Laboratorio 42 Centro Especializado de Investigación Clínica. Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela.
[iamaya@udo.edu.ve](mailto:i.amaya@udo.edu.ve)

Introducción

Algunos cambios en la composición microbiana provocan un desequilibrio brusco entre las bacterias beneficiosas y patógenas, el intestino se vuelve vulnerable a esta agresión con alteraciones microbianas intestinales, lo que produce un estado conocido como disbiosis intestinal. Estas alteraciones interfieren con la permeabilidad intestinal, permitiendo que el lipopolisacárido (LPS), un componente de las paredes celulares de las bacterias gramnegativas, ingrese al huésped y contribuya a la inflamación y la posterior resistencia a la insulina y desarrollo de la diabetes tipo 2.

Objetivo

El objetivo de esta investigación fue determinar casos de disbiosis intestinal en pacientes adultos diabéticos seleccionados en Ciudad Bolívar, Estado Bolívar para el período 2023.

Metodología

Se estudiaron 73 pacientes con diagnóstico de Diabetes mellitus tipo II, clasificándolos en pacientes controlados o no según valor de Hba1c y glicemia basal. Se realizó cultivo microbiológico de materia fecal y perfil para disbiosis intestinal. Se tomó como grupo control a pacientes del servicio de medicina interna sin diagnóstico de diabetes u otra alteración metabólica.

Resultados

Se encontró que los pacientes diabéticos presentaron 74% de disbiosis intestinal mientras que el grupo control 35% (p<0.05), se asociaron mayores alteraciones a la microbiota en los pacientes femeninos, de mayor edad y mayor valor de Hba1c.

Con respecto a la disbiosis y el IMC en este trabajo se encontró que de 17 pacientes diabéticos estudiados 16 (94,12%) tenían perfil de disbiosis asociado a obesidad tipo III, mientras que sólo 1 (5,88%) no tenía disbiosis asociada a pesar de tener obesidad tipo III. Por otro lado, se encontró que de 14 pacientes diabéticos estudiados 12 (85,71%) tenían perfil de disbiosis asociado a Obesidad tipo II y de estos sólo 2 (14,29%) con obesidad tipo II no estaban asociados a perfil de disbiosis intestinal

Los géneros predominantes en el grupo de los microorganismos mesófilo: *Candida albicans* (35%); *Escherichia coli* (31%) y *Proteus spp* (25%)

Conclusiones

La disbiosis predominante correspondió a disbiosis tipo 3, asociándose significativamente a la obesidad como la comorbilidad más importante.

Referencias bibliográficas

- Hu, J; Guo, P; Mao, R; Ren, Z; Wen, J; Yang, Q; Yan, T; Yu, J; Zhang, T; Liu Y. 2022. Gut Microbiota Signature of Obese Adults Across Different Classifications. *Diabetes, Metabolic Syndrome and Obesity: Targets and Therapy*. [Serie en línea] 15, 3933-3947, Disponible: <https://doi.org/10.2147/DMSO.S387523> [Diciembre, 2023].
- Jardine, M. 2016. Nutrition Considerations for Microbiota Health in Diabetes. *Diabetes Spectr*. 29(4):238-244.
- Lambert, S; Carson, T; Lowe, J; Ramaraj, T; Leff, J; Luo, L; J Bell, C. et al., 2016. Composition, Diversity and Abundance of Gut Microbiome in Prediabetes and Type 2 Diabetes. *J Diabetes Obes*. 2 (3): 1-7. Disponible: doi:10.15436/2376-0949.15.031. [Diciembre, 2023].

LABORATORIO 42
Haciendo Medicina de laboratorio

HEMOGLOBINA GLICOSILADA (HbA1C) SEGUN TIPO DE DISBIOSIS INTESTINAL EN LOS PACIENTES CON DIAGNÓSTICO DE DIABETES MELLITUS SELECCIONADOS DE CIUDAD BOLÍVAR

TIPO DE DISBIOSIS	HbA1C				TOTAL	
	<5,9		>5,9		n	%
	n	%	n	%		
TIPO I	6	25,00	18	75,00	24	100,00
TIPO II	2	14,29	12	85,71	14	100,00
TIPO III	1	12,50	7	87,50	8	100,00
TOTAL	14	30,43	37	80,43	46	100,00

DISBIOSIS INTESTINAL SEGUN EL ÍNDICE DE MASA CORPORAL (IMC) EN PACIENTES SELECCIONADOS DE CIUDAD BOLÍVAR

IMC (OMS)	DISBIOSIS INTESTINAL				TOTAL		P
	SI		NO		n	%	
	n	%	n	%			
NORMAL	0	0,00	5	100,00	5	100,00	>0,05
SOBREPESO	7	43,75	9	56,25	16	100,00	>0,05
OBESIDAD I	15	71,43	6	28,57	21	100,00	<0,05 SIG
OBESIDAD II	12	85,71	2	14,29	14	100,00	<0,05 SIG
OBESIDAD III	16	94,12	1	5,88	17	100,00	<0,05 SIG
TOTAL	50	68,49	23	31,51	73	100,00	

Póster: bacteriología



Diversidad genética y caracterización de *Escherichia coli* potencialmente patógena aislada de quesos de pasta hilada elaborados artesanalmente en Venezuela

Varela Rangel Yasmin Yinec^a, Leidys Guillén^a, Cesar Cuadra^{a,b}, María del Carmen Araque^a

a. Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Universidad de Los Andes, Mérida 5101, Venezuela.
b. Laboratorio Clínico Novagen C.A, Puerto Ordaz, Estado Bolívar 8050, Venezuela.

INTRODUCCIÓN

El queso artesanal de pasta hilada (Telita, Guayanés y Mozzarella) es uno de los alimentos más populares e importantes de la dieta venezolana, los cuales son elaborados con leche cruda que contiene la microbiota ideal que contribuye a las propiedades organolépticas final del producto⁽¹⁾. Estos quesos se producen mediante métodos no estandarizados que están influenciados por los hábitos, gustos o condiciones ambientales de cada región⁽²⁾. La popularidad de estos quesos se debe a su rápida disponibilidad para el consumo humano después de la producción^(3,4).

Los quesos artesanales de pasta hilada se encuentran típicamente en mercados, ferias de alimentos al aire libre o en ventas ambulantes. Suelen estar sumergidos en suero, lo que puede promover el crecimiento de microorganismos^(5,6). Asimismo, el uso de leche cruda, así como los procesos de fabricación, transporte y almacenamiento poco sofisticados, constituyen puntos críticos que pueden llevar a la contaminación del producto con microorganismos nocivos que pudieran generar brotes de Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETAs)^(1,7-14). *Escherichia coli* es un microorganismo que se encuentra comúnmente en los intestinos de humanos y animales como parte de la microbiota normal. Su presencia en los alimentos generalmente indica contaminación fecal directa o indirecta, que en ocasiones puede ir acompañada de otros patógenos intestinales⁽⁹⁾. Las interrelaciones que *E. coli* establece con su hospedero humano y la presencia de factores de virulencia permiten clasificarla en tres grupos principales: *E. coli* comensal, diarrogénica (DEC) y *E. coli* patógena extraintestinal (EXPEC)⁽⁹⁾. Filogenéticamente, *E. coli* se puede clasificar en ocho filogrupos: A, B1, B2, C, D, E, F y el clado críptico I, que se utilizan para aproximar su potencial patógeno⁽⁷⁾. Sin embargo, la mayoría de las cepas de *E. coli* pertenecen a los filogrupos A, B1, B2 y D⁽⁹⁾. Las cepas comensales se consideran de baja virulencia y pertenecen a los filogrupos A y B1, mientras que las EXPEC se agrupan principalmente en los filogrupos B2 y D, que a menudo portan genes que codifican factores de virulencia que actúan sobre una amplia gama de procesos celulares⁽⁹⁾.

Varios estudios realizados en América Latina han reportado la prevalencia de EXPEC en varios tipos de queso elaborados con leche no pasteurizada⁽¹⁵⁻¹⁸⁾. En Venezuela, los quesos frescos de pasta hilada se encuentran entre los vehículos más comunes de las ETAs debido a su mala calidad microbiológica⁽¹⁹⁾. Sin embargo, los estudios que describen la caracterización genética de EXPEC en productos lácteos artesanales para consumo humano en el país son escasos^(19,12,13). En este sentido, el objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente cepas patógenas de *E. coli* aisladas de quesos frescos de pasta hilada fabricados y comercializados en Venezuela.

MATERIALES Y MÉTODOS

1. Aislamiento e Identificación de *E. coli* NORMA COVENIN 1126:89

2. Pruebas de Susceptibilidad Antimicrobiana CLSI-2023

3. Determinación genética

DETECCIÓN DE GRUPOS FILOGENÉTICOS Clermont et al 2013⁽⁷⁾

DETECCIÓN DE GENES DE VIRULENCIA Adhesina de la familia *fliC* 1, Fimbrias (adhesinas), Proteína específica antipatógena, Marcador de tipo de Patogenicidad

EXTRACCIÓN DE ADN Método de choque térmico

Selección de 36 Cepas de quesos fresco de pasta hilada

Puerto Ordaz Municipio Caroni

Producto no relacionado entre sí

10 gr de queso + 90 ml de Agua peptonada → 2h a 37°C → 10⁻¹ → 10⁻² → 10⁻³ → 10⁻⁴ → 10⁻⁵ → 9ml de agua peptonada

Inoculación en placas Petrifilm *E. coli* coliformes (3M6)

18-24h a 35°C

4 - 10 UFC

Caldo BHI

18-24h a 36°C

Subcultivo a:

AGAR MacConkey

AGAR Levine (EMB)

IDENTIFICACIÓN CONVENCIONAL

FERMENTACIÓN DEL SORBITOL

AGLUTINACIÓN O157:H7

Tipo de queso	<i>E. coli</i> N° cepas	%
Mozzarella	17	47.2
Telita	16	44.4
Guayanés	3	8.3
Total	36	100

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se aislaron un total de 75 cepas de *E. coli* de tres tipos diferentes de quesos de pasta hilada fresca: Mozzarella, Telita y Guayanés. De estas cepas se seleccionaron aleatoriamente 36 aislados de *E. coli* y se distribuyeron como se muestra en el TABLA 1: 17 (47,2%) de Mozzarella, 16 (44,4%) de Telita y 3 (8,3%) de Guayanés. Ninguna de las cepas seleccionadas resulto positiva para el serotipo patógeno *E. coli* O157:H7.

TABLA 2. Distribución de grupos filogenéticos de *E. coli* según el tipo de queso de pasta hilada.

Tipo de queso artesanal	Grupo filogenético de <i>E. coli</i>	n (%)
Mozzarella n=17 (47.2%)	A	10 (58.8)
	D	7 (41.2)
	A	7 (43.7)
	B1	1 (6.3)
	D	4 (25.0)
Telita n=16 (44.4%)	A	11 (68.8)
	B1	2 (12.5)
	D	4 (25.0)
Guayanés n=3 (8.3%)	A	2 (66.7)
	B1	1 (33.3)

NC: No clasificado.

TABLA 3. Distribución del número y perfil de genes de virulencia según grupo filogenético de *E. coli* de quesos de pasta hilada.

<i>E. coli</i> Grupo filogenético n (%)	Nº. Factor de virulencia	Perfil de genes de virulencia	n (%)
A=19 (52.8)	1	<i>fliHf</i>	6 (31.5)
	2	<i>fliHf</i> ; <i>papAH</i>	3 (15.8)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>usp</i>	2 (10.5)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i>	1 (5.3)
	1	<i>fyuA</i> ; <i>usp</i>	1 (5.3)
	3	<i>fyuA</i> ; <i>usp</i> ; <i>kpsMT II</i>	1 (5.3)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>kpsMT II</i> ; <i>papAH</i>	1 (5.3)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i> ; <i>papAH</i>	1 (5.3)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>papAH</i> ; <i>kpsMT II</i>	1 (5.3)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i> ; <i>kpsMT II</i> ; <i>papAH</i>	1 (5.3)
B1=2 (6.6)	1	<i>fliHf</i>	1 (50.0)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i>	1 (50.0)
D=11 (30.5)	1	<i>fliHf</i>	1 (9.1)
	1	<i>usp</i>	1 (9.1)
	2	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i>	2 (18.2)
	3	<i>fliHf</i> ; <i>usp</i>	1 (9.1)
NC=4 (11.1)	1	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i> ; <i>papAH</i>	3 (22.3)
	3	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i> ; <i>usp</i>	2 (18.2)
	1	<i>fliHf</i> ; <i>papAH</i> ; <i>usp</i>	1 (9.1)
NC=4 (11.1)	2	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i>	1 (25.0)
	3	<i>fliHf</i> ; <i>fyuA</i> ; <i>kpsMT II</i>	1 (25.0)

NC: No clasificado.

TABLA 4. Distribución de grupos filogenéticos y presencia de genes de virulencia de *E. coli* según el tipo de queso de pasta hilada.

<i>E. coli</i> Grupo filogenético n (%)	Genes de Virulencia (%)					
	<i>fliHf</i>	<i>fyuA</i>	<i>kpsMT II</i>	<i>papAH</i>	<i>usp</i>	<i>PAI</i>
Queso "Mozzarella"	n=17 (100)	14 (82.4)	6 (35.3)	4 (23.5)	8 (47.0)	5 (29.4)
	A=10	9 (47.1)	3 (17.6)	4 (23.5)	4 (23.5)	2 (11.8)
	D=7	5 (25.3)	3 (17.6)	0	4 (23.5)	3 (17.6)
	NC=4	4 (25.0)	4 (25.0)	0	0	0
Queso "Telita"	n=16 (100)	11 (68.8)	2 (12.5)	2 (12.5)	3 (24.0)	0
	A=7	7 (43.7)	1 (6.3)	2 (12.5)	1 (6.3)	0
	B1=1	1 (6.3)	1 (6.3)	0	0	0
	D=4	4 (25.0)	0	0	2 (12.5)	0
Queso "Guayanés"	n=3 (100)	2 (66.7)	0	1 (33.3)	1 (33.3)	0
	A=2	2 (66.7)	0	1 (33.3)	1 (33.3)	0
	B1=1	1 (33.3)	0	0	0	0
	D=0	0	0	0	0	0
TOTAL N° 36 (100)	33 (91.7)	10 (27.8)	6 (16.7)	12 (33.3)	9 (25.0)	0
Valor de p.	0.008	0.138	0.502	0.226	0.733	-

NC: No clasificado.

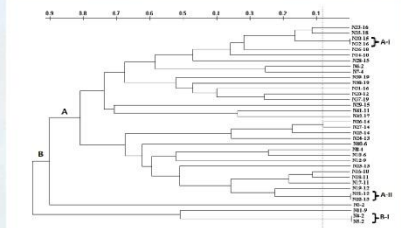


Figura 1. Diversidad genética de cepas de *E. coli* aisladas de quesos de pasta hilada fresca basada en coeficientes de similitud calculados a partir de datos de análisis Rep-PCR. Los grupos con similitud ≥ 96% se diseñaron como: A-I (2 cepas), All (2 cepas) y B-I (2 cepas).

TABLA 5. Características genéticas de las 6 cepas de *E. coli* relacionadas clonalmente (A-I, All y B-I).

REP-PCR Cluster	Nº Cepas	Tipo de Queso	Grupo filogenético	Genes de Virulencia
A-I	N30-15	Guayanés	D	<i>fliHf</i> , <i>fyuA</i>
All	N32-16	Guayanés	D	<i>fliHf</i> , <i>fyuA</i> , <i>usp</i>
A-II	N21-12	Mozzarella	A	<i>fliHf</i> , <i>kpsMT II</i> , <i>fyuA</i>
B-I	I22-13	Mozzarella	A	<i>fliHf</i> , <i>fyuA</i> , <i>kpsMT II</i> , <i>papAH</i>
	N4-2	Telita	A	<i>fliHf</i>
	N5-2	Telita	B1	<i>fliHf</i> , <i>fyuA</i>

Las cepas aisladas mostraron susceptibilidad a todos los antimicrobianos evaluados, lo que sugiere que la leche empleada para la elaboración de estos quesos proviene de animales sanos. No obstante, estas cepas portaban genes de virulencia los cuales constituyen un riesgo para la salud.

Las investigaciones han demostrado que la filogenia de *E. coli* se encuentra estrechamente relacionada con el nicho ecológico y el potencial patógeno, es así como los grupos filogenéticos A y B1 de *E. coli* se encuentran en una amplia gama de mamíferos herbívoros y carnívoros, mientras que B2 y D tienen una amplia gama de hospederos. En este estudio el filogeno A fue más predominante, lo que sugiere que los microorganismos aislados corresponden a cepas comensales de *E. coli* presentes en el hospedero bovino. La presencia de diversos genes de virulencia destaca la naturaleza compleja y multifactorial del potencial patógeno de estas cepas, lo cual ha sido reportado en estudios de *E. coli* uropatógena (UPEC) aislada de pacientes hospitalizados en Mérida, Venezuela^(14,19). En este estudio, se observó que la mayoría de las cepas, independientemente de su grupo filogenético, portaban por lo menos dos genes de virulencia que codificaban mecanismos de adhesión (*fliHf*) y captación de hierro (*fyuA*). En los patógenos bacterianos como *E. coli*, la expresión de una sola adhesina es necesaria y suficiente para la patógenosis. Sin embargo, si esta adhesina está vinculada a genes como captación de hierro, un factor crítico para la supervivencia puede permitir a la bacteria establecerse en un entorno competitivo⁽⁹⁾.

Por otra parte, la tipificación mediante Rep-PCR de las 36 cepas de *E. coli*, reveló una estructura poblacional heterogénea, sin asociación alguna con las características fenotípicas o genéticas.

CONCLUSIÓN

Los resultados del estudio apoyan la hipótesis de que las cepas de *E. coli* aisladas en los tres tipos de quesos de pasta hilada fresca comparten características y factores de virulencia compatibles con las cepas EXPEC de animales y humanos, lo que supone un riesgo para la salud.

La presencia de *E. coli* en estos quesos no sólo indica contaminación de origen fecal, que potencialmente podría estar asociada con otros enteropatógenos, sino que también sugiere que estos quesos pueden servir como medio de transmisión y selección de clones virulentos que pueden causar enfermedades intestinales y enfermedades extraintestinales.

Este estudio resalta la necesidad de incrementar los controles higiénico-sanitarios en todas las etapas de la producción del queso, implementando medidas de vigilancia epidemiológica de cepas bacterianas potencialmente patógenas encontradas en los quesos frescos artesanales de pasta hilada.

BIBLIOGRAFÍA

- Pirone C, Guerrero F, García D, et al. Physicochemical and bacteriological characterization of white artisan cheese in Barilo, Paraná, Argentina. *Food Control*. 2015; 16(2):34-35.
- Maldonado RJ, Rodríguez M, Llovera R, et al. General technological flow diagram and characterization of Biala cheese soft type. *Agron Trop*. 2011; 6(1): 177-188.
- Margarita-JG, García CE. Patogenic microflora found in white "bater" cheese made in four states of Venezuela. *Am J Vet Res*. 2007; 26(1): 17-21.
- Rodríguez C, Calderín J. Sanitary conditions of handmade "telita" type cheese in Urua, Bolívar State, Venezuela. *RSVM*. 2009; 29:90-102.
- Blahnikova D, Kuznetsov L, Kuznetsov V. *Escherichia coli* specific virulence-gene markers analysis for quality control of ovine cheese in Slovakia. *Microorganisms*. 2021; 9: 1802.
- Ordoñez RA, Herrería A, Acosta BF, et al. Prevalence and pathogenic potential of *Escherichia coli* isolates from raw milk and low milk cheese in Bogotá, Colombia. *J Food Microbiol*. 2016; 221: 49-56.
- Chiriac D, Chiriac A, Damascu E, et al. The Clermont *Escherichia coli* phylogrouping method (revisited): Inverse of species of type phylogroups. *Environ. Microbiol*. 2012; 5(1): 58-66.
- Burgun J, Ballester-Huertas A, Le Naguer M, et al. Clermont Typing: An easy-to-use and accurate in silico method for *Escherichia coli* strain phylogrouping. *Microb Drug Resist*. 2019; 4: 5-8.
- Sanchez J, Ramos-Roldán B, Zamora-Ramírez A, et al. Virulence factors, prevalence and potential transmission of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* isolated from different sources: recent reports. *GM Pathog*. 2018; 11: 18.
- Quintanilla J, Millán B, Araque M. Molecular characterization of *Escherichia coli* strains isolated from homemade dairy foods produced in Mérida, Venezuela. *Infectio*. 2014; 13(2): 100-108.
- Pineda APA, Campos OZ, Pinheiro-Filho HJ, et al. Brazilian artisanal cheeses: Diversity, microbiological safety, and challenges for the sector. *Food Microbiol*. 2021; 12: 48892.
- Guillén L, Araque M. Genetic diversity and characterization of potentially pathogenic *Escherichia coli* isolated from artisanal raw milk cheese in Venezuela. *J Infect Dev Ctries*. 2016; 10: 165-172.
- Millán B, Araque M, Ramírez A. Determination of enterotoxigenic and detection of virulence genes in *Escherichia coli* isolated from raw milk. *RSVM*. 2015; 35(2): 86-92.
- Millán B, Araque M, Ramírez A. Distribution of phylogenetic groups, virulence factors and antimicrobial susceptibility in strains of enteropathogenic *Escherichia coli*. *Rev. Chil. Infectol*. 2020; 27(2): 111-122.
- Cuadra-Hernández F, Pérez-Castro A, Labriola L, et al. Molecular characterization of multi-drug resistant Gram-negative bacilli producing cathepsin-associated urinary tract infections in internal medicine services of a Venezuelan university hospital. *AJID*. 2017; 4(1): 341000.

Póster: bacteriología



ENSAYO IN VITRO DEL EFECTO ANTIMICROBIANO DE EXTRACTOS ACUOSOS Y ETANOLICOS DE PLANTAS DE USO MEDICINAL SOBRE MICROORGANISMOS DE ORIGEN CLINICO

Iván Amaya^{1,2}, Beverly Lozada¹, Diomary Pérez¹, Luis López¹, Gabriela Mejías¹, Cainely Cruz¹, María Eugenia Navarrete¹, Sebastián García¹, Carlos Rojas¹, Félix Casares¹, Luis Zambrano¹, Fernando Linares^{1,2}, Cruz González^{1,2}, Ignacio Rodríguez^{1,2}, Angélica González¹, María Daniela Pérez¹, Ytalia Blanco^{1,2}

¹Departamento de Parasitología y Microbiología, Escuela de Ciencias de la Salud, UDO-Bolívar.
²Laboratorio 42 Centro Especializado de Investigación Clínica, Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela. iamaya@udo.edu.ve



Introducción

Según la OMS, la medicina tradicional es una parte importante y con frecuencia subestimada de los servicios de salud. Se considera que 88% de la población mundial utiliza las hierbas medicinales. Uno de los inconvenientes al estudiar el efecto antimicrobiano in vitro de las plantas de uso medicinal es la variedad de métodos y procedimientos disponibles, que no permiten poder hacer comparaciones más confiables entre investigaciones en diversas regiones

Objetivo

Se propuso estandarizar el ensayo in vitro de efecto antimicrobiano de diferentes plantas de uso medicinal tradicional, basados en el método de obtención tradicional y la modificación de las técnicas de confección de discos de sensibilidad y la técnica de Kirby Bauer y la respectiva estimación de la actividad inhibitoria.

Metodología

Se realizó previamente una encuesta en sectores populares de Ciudad Bolívar, estado Bolívar, a fin de identificar las plantas más frecuentemente usadas, se interrogó acerca de la preparación y sus usos. Se replicaron en el laboratorio, bajo condiciones controladas y estandarizadas las preparaciones tipo decocción de 10 plantas de uso frecuente como antibióticos, se confeccionaron discos de sensibilidad con los preparados y diluciones seriadas de los mismos. Se utilizaron cepas aisladas de muestras clínicas, (*Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli*; *Klebsiella pneumoniae*, *Candida albicans*) identificadas y estudiadas en cuanto a la susceptibilidad y presencia de mecanismos de resistencia.



Resultados

Ninguna de las plantas utilizadas con fines medicinales presentó actividad antimicrobiana sobre las cepas ensayadas.

Conclusiones

Las técnicas realizadas pudieron estandarizadas, demostraron ser reproducibles y factibles de ser utilizadas para futuros estudios de extractos totales de plantas

Plantas usadas con fines medicinales		
Nombre Común	Nombre científico	%
Anís estrellado	<i>Illicium verum</i>	81
Citronella	<i>Cymbopogon nardus</i>	76
Toronjil	<i>Melissa officinalis</i>	53
Orégano oregano	<i>Plectranthus amboinicus</i>	35
Coquebana	<i>Azulegia spp</i>	29
Orégano	<i>Origanum vulgare</i>	29
Sábila	<i>Aloe vera</i>	29
Eucalipto	<i>Eucalyptus obliqua</i>	29
Acetaminofén/Atamél	<i>Peumus botius</i>	18
Tua Túa Morada	<i>Jatropha gossypifolia</i>	18
Fregosa	<i>Capriaria biflora</i>	18
Limón	<i>Citrus limon</i>	18
Mastamadre	<i>Chenopodium concosum</i>	12
Caluche	<i>Annona cherimola</i>	12
Culantro	<i>Eryngium foetidum</i>	12
Anísito	<i>Tagetes lucida</i>	12
Flor de Jamaica	<i>Hibiscus sabdariffa</i>	12
Jengibre	<i>Zingiber officinale</i>	12
Moringa	<i>Moringa oleifera</i>	6



Preparación de las distintas diluciones



Póster: bacteriología



ESTANDARIZACIÓN Y VALIDACIÓN DE UNA PCR CONVENCIONAL PARA EL DIAGNÓSTICO DE LA ENFERMEDAD POR ARAÑAZO DE GATO EN EL INSTITUTO NACIONAL DE HIGIENE "RAFAEL RANGEL". COMPARACIÓN CON UN MÉTODO SEROLÓGICO



Daniel Buvat de Virgini, Jesús Torres-Coy y Marta Cardona-Escobar

Laboratorio de Enfermedades Zoonóticas y Metaxénicas Bacterianas.
 Coordinación de Bacteriología. Dirección General de Diagnóstico y Vigilancia Epidemiológica.
 Instituto Nacional de Higiene "Rafael Rangel". Caracas, Venezuela.
 Email: labzoonosisbacterianas.inhrr@gmail.com

INTRODUCCIÓN

Bartonella henselae (Bh) es una bacteria gran-negativa intraeritrocitaria causante de la Enfermedad por Arañazo de Gato (EAG), la cual es una zoonosis bacteriana de amplia distribución mundial [1]. La forma típica se presenta con linfadenopatía local, fiebre, cefalea y fatiga, siendo los niños y adolescentes en contacto con gatos los más afectados. Formas atípicas de la enfermedad pueden presentarse con fiebre prolongada sin linfadenopatía, endocarditis, granuloma hepatoesplenomegálico, angiomas bacilar y neuroretinitis [2]. El aislamiento de Bh resulta laborioso debido a las exigencias del cultivo en medio sólido (requerimiento de hemina, atmósfera del 5% CO₂ y períodos prolongados de incubación a ± 37°C), por lo cual se han desarrollado métodos moleculares y serológicos [3]. En Venezuela, el diagnóstico era clínico-epidemiológico sin confirmación por laboratorio, desconociéndose así su incidencia. Por ende, se propuso estandarizar e implementar una PCR convencional y validar su poder diagnóstico mediante comparación con un método comercial serológico.

METODOLOGÍA

Se estandarizó e implementó bajo condiciones del laboratorio una PCR convencional basado en el gen *gItA* [4]. Para la validación se realizó un estudio observacional, prospectivo y transversal con una población de 37 pacientes remitidos al INHRR entre octubre de 2022 a marzo de 2024 con clínica y epidemiología compatible por EAG (síndrome adenomegálico y contacto y/o arañazo de gato). Todos los pacientes fueron analizados por la PCR implementada (36 muestras de sangre completa y 1 secreción de ganglio) y por serología siguiendo las instrucciones del fabricante (IFI-IgG Vircell®). Se consideró infección reciente la detección de títulos de IgG ≥ 256 en suero único o un aumento de cuatro veces el título en sueros pareados.



Se calcularon los valores de sensibilidad (S), especificidad (E), valores predictivos positivo (VPP) y negativo (VPN) e índice kappa (κ) para la prueba de PCR.

RESULTADOS

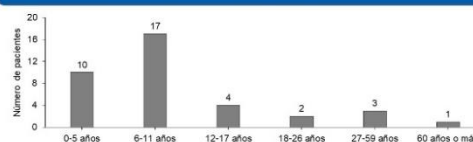


Figura 1: Distribución por grupo etario de la población analizada (n=37)

Los pacientes menores de 17 años comprendieron el 84 % (31/37) de la población analizada, siendo los de mayor incidencia jóvenes entre 6 a 11 años (17/37, 46%) (Fig. 1). La media de edad de la población fue 12 años (0-25 años). No se evidenció una diferencia significativa en cuanto al sexo de la población analizada (Fig. 2). Solo el 54% (21/37) de la población manifestó haber sido arañado por gato.

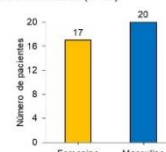


Figura 2: Distribución de los pacientes de acuerdo al sexo.

Se obtuvo el amplicón esperado de 345 pb (Fig. 3). Se determinó que los cebadores son específicos para *Bartonella* cuando utilizamos ADN de referencia de otros patógenos zoonóticos bacterianos como: *Rickettsia rickettsii*, *Rickettsia typhi*, *Orientia tsutsugamushi*, *Leptospira interrogans* y *Borrelia burgdorferi* (datos no mostrados). El límite de detección de la PCR fue de 35 copias/μL (datos no mostrados).

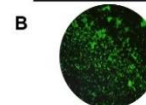
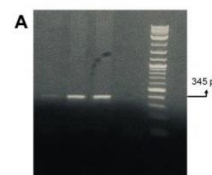


Figura 3: Resultados de PCR (A) e IFI-IgG (B) para la detección de *Bartonella* sp. Carril 1: muestra de sangre. Carril 2: secreción de ganglio. Carril 3: control positivo Bh. Carril 4: control negativo. Carril 5: Marcador de peso molecular de 100 pb.

La positividad por PCR fue del 27% (10/37, 9 muestras de sangre y la secreción de ganglio), mientras que por IFI-IgG fue del 35% (13/37). Con base a estos resultados se realizó una tabla dicotómica para determinar los parámetros diagnósticos de validación de la PCR (ver Tabla 1).

Tabla 1: Resultados de IFI vs PCR en pacientes analizados y con diagnóstico presuntivo de EAG (n=37)

	IFI +	IFI -	Total
PCR +	8	2	10
PCR -	5	22	2
Total	13	24	37

S: 62%
 E: 92%
 VPP: 80%
 VPN: 81%
 K: 0,81

CONCLUSIÓN

La PCR implementada demostró una alta especificidad, VPP y VPN. La sensibilidad analítica de la PCR mostró ser mayor en la muestra de secreción de ganglio que en sangre completa, lo cual pudo haber influido en el valor obtenido, por lo que se recomienda el uso de muestras de secreción/aspirado de ganglio. Aún cuando no hay un método estándar consenso, el INHRR como centro de referencia nacional emplea las pruebas de PCR e IFI-IgG simultáneamente, elevando así la confirmación de casos por esta patología.

REFERENCIAS

- [1] Armitano, R., et al. (2018). *Rev. Arg. Microb.*, 50(4), 365-368.
- [2] Sandoval, A. C., et al. (2020). *The Pediatric Infectious Disease Journal*, 39(10), 889-893.
- [3] Koutantou, M., et al. (2023). *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*.
- [4] Norman, A. y col. (1995). *Journal of clinical microbiology*, 33(7), 1797-1803.

Póster: bacteriología



RESISTENCIA A LOS ANTIBIÓTICOS EN BACTERIAS DEL AGUA DE UN LAGO CRATERICO VOLCÁNICO DEL ECUADOR.

Félix Andueza Leal ^{a, d, e}, Judith Araque Rangel ^{b, d} Marco González Escudero ^c, Carmina Rodríguez Fernández ^e

^a Universidad Central del Ecuador, FIGEMPA. Carrera de Ingeniería Ambiental.

^b Universidad Central del Ecuador. Facultad de Ingeniería Química. Lab. de Microbiología. Quito. Ecuador.

^c Universidad Politécnica Salesiana. Facultad de Odontología. Quito. Ecuador

^d Universidad de los Andes. Facultad de Farmacia y Bioanálisis. Mérida. Venezuela.

^e Universidad Complutense de Madrid. Facultad de Ciencias Biológicas. Madrid. España.

fandueza@uce.edu.ec

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

Se conoce muy poco de la resistencia a los antibióticos en bacterias ambientales. Se ha sugerido el enfoque "One health" para investigar el fenómeno de la resistencia a los antibióticos. En Ecuador se han hecho pocos estudios sobre la biodiversidad de bacterias resistentes a los antibióticos en el agua y su relación con la salud humana (Andueza y col., 2023). Investigaciones realizadas en los últimos años en ecosistemas acuáticos extremos para la vida, como glaciares, lagos volcánicos y aguas termales, han revelado una diversidad de microorganismos con resistencia natural a los antibióticos que han sobrevivido y desarrollado en estos ambientes (Paun y col., 2021). Se han adaptado a las condiciones extremas imperantes (González y col., 2020), constituyendo un reservorio natural de resistencia a los antibióticos llamados resistomas ambientales, que han sido poco estudiados. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue conocer los perfiles de resistencia a los antibióticos de cepas bacterianas aisladas de un lago de craterico volcánico en Ecuador.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se lograron aislar e identificar 17 cepas de bacterias de los género *Aeromonas*, *Bacillus* y *Pseudomonas*. Los perfiles de resistencia a los antibióticos indican multiresistencia en la especies *Aeromonas schubertii* (Amoxicilina/ácido clavulánico, aztreonam, eritromicina y gentamicina), *Bacillus kochii* (Clindamicina, eritromicina y oxacilina) y *Pseudomonas putida* (Ampicilina, gentamicina y trimetropim/sulfametoxazol).



Fig. 2. Lago craterico volcánico Quilotoa

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron 16 muestras del agua del lago Quilotoa situado en la provincia de Cotopaxi, Ecuador a una altitud de 3914 m.s.n.m.



Fig. 1. Lago Volcánico craterico Quilotoa. Cotopaxi. Ecuador. 3914 msnm

El aislamiento de las colonias bacterianas se realizó mediante la técnica de filtración por membrana, utilizando filtros Millipore de poro de 0,45 µm, un volumen de muestra de 100 mL y agar R2A (Fig. 2)

Las cepas aisladas y purificadas fueron identificadas siguiendo los esquemas de MacFaddin (2004), complementados con las pruebas bioquímicas de las galerías de Microgen.

El perfil de resistencia a los antibióticos se determinó por el método de difusión en placas de Kirby y Bauer (1966) interpretándose según el CLSI (2019).

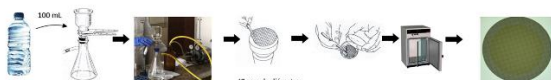


Fig. 2. Técnica de filtración en membrana

CONCLUSIONES

Los lagos de cratericos volcánicos no son ambientes estériles. En el ambiente oligotrófico de estos ecosistemas se han adaptado diversos tipos de microorganismos, muchos de los cuales pueden crecer en medios de cultivo y ser cuantificados y caracterizados. Los resultados indican la presencia de una diversidad de resistomas bacterianos en el agua de los lagos volcánicos e indican la necesidad de estudios frecuentes y estacionales para comprender mejor estos hallazgos ecológicos, evidenciando la necesidad de tener un enfoque investigativo basado en "One Health", para poder abordar el problema de la resistencia a los antibióticos incluyendo la parte ambiental

AGRADECIMIENTO

A la Dirección de Investigación de la Universidad Central del Ecuador por el financiamiento a través del proyecto 045.

BIBLIOGRAFÍA

. Andueza F., Araque J.; González M.; Viteri F.; Villacis L.; Chávez A.; Guerrón R.; Guillen M.; González-Romero A.; Medina G.; Alviarez E. Bacterias resistente a los antibióticos en aguas minero medicinales "Santagua Chachimbiro", Ecuador. Anales de la Real Academia Nacional de Farmacia. 2023, Vol. 89 (4):441-450.
 . Bauer AW, Kirby MM, Sherris JC, Truck M. Antibiotic susceptibility testing by a standardized single disk method. Am. J. Clin. Pathol. 1966; 45(4): 493-496
 . Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Performance standards for antimicrobial susceptibility testing Clinical and laboratory Standards Institute Wayne, PA. 2019.
 .. González, M.; Acuña, J.; Escobar, J.; Viteri, F.; Villacis, L.; Parra, Y.; Araujo, L.; Araque, J.; Andueza, F. Calidad fisicoquímica del agua de la laguna volcánica craterica Quilotoa. Cotopaxi. Ecuador. Rev. Perspectiva. 2020, Vol. 21(1): 71-83.
 . MacFaddin J. Pruebas bioquímicas para la identificación de bacterias de importancia clínica. Tercera edición. Editorial médica Panamericana. Buenos Aires. Argentina. 2003.
 . Paun VI, Lavin P, Chifiriu MC, Purcarea C. First report on antibiotic resistance and antimicrobial activity of bacterial isolates from 13,000-year-old cave ice core. Sci. Rep. 2021; 11: 514.

Póster: bacteriología



MICROBIOTA BACTERIANA VIABLE CULTIVABLE EN AGUAS TERMALES MINEROMEDICINALES DEL BALNEARIO TERMAS DE NANGULVI. IMBABURA. ECUADOR

Steven Bravo Avila ^a, Judith Araque Rangel ^b, Félix Andueza Leal ^{a, c}

^a Universidad Central del Ecuador, FIGEMPA. Carrera de Ingeniería Ambiental.

^b Universidad Central del Ecuador. Facultad de Ingeniería Química. Laboratorio de Microbiología. Quito. Ecuador.

^c Universidad de los Andes. Facultad de Farmacia y Bioanálisis. Mérida. Venezuela.

fdandueza@uce.edu.ec

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

Los manantiales de aguas termales mineromedicinales constituyen ecosistemas acuáticos cuyas aguas se las consideran como medicamentos desde hace varios siglos (Rodrigo y Andueza, 1713; Armijo & San Martín, 1994), debido a las repercusiones que tienen sobre la salud las propiedades fisicoquímicas, microbiológicas y químicas que presentan (De la Rosa y Mosso, 2000). En la actualidad un gran número de personas acuden a los balnearios de aguas termales mineromedicinales de varias partes del mundo para buscar alivio a diferentes tipos de patologías, constituyendo una industria de salud y esparcimiento con repercusiones positivas en los sistemas de salud de los países, sobre todo europeos y asiáticos (Gianfaldoni y col., 2017). En Latinoamérica aún es un tema pendiente de investigar, aunque se utilizan ampliamente por la población, sobre todo en países como Ecuador y Venezuela (Gutiérrez y col., 2018, Andueza y col. 2023). En este sentido, se planteó la presente investigación para determinar la microbiota bacteriana viable cultivable de las aguas termales mineromedicinales de un balneario en Ecuador

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron muestras de agua termal pertenecientes a las piscinas y las nacientes de las termas del balneario Nangulvi, situado en Cotacachi (Fig. 1 y Fig. 2), provincia de Imbabura, Ecuador, a una altitud de 3000 m.s.n.m.



Fig. 1. Termas del Balneario Nangulvi, Cotacachi. Imbabura. Ecuador. 3000 msnm

El aislamiento de las colonias bacterianas se realizó mediante la técnica de filtración por membrana, utilizando filtros Millipore de poro de 0,45 µm, un volumen de muestra de 100 mL y utilizando el agar R₂A y medios de cultivos específicos para diferentes grupos bacterianos (Fig. 3).

Las cepas aisladas y purificadas fueron identificadas siguiendo los esquemas propuestos por MacFaddin (2003), complementados con las pruebas bioquímicas de las galerías de Microgen.



Fig. 3. Técnica de filtración en membrana

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se aislaron e identificaron 27 cepas de las especies de bacterias *Achromobacter xylosoxidans*, *Aeromonas hydrophila*, *Alcaligenes faecalis* tipo 11, *Bacillus* spp, *Escherichia coli*, *Moxarella* spp, *Pseudomonas aeruginosa* y *Vibrio damcela*.



Fig. 2. Balneario termas de Nangulvi

CONCLUSIONES

Se observa un claro predominio de bacterias del grupo de las Gammaproteobacteria Gram negativas viables cultivables, aunque en número escaso.

La biodiversidad bacteriana encontrada es diferente a la observada en otros balnearios de aguas termales en el Ecuador, lo cual corrobora nuevamente lo indicado por diversos investigadores de que cada manantial termal presenta una microbiota bacteriana específica, que depende de las propiedades fisicoquímicas y químicas de sus aguas

AGRADECIMIENTO

A la Dirección de Investigación de la Universidad Central del Ecuador por el financiamiento a través del proyecto 2022-045.

BIBLIOGRAFÍA

. Andueza Leal, F. D., Araque Rangel, J., González Escudero, M., Sacoto, D., León Leal, F. A., Gutiérrez, M. G., Flores, S., Escobar Arrieta, S., & Medina Ramírez, G. Biodiversidad bacteriana en aguas de balnearios mineromedicinales de Ecuador y Venezuela. FIGEMPA: Investigación y Desarrollo, 2023, 15(1), 56-77.

. Armijo, M. & San Martín, J. Curas Balnearias y Climáticas. Ed. Complutense. Madrid. España. 1994.

. De la Rosa, M.C. & Mosso, M.A. Diversidad microbiana de las aguas minerales termales. En: Panorama actual de las aguas minerales y minero-medicinales de España. Instituto Tecnológico Geominero de España. Madrid. España. 2000.

. Gianfaldoni, S., Tchernev, G., Wollina, U., Rocca, M.G., Fioranelli, M., & Lotti, T. History of the Baths and Thermal Medicine. Open Access Maced J Med Sci, 2017, 23; 5(4), 566-8.

. Gutiérrez, M.G., Andueza, F., Araque, J., Lugo, A. & Chacón, Z. Caracterización microbiológica y potencial biotecnológico de microorganismos aislados de las aguas termales de la Musuy, Municipio Rangel del Estado Mérida. Venezuela. Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología, 2018, 38 (1): 27-32.

. MacFaddin J. Pruebas bioquímicas para la identificación de bacterias de importancia clínica. Tercera edición. Editorial médica Panamericana. Buenos Aires. Argentina. 2003.

. Rodrigo y Andueza, M. Libro de los prodigiosos baños de Thyermas. Pamplona. Biblioteca Nacional de España. Madrid. España. 1713.

Póster: bacteriología



Klebsiella spp Y OTROS MICROORGANISMOS DE INTERÉS MÉDICO EN SUPERFICIES DE TELÉFONOS MÓVILES USADOS POR EL PERSONAL DEL SERVICIO DE TRAUMATOLOGÍA, COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO "RUIZ Y PÁEZ". CIUDAD BOLÍVAR, ESTADO. BOLÍVAR

Iván Amaya^{1,2}, Carlos Leal¹, Michelle Salazar¹, Fernando Linares^{1,2}.

¹Departamento de Parasitología y Microbiología. Escuela de Ciencias de la Salud, UDO-Bolívar.
²Laboratorio 42 Centro Especializado de Investigación Clínica. Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela. iamaya@udo.edu.ve



Introducción

Los teléfonos celulares son una herramienta fundamental para el personal de salud, pues les permite contactar a quien necesiten y acceder rápidamente a bibliotecas de información, sin embargo, en el ambiente hospitalario suelen encontrarse muchas bacterias de forma ubicua, que logran contaminar la superficie de los teléfonos y al momento de la manipulación del mismo, contaminar las manos del personal, aumentando el riesgo de contaminación cruzada entre estos y los pacientes.

Las bacterias que se encuentran en los ambientes hospitalarios se asocian a infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS), además suelen tener numerosos mecanismos de resistencia que pueden llegar a comprometer la vida del paciente o en su defecto aumentar el tiempo de permanencia en el hospital.

Objetivo

Demostrar presencia *Klebsiella* spp y otras bacterias contaminantes en la superficie de teléfonos celulares del personal del servicio de Traumatología del Complejo Hospitalario Universitario "Ruiz y Páez". Ciudad Bolívar, estado. Bolívar

Metodología

Se tomaron 22 muestras de la superficie de igual número de teléfonos móviles del personal del servicio estudiado

- Para la toma de muestra se usó la técnica del hisopado. Con un hisopo estéril, el cual estaba humedecido con solución salina fisiológica al 0.9%,
- Después de obtener la muestra, inmediatamente se colocó el hisopo en un tubo de ensayo estéril con el caldo tioglicolato, cada uno previamente identificado.

Procesamiento de laboratorio

- Las muestras fueron procesadas en el Laboratorio bacteriológico Dr Sócrates Medina, Escuela de Ciencias de la Salud, Departamento de Parasitología y Microbiología
- En el laboratorio, la muestra inoculada en caldo tioglicolato se incubará a 35°C durante 24 horas. Una vez incubada se tomará del caldo dos asadas y se resembrará por estría en los siguientes medios de cultivo: Agar Sangre y Agar MacConkey que permitió el aislamiento de enterobacterias. se incubaron a 35°C durante 24 horas. A partir de las colonias bacterianas que crecieron en el agar MacConkey, se realizarán las pruebas bioquímicas para conocer el género y especie de las bacterias, además se sembrarán en agar Müller-Hinton, para la realización de antibiograma.

Resultados

Se observó que la totalidad de los dispositivos se encontraba contaminados, en mayor proporción por bacilos no fermentadores de glucosa en 68.2% y en un 31.8% por enterobacterias, siendo predominante *Klebsiella pneumoniae*, con 22.7%. Según las pruebas de susceptibilidad aplicadas se encontró que estas presentaban dos mecanismos de resistencia a los antibióticos, en 60% tanto Carbapenemasas de tipo Metallo β -lactamasa y β -lactamasa de espectro extendido BLEE y en un 40% solo β -lactamasa de espectro extendido BLEE

GERMENES AISLADOS EN SUPERFICIE DE LOS TELÉFONOS MÓVILES DEL PERSONAL DEL SERVICIO DE TRAUMATOLOGÍA. CHU."RUIZ Y PÁEZ. CIUDAD BOLÍVAR, ESTADO BOLÍVAR

Microorganismo	N	%
Complejo <i>Acinetobacter</i>	6	27,3
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	5	22,7
<i>Pantoea agglomerans</i>	5	22,7
<i>Aeromonas</i> spp	2	9,1
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1	4,5
<i>Pseudomonas stutzeri</i>	1	4,5
<i>Shigella</i> spp	1	4,5



Mecanismo de resistencia	n	%
Carbapenemasas de tipo Metallo β -lactamasa y β -lactamasa de espectro extendido BLEE	3	60,0
Carbapenemasas de tipo Metallo β -lactamasa	2	40,0



Conclusiones

- La totalidad de los teléfonos celulares investigados estaban contaminados con al menos alguna especie bacteriana.
- El grupo bacteriano más aislado fueron los bacilos Gram Negativos no fermentadores (BNFG), seguidos de las Enterobacterias.
- El microorganismo más frecuentemente aislado fue el complejo *Acinetobacter*, mientras que *Klebsiella pneumoniae* se ubicó en el segundo lugar.
- Todas las cepas de *Klebsiella pneumoniae* aisladas presentaron mecanismos de resistencia, Carbapenemasas de tipo Metallo β -lactamasa y uno combinado con Carbapenemasas de tipo Metallo β -lactamasa y β -lactamasa de espectro extendido BLEE.

Referencias bibliográficas

• Espinoza, A. 2017. Contaminación de bacterias patógenas en teléfonos celulares del personal de salud del hospital Daniel Alcides Carrión - Hoacayco. Trabajo de grado. Facultad de ciencias de la salud. Universidad Peruana los Andes. pp 80. (Multigráfico).

• Herrera, A. Jesús, M. Muñoz, T. Nuyedih, M. Zavalta, Z. Antonio, M. 2018. Contaminación bacteriana y tipo de bacterias en teléfonos celulares del personal de salud en la unidad de cuidados intensivos, hospital nacional 2017. Trabajo de Ascenso. Facultad de enfermería. Universidad Peruana Cayetano Heredia. pp 35. (Multigráfico).

• Escano, V. E. 2020. Bacterias patógenas asociadas a teléfonos móviles del personal de salud que labora en unidad de cuidados intensivos. Trabajo de grado. Facultad de medicina humana. Universidad privada Antenor Orrego. pp 46. (Multigráfico).

• Pazmiño, V., Joyce, A. 2020. Rol de las porinas OmpK35 y OmpK36 relacionadas a las resistencias a betalactámicos en *Klebsiella pneumoniae*. Trabajo de grado. Facultad de Ciencias Químicas. Universidad Central del Ecuador. pp99. (Multigráfico).

• Paz Montes, A., Puenmayor Hoscán, A., Sandra, L., Colmanes, J., Marín, M., Rodríguez, E. 2015. Riesgo microbiológico asociado al uso de teléfonos móviles en laboratorios clínicos hospitalarios de Maracaibo-Venezuela. *Kasner. Invest Clin* 43(2): 148-157.