



Archivos Académicos USFQ

Memorias Segundo Congreso Nacional de Microbiología Molecular y Aplicada

Archivos Académicos USFQ

Número 15

Memorias del Segundo Congreso Nacional de Microbiología Molecular y Aplicada

Editor General:

Antonio Machado

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Instituto de Microbiología, Quito, Ecuador

Comité Editorial:

David Valencia, Patricia Cárdenas, Diego Andrade, Alex Lalama Paredes

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Quito, Ecuador.

Editorial USFQ Universidad San Francisco de Quito

Diciembre 2018, Quito, Ecuador

Catalogación en la fuente: Biblioteca Universidad San Francisco de Quito USFQ, Ecuador

Esta obra es publicada bajo una [Licencia Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0 Internacional \(CC BY-NC 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).



Citación recomendada de toda la obra: Machado, A. (2018). Memorias del 2do Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada. Archivos Académicos USFQ 15, 126 pp.

Archivos Académicos USFQ

ISSN: 2528-7753

Editor de la Serie: Diego F. Cisneros-Heredia

Archivos Académicos USFQ es una serie monográfica multidisciplinaria dedicada a la publicación de actas y memorias de reuniones y eventos académicos. Cada número de *Archivos Académicos USFQ* es procesado por su propio comité editorial (formado por los editores generales y asociados), en coordinación con el editor de la serie. La periodicidad de la serie es ocasional y es publicada por la Editorial USFQ Universidad San Francisco de Quito.

Más información sobre la serie monográfica *Archivos Académicos USFQ*:

<http://archivosacademicos.usfq.edu.ec>

Contacto:

Universidad San Francisco de Quito, USFQ

Att. Diego F. Cisneros-Heredia | Archivos Académicos USFQ

Calle Diego de Robles y Vía Interoceánica

Casilla Postal: 17-1200-841

Quito 170901, Ecuador

El uso de nombres descriptivos generales, nombres comerciales, marcas registradas, etc. en esta publicación no implica, incluso en ausencia de una declaración específica, que estos nombres están exentos de las leyes y reglamentos de protección pertinentes y, por tanto, libres para su uso general.

La información presentada en este libro es de entera responsabilidad de sus autores. La Editorial y los editores presumen que la información es verdadera y exacta a la fecha de publicación. Ni la Editorial, ni los editores, ni los autores dan una garantía, expresa o implícita, con respecto a los materiales contenidos en este documento ni de los errores u omisiones que se hayan podido realizar.

**Memorias del
Segundo Congreso de Microbiología Molecular y
Aplicada**

Antonio Machado
Editor



Organizaciones Auspiciantes

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Instituto de Microbiología, American Society for Microbiology ASM



Con el gentil apoyo de

Dipco Cía.Ltda (Quito, Ecuador), Gustavo Venegas Representaciones (Quito, Ecuador), Merck representaciones (Quito, Ecuador), Purifluidos CIA.LTDA (Quito, Ecuador), SIMED Equipos y Dispositivos Médicos y de Laboratorio (Quito, Ecuador).



Organizadores del Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada:

Antonio Machado, David Valencia, Ana Cristina Chávez, Teresa Guerrero, Paúl Cárdenas, Diego E. Andrade Brito, Patricia Cárdenas Lopez, Alex Marcelo Lalama Paredes, Stefanie U. Proaño Arias, Gabriela Dayana Zambrano Torres, Heydi L. Tonguino Chasipanta, Jordan Daniel Black Guevara, Mayte E. Baquero Aldaz, Claudia G. Oña Arias, Erick Andres Moreta Urbano, Robert J. Rodriguez Arias, Jorge Isaac Jaramillo Muñoz, Andrea C. Vargas Chafra, Deyanira S. Posso Ayala

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Quito, Ecuador.

Expositores orales:

Antonio Machado, Gabriel Trueba, Paúl A. Cárdenas, Antonio León, Sonia Zapata, Pedro Aponte, Verónica Barragán, Lorena Mejía, Pieter Van` t Hof, Daniel Garzón, Andrés Carrazco, Pamela Borja, María Aracely Zambrano, Ana María Salinas
Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Quito, Ecuador.

Enrique Terán, Andrés Caicedo
Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias de la Salud, Quito, Ecuador.

Alexander David Silva Guachamín, Santiago Xavier Mafla Andrade
Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Ecuador.

Liseth Alexandra Salinas Toledo
Universidad de las Américas UDLA, Quito, Ecuador.

Ana Maria Hidalgo Almeida, Gabriela Vasco
Universidad Central del Ecuador UCE, Quito, Ecuador.

Carlos Arturo Barba Ostria
Universidad Técnica de Ambato UTA, Ambato, Ecuador.

Linda Priscila Guamán Bautista, Patricio Rojas Silva
Universidad Tecnológica Equinoccial UTE, Quito, Ecuador.

Daniela Jaikel Víquez, Stefany Lozada Alvarado
Universidad de Costa Rica UCR, San José, Costa Rica.

Darío Javier Cruz Sarmiento, Stefania Cevallos Solorzano, Zorayda Patricia Toledo Barrigas
Universidad Técnica Particular de Loja UTPL, Loja, Ecuador.

Cristina Polo
SIMED - Equipos y Dispositivos Médicos y de Laboratorio, Quito, Ecuador.

Expositores de póster:

Verónica Barragán, David Pacha Herrera, Ana María Salinas, Diana Sofía Mollocana
Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Quito,
Ecuador.

Mayra Ortega Ortega, Radmila Francesca Velarde Martinez
Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias de la Salud, Quito, Ecuador.

Saidy Liceth Vásconez Noguera, Andrea Carolina Sarmiento Ninahualpa, Marco Antonio
Santacruz Pozo, Andrés Sebastián Méndez Morales, Bayron Orlando Guevara Garzón
Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Ecuador.

Pamela Mishell Mosquera Carrera, Valeria Jessenia Faz Tapia
Universidad de las Américas UDLA, Quito, Ecuador.

Mariuxi Paola Cervantes Jativa, Yessenia Belén Brito Cuichán, Josselyn Andrea Sandoval
Egas, Vanessa Katherine Moreta Ochoa, Andrea Belén Bastidas León
Universidad Central del Ecuador UCE, Quito, Ecuador.

Sofia Abigail Taday León
Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, Quito, Ecuador.

Karina Cecibel Alulima Carrón
Universidad Técnica Particular de Loja UTPL, Loja, Ecuador.

Juliana Nicole Campos Cino
Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública INSPI-LIP, Guayaquil, Ecuador.

Favio Eduardo Herrera Eguez
Universidad Técnica del Norte UTN, Ibarra, Ecuador.

Karol Patricia Torres Yepes
Universidad Industrial de Santander UIS, Bucaramanga, Colombia.

Carolina Paola Duré Paredes, Sonia Edit Abente Acosta
Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Asunción UNA, Paraguay.

Natali Fernanda Villalta Briones
Universidad de Granada UGR, Granada, España.

Paula Andrea Leoro Garzon
Inmunolab - Laboratorio Clínico Inmunolab, Av. Gran Colombia N13-18 y Julio Castro, Quito, Ecuador.

Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada

El Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada (MMA) de la Universidad San Francisco de Quito USFQ se desarrolló del 31 de julio al 03 de agosto del 2018 en el Teatro Shakespeare del Paseo San Francisco (Cumbayá), brindando un espacio para la actualización, discusión e intercambio sobre el papel de la microbiología en el enfrentamiento de las enfermedades de gran impacto como las infecciosas, ambientales, alimentarias e industriales. Los avances en el conocimiento de los problemas del área de microbiología, su diagnóstico, epidemiología y patología fueron abordados mediante presentaciones orales, talleres y posters.

Con la necesidad emergente de mejorar la calidad de vida de la población ecuatoriana y el nivel de investigación nacional, el Instituto de Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito USFQ en alianza estratégica con sus colaboradores externos, como la Universidad Técnica Particular de Loja UTPL y la Universidad Central de Ecuador UCE, tuvieron el agrado y el honor de presentar el Segundo Congreso MMA de la USFQ.

Este congreso buscó exponer estudios de investigación de los distintos microorganismos, sus interacciones con el medio ambiente, la salud y los sectores industriales y alimentarios. Además, este evento también incentivó futuras colaboraciones de investigación en las áreas aplicadas de microbiología en Ecuador, uno de los países con mayor diversidad biológica en el mundo.

Los temas fundamentales de este congreso fueron divididos en 4 días diferentes: Microbiología clínica (31 de julio), Microbiología de alimentos (01 de agosto), Microbiología industrial (02 de agosto), Microbiología aplicada y biotecnología (03 de agosto).

El evento contó con la participación de diversos investigadores asociados al Instituto de Microbiología de la USFQ, así como investigadores invitados de la UTPL e investigadores colaboradores de la UCE. Igualmente, otros investigadores nacionales e internacionales fueron invitados y seleccionados a través de los resúmenes y perfiles de investigación presentados al comité organizador del congreso MMA. Entre los investigadores asociados al Instituto de Microbiología, se encuentran investigadores que realizaron su doctorado en las más diversas partes del mundo, específicamente: Estados Unidos, Francia, España y Portugal. Ellos presentaron sus experiencias en temas como: Evolución Microbiana, Transmisión de Enfermedades por Vectores y

Parásitos, Diagnóstico de Patógenos de Origen Ambiental y Alimentario, Tratamiento de Enfermedades Víricas y de Otra Naturaleza, Biorremediación a través de Microorganismos, Caracterización de la Patogenicidad y Virulencia de Enfermedades Infecciosas en la Población Ecuatoriana, y Biotecnología y Biología Sintética en el área de Microbiología.

Durante cuatro días se abordaron los temas anteriormente citados y una propuesta de tratamiento de las patologías presentadas y aspectos de Microbiología clínica, Microbiología de alimentos, Microbiología industrial y Microbiología aplicada y biotecnología.

Conjuntamente a las exposiciones orales y pósteres, el comité organizador planificó y realizó diferentes talleres con las temáticas referentes a cada día del Congreso MMA, como se aparece a continuación:

Taller 1: Microbiología Clínica – *Lectura interpretada del antibiograma*; 3h de duración; día 31 de julio (Profesora: Cristina Chávez)

Taller 2: Microbiología de Alimentos – *Recuento y reporte de microorganismos en alimentos*; 2-3 h de duración; día 01 de agosto (Profesora: Teresa Guerrero)

Taller 3: Microbiología Industrial – *Diseño in silico de sondas de fluorescencia para la detección de microorganismos*; 2-3h de duración; día 02 de agosto (Profesor: António Machado)

Taller 4: Microbiología Aplicada – *¿Cómo interpretar estudios de metagenómica en el análisis de la microbiota?*; 2-3h de duración; día 03 de agosto (Profesor: Paúl A. Cárdenas)

Perfil de los Expositores Orales del Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada



Antonio Machado

PhD en Ingeniería Biomédica desde la Universidade do Minho en Portugal; Bioquímico desde la Universidade de Évora en Portugal.

Investigaciones en los campos de la microbiología médica, enfermedades infecciosas de naturaleza bacteriana, estudios epidemiológicos y desarrollo de metodologías de investigación. Su experiencia incluye investigaciones sobre biofilms bacterianos, desarrollo de métodos de diagnóstico y caracterización de factores de virulencia. Llevo a cabo proyectos de investigación sobre la epidemiología de *Helicobacter pylori*, detección de patógenos en ríos de Ecuador y la epidemiología de infecciones vaginales en la población ecuatoriana.

Contacto: amachado@usfq.edu.ec

Tema: Evaluación de la carga microbiana y química en varios ríos de Ecuador



Gabriel Trueba

PhD en Microbiología desde la Iowa State University en Estados Unidos; Médico Veterinario desde la Universidad Central del Ecuador.

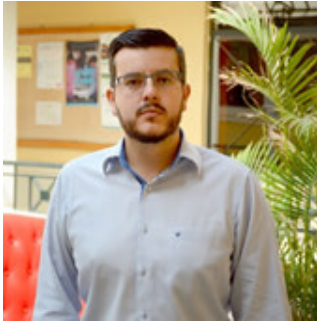
Investigaciones en los campos de enfermedades infecciosas humanas, animales y patología vegetal, evaluando la variabilidad genética para la resistencia antimicrobiana y plásmidos.

Tiene interés en la inmunología de infecciones y epidemiología molecular en relación a la distribución mundial de diferentes cepas y genes de virulencia.

Contacto: gtrueba@usfq.edu.ec

Tema: Las encrucijadas en epidemiología molecular de infecciones bacterianas

Paúl A. Cárdenas



PhD en Medicina Genómica desde la Imperial College de Londres en Reino Unido; Médico desde la Universidad Central del Ecuador.

Actualmente es profesor a tiempo completo en el Instituto de Microbiología de la USFQ y profesor adjunto en el departamento de Biología en la Universidad de North Carolina en Chapel Hill.

Investigaciones en los campos del estudio de microbioma y su relación con la salud y enfermedad en los humanos usando herramientas de genómica y bioinformática. Su experiencia incluye estudios sobre cómo el microbioma a través de la “Hipótesis de la Higiene” está relacionado con el desarrollo de asma y alergias, cómo el microbioma está relacionado con autismo y cómo los probióticos modifican el microbioma. También realizó estudios de epidemiología molecular en bacterias que causan infecciones epidémicas en hospitales, y desarrollo técnicas para identificar bacterias molecularmente sin necesidad de cultivar.

Contacto: pacardenas@usfq.edu.ec

Tema: El Microbioma Humano: estudios en Ecuador

Antonio León-Reyes



B.Sc. en Ingeniería en Agroempresas y Química, Universidad San Francisco de Quito. M.Sc. en Fitomejoramiento de Plantas y Manejo de Recursos Genéticos, Universidad Wageningen (Países Bajos). PhD en Biología Molecular de Plantas en la reconocida Utrecht University (Países Bajos). Sus líneas de investigación son el fortalecimiento del sistema inmunológico vegetal mediante el uso de inductores de resistencia y una adecuada nutrición mineral de la base para levantar la autodefensa vegetal. Ha publicado en numerosos revistas internacionales de alto factor de impacto como Plant Cell, Plant Physiology, Nature Chemical Biology, Annual review of Cell and Developmental Biology.

Contacto: aleon@usfq.edu.ec

Tema: Identificación molecular de fitopatógenos en cultivos de importancia económica en el Ecuador

Sonia Zapata



Profesora-Investigadora y Directora del Instituto de Microbiología de la USFA. Tiene su PhD en Parasitología desde la Université de Reims en Francia; Dra. en Bioquímica y Farmacia desde la Universidad Central del Ecuador.

Investigaciones en los campos del estudio de eucariotes unicelulares, conocidos comúnmente como parásitos, sus ciclos biológicos complicados y la intervención de vectores para su transmisión. También realizó estudios de epidemiología molecular en bacterias y virus a través de técnicas moleculares descifrando sus genes virulentos en los genomas estudiados.

Contacto: szapata@usfq.edu.ec

Tema: Rol de *Salmonella* y *Listeria* en la seguridad alimentaria ecuatoriana

Pedro M. Aponte



PhD en Biología Celular por la Universidad de Utrecht, Países Bajos. Es profesor principal a tiempo completo en la Universidad San Francisco de Quito en el COCIBA, área de Biotecnología Animal y colabora con la Escuela de Veterinaria de dicha Universidad.

Su principal interés de investigación está en las líneas de reproducción de animales domésticos y silvestres así como en biología de células madre. Actualmente trabaja en proyectos de conservación de germoplasma y fisiología testicular, especialmente el proceso de la espermatogénesis, tanto en el ámbito básico como aplicado. Realizo un postdoctorado en la UFMG, Belo Horizonte, Brasil en fisiología de la reproducción.

Contacto: pmaponte@usfq.edu.ec

Tema: Supervivencia de espermatozoides en tejido epididimario bovino post congelación

Verónica Barragán



Graduada de la Facultad de Biología de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, realizó sus estudios de PhD en el Pathogen Microbiome Institute en Northern Arizona University y sus estudios de maestría en Microbiología en la Universidad San Francisco de Quito. Actualmente trabaja como profesora/investigadora en la Universidad San Francisco de Quito. Su investigación se ha centrado en la detección y comprensión de la epidemiología de enfermedades zoonóticas, principalmente en Leptospirosis. Su interés principal es el estudio de la epidemiología de enfermedades zoonóticas mediante la aplicación biología molecular y genómica.

Contacto: vbarragan@usfq.edu.ec

Tema: ¿Qué tan importante es el medio ambiente dentro del ciclo de transmisión de la leptospira?

Lorena Mejía



Licenciada en Biotecnología de la Universidad San Francisco de Quito. Estudió la maestría en Microbiología en la misma universidad y ahora es estudiante de doctorado de Epidemiología Genómica de la Universitat de València, en España.

En la USFQ es responsable del Laboratorio de Microbiología de Alimentos y es docente e investigadora del Instituto de Microbiología. Sus intereses principales son el estudio de los microorganismos transmitidos por alimentos y los análisis de epidemiología genómica en bacterias.

Contacto: mmejia@usfq.edu.ec

Tema: Genomic Epidemiology of Hospital Isolates of *Legionella pneumophila*

Pieter Van` t Hof



Investigador-docente del Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales de la Universidad San Francisco de Quito. Recibió sus títulos de MSc en Ecología y Biotecnología vegetal de la Universidad de Wageningen (Países Bajos). Posteriormente, continuó su doctorado en el departamento de Biología Vegetal de la Universidad de Friburgo (Suiza).

Su principal interés de investigación se enfoca en las asociaciones planta-microorganismos, integrando macroecología funcional con microbiología molecular e aplicada. En su actualidad, está desarrollando líneas de investigación en microbiomas funcionales de diversos ecosistemas como los páramos de los Andes, la selva amazónica y las islas Galápagos.

Contacto: pvanthof@usfq.edu.ec

Tema: Microbiomas vegetales y su conocimiento en beneficio a la agricultura sostenible

Daniel Garzón Chávez



Master en Salud Pública y Medicina Tropical Universidad James Cook Australia. Profesor de tiempo completo y candidato a PhD en microbiología en la Universidad San Francisco de Quito.

Trabaja en epidemiología molecular de *Mycobacterium tuberculosis*, enfocado en la identificación de brotes epidémicos, genotipificación de poblaciones y diseño de políticas de salud para prevención y tratamiento de la población ecuatoriana.

Contacto: dgarzonc@usfq.edu.ec

Tema: Epidemiología molecular de *Mycobacterium tuberculosis*

Andrés Carrazco



Ingeniero en Procesos Biotecnológicos de la Universidad San Francisco de Quito. Está vinculado al Laboratorio de Entomología Médica y Medicina Tropical (LEMMT-USFQ), formando parte de varios proyectos de investigación para el análisis taxonómico y la detección molecular de patógenos (en vectores) que causan enfermedades tropicales.

En uno de los proyectos que continúa investigando, ha detectado por primera vez en Ecuador la presencia de la bacteria *Bartonella bacilliformis* en el flebótomo (vector) *Lutzomyia robusta*. La bacteria es de alta importancia médica porque causa la Enfermedad de Carrión o bartonelosis humana.

Contacto: andres.carrazco@hotmail.com

Tema: Molecular detection of *Bartonella bacilliformis* in sand flies (Diptera: *Psychodidae*) in the Ecuadorian-Peruvian border

Pamela Borja-Serrano



Ingeniera en Procesos Biotecnológicos de la Universidad San Francisco de Quito. Ha trabajado en estudios sobre microbiota vaginal en mujeres en edad reproductiva y en caracterización de carga microbiana y química de ríos.

Sus proyectos se concentran en el uso de técnicas de microbiología clásica y molecular para el análisis de muestras humanas y ambientales.

Contacto: pborjas@estud.usfq.edu.ec

Tema: Evaluación de la carga microbiana y química en varios ríos de la provincia de Pichincha en Ecuador

María Aracely Zambrano



Ingeniera Química de la Escuela Politécnica Nacional, realizó sus estudios de maestría en Microbiología en la Universidad San Francisco de Quito. Ha investigado el desempeño de prototipos para la remediación anaeróbica de drenajes ácidos de mina mediante la bioprecipitación de los metales pesados.

Su interés principal de estudio se enfoca en los cambios de composición, abundancia y diversidad de las comunidades microbianas, debidos a diferentes condiciones de operación de los sistemas de tratamiento y a la presencia de sustancias inhibitorias.

Contacto: mazambranor@usfq.edu.ec

Tema: Microbial composition during the removal of Copper and Zinc in a bioreactor with a limestone pre-column system

Ana María Salinas



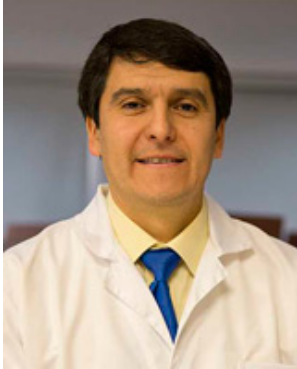
Master en Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito (USFQ). Actualmente, es profesora a tiempo parcial y está cursando el programa de Doctorado de Microbiología, en la USFQ. En su doctorado está realizando una investigación con levaduras y la formación de biofilms.

Ha trabajado en la detección y cultivo de *Leptospira* sp infecciosa en la provincia de Manabí y la caracterización de microbiota vaginal en mujeres embarazadas. Además, trabaja en la industria farmacéutica como jefe de Garantía de Calidad.

Contacto: amsalinasm@asig.com.ec

Tema: Vaginitis sintomática y asintomática en mujeres ecuatorianas: un análisis epidemiológico

Enrique Terán



Tiene su PhD en Farmacología desde la Universidad de Londres en Inglaterra; Master en Cooperación internacional para el desarrollo por la Universidad de La Rioja en España; Doctor en Medicina (MD) por la Universidad Central del Ecuador.

Investigaciones en los campos la fisiopatología de la hipertensión inducida por el embarazo (preeclampsia) en el Ecuador, yendo desde los aspectos moleculares hasta la intervención clínica. También realizó investigaciones en enfermedades infecciosas, particularmente el virus de inmunodeficiencia humana (VIH). Pionero en el estudio y desarrollo de la farmacogenética en el Ecuador.

Contacto: eteran@usfq.edu.ec

Tema: Incidencia de comorbilidades no infecciosas en población adulta viviendo con virus de inmunodeficiencia en Ecuador: un análisis multicéntrico retrospectivo

Andrés Caicedo Paliz



PhD en Investigación Biomédica con especialidad Biología Celular y Cáncer desde la Universidad de Montpellier en Francia. Tiene su Master en Investigación Biomédica y Control del Determinismo Celular por la Universidad de Montpellier en Francia.

En la actualidad es Investigador BioMed en la Escuela de Medicina de la Universidad San Francisco de Quito. Su campo de investigación es el desarrollo de terapias innovadoras para reparación celular y antienvjecimiento, desarrollando métodos y el uso de material intracelular de una célula en otra en mal estado y aplicarlo en medicina regenerativa.

Contacto: acaicedo@usfq.edu.ec

Tema: Mejorando la función regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias (MitoCeption)

Alexander David Silva Guachamín

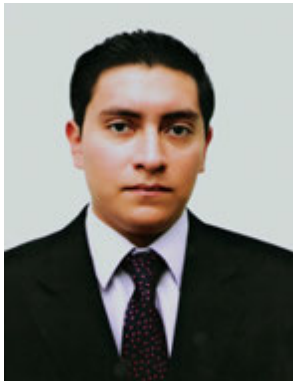


Microbiólogo de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Ha estado involucrado en la investigación de microorganismos con características biocontroladoras en la serranía ecuatoriana y la posibilidad de un uso conjunto de las mismas. Colaboró en calidad de asistente de investigación en el proyecto “Diagnóstico de las enfermedades y de plagas en cultivos comerciales de uvilla (*Physalis peruviana*) en el Ecuador (2016-17)” abarcando áreas como Micología, Bacteriología y Fitopatología.

Contacto: adsilva1992@hotmail.com

Tema: Evaluación *in vitro* de *Trichoderma* spp. y *Bacillus* spp. como controladores biológicos conjuntos de *Fusarium oxysporum* en uvilla (*Physalis peruviana*), ecotipo colombiano, en la sierra norte y centro del Ecuador

Santiago Xavier Mafla Andrade



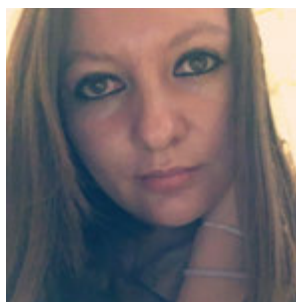
Ingeniero en Biotecnología de la Escuela Politécnica del Ejército (ESPE), realizó sus estudios de Maestría en Ciencias mención Microbiología en la Universidad Concepción (Concepción-Chile). Ha investigado la toxicidad de productos biotransformados de productos agroquímicos, remediación de metales pesados por medio de microbiotas de suelo-agua y su potencial tóxico.

Su estudio principal es la remediación e identificación de arsénico por medio de bacterias nativas de zonas de alto impacto minero y efectos de la microbiotas nativas de los mismos.

Contacto: sxmafla@pucesi.edu.ec

Tema: Construcción del biosensor para detección de arsénico en agua

Liseth Alexandra Salinas Toledo



Ingeniera en Biotecnología desde la Universidad de las Fuerzas Armadas (ESPE); Magíster en Microbiología por la Universidad San Francisco de Quito. Tiene experiencia en el estudio de la estimulación del crecimiento de caña de azúcar por parte del efecto endosimbionte de *Gluconacetobacter diazotrophicus*. Ha trabajado en infecciones zoonóticas causadas por *Campylobacter*, *E. coli*, *Salmonella*, *Giardia* y *Cryptosporidium* sp. Actualmente es docente universitaria en la Universidad de las Américas (UDLA).

Contacto: liseth.salinas@udla.edu.ec

Tema: Transmission of antibiotic resistance genes, between domestic animals and humans, in a semi-rural community in Ecuador

Ana María Hidalgo Almeida



Bioquímica Farmacéutica con especialidad en Bioquímica de Alimentos, Magister en Sistemas de Gestión de Calidad de la Universidad Central del Ecuador. Docente de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Central del Ecuador.

Ha investigado la composición nutricional de alimentos y su inocuidad. Su interés principal de estudio se enfoca en la seguridad alimentaria y en la prevalencia de microorganismos en alimentos, actualmente se encuentra evaluando la resistencia microbiana de microorganismos patógenos frente a antibióticos presentes en alimentos de origen animal.

Contacto: amhidalgo@uce.edu.ec

Tema: Determinación de *Escherichia coli* O157: H7 en carne de res faenada en Quito – Ecuador y evaluación de la resistencia microbiana.

Gabriela Vasco



Es candidata a PhD en Microbiología por la Universidad San Francisco de Quito; Master en Microbiología por la Universidad San Francisco de Quito; Doctor en Medicina MD por la Universidad Central del Ecuador.

Ha trabajado en varios proyectos de investigación de microorganismos patógenos humanos como los causantes de diarreas, y los que producen infecciones de transmisión sexual. Actualmente se desempeña como docente titular en la Universidad Central del Ecuador.

Contacto: gpvasco@uce.edu.ec

Tema: Salud reproductiva - amenaza de infecciones vaginales

Carlos Arturo Barba Ostría



Biólogo Experimental de la Universidad Autónoma Metropolitana UAM en México, cursó sus estudios de doctorado en el Instituto de Fisiología Celular de la Universidad Nacional Autónoma de México, (UNAM). Ha sido Investigador Postdoctoral en la Universidad Washington en San Luis, Missouri, E.E.U.U. y la Universidad de Sao Paulo en Brasil. Su investigación se centra en el uso de biología sintética e ingeniería metabólica para la optimización de procesos biológicos. En particular para desarrollar microorganismos o comunidades microbianas, eficientes para la producción de compuestos de interés industrial y la degradación de contaminantes derivados de las actividades humanas a escala global.

Contacto: carlosbarba.ostría@gmail.com

Tema: Cyanobacteria as photo bio-factories: challenges and opportunities

Linda Priscila Guamán Bautista



Ingeniera en Alimentos de la Universidad del Azuay, Máster en Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito. Realizó sus estudios de Doctorado en Microbiología en la Universidad de Sao Paulo y Washington University en St. Louis. Actualmente se desempeña como Docente-Investigadora del Centro de Investigaciones Biomédicas CENBIO de la Universidad Tecnológica Equinoccial. Su principal interés de investigación es la Ingeniería de microorganismos para la producción de compuestos de interés industrial como biopolímeros, biocombustibles, entre otros, a través de biología sintética, ingeniería metabólica, y el uso de CRISPR Cas9.

Contacto: linda.guaman@ute.edu.ec

Tema: Ingeniería del metabolismo de xilosa en *Burkholderia sacchari* para la producción de poli-3-hidroxitirato (P3HB)

Patricio Rojas Silva



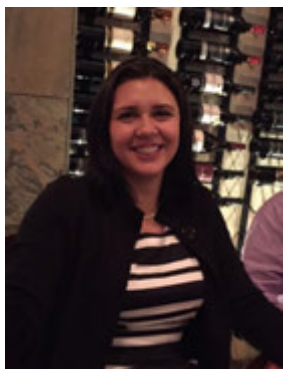
Doctor en Medicina y Cirugía de la Universidad Central del Ecuador, realizó sus estudios de maestría en Microbiología en la Universidad San Francisco de Quito y de doctorado en Biología de Plantas y Farmacognosia en la Universidad de Rutgers, New Jersey, EE.UU.

Actualmente está vinculado como profesor-investigador al Centro de Investigación de Biomédica CENBIO de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad Tecnológica Equinoccial. La investigación que realiza está enfocada en la bioactividad de productos naturales contra *Leishmania* y en enfermedades crónicas no transmisibles como diabetes tipo 2 y obesidad.

Contacto: patricio.rojas@ute.edu.ec

Tema: Leishmanicidal synthetic compounds and natural products from Ecuadorian plants

Daniela Jaikel Víquez



Docente e investigadora de la Facultad de Microbiología de la Universidad de Costa Rica y del Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET) de la Universidad de Costa Rica.

Tiene una Licenciatura en Microbiología y Química Clínica.

A nivel de posgrado tiene estudios de Especialidad en Inmunología Clínica y Micología Médica y una Maestría académica en Microbiología con énfasis en Micología Médica, de la Universidad de Costa Rica. Ha trabajado con hongos de importancia clínica, alérgica y veterinaria, en el campo de la biología molecular y susceptibilidad a medicamentos y compuestos naturales.

Contacto: daniela.jaikelviquez@ucr.ac.cr

Tema: Caracterización fenotípica y genotípica de aislamientos clínicos costarricenses de *Cryptococcus gattii*

Identificación molecular de los agentes etiológicos de cromoblastomycosis en Costa Rica

Stefany Lozada Alvarado



Docente e investigadora de la Facultad de Microbiología y del Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET) de la Universidad de Costa Rica.

Tiene un Título profesional en Bacteriología y Química Clínica de la Universidad Industrial de Santander y una Maestría académica en Microbiología con énfasis en Micología Médica de la Universidad de Costa Rica. Ha trabajado con hongos fitopatógenos y de importancia clínica y con protozoarios en el campo de la biología molecular y susceptibilidad a medicamentos y compuestos naturales.

Contacto: stefanylozada@gmail.com / betty.lozada@ucr.ac.cr

Tema: *Sporothrix globosa* como agente causal de esporotricosis en Costa Rica

Darío Javier Cruz Sarmiento



PhD en Ciencias de la Vida especialidad Biología desde la Universidad de Goethe-Frankfurt en Alemania; Bioquímico Farmacéutico desde la Universidad Técnica Particular de Loja.

Investigaciones de taxonomía morfo-molecular evaluando la variabilidad genética para definición de especies en hongos. Especialista en Taxonomía Morfológica y Molecular de Hongos del género *Tulasnella*, micorrízicos de Orquídeas.

Asilamiento y caracterización de hongos in vitro con fines de bioprospección como la búsqueda de metabolitos secundarios y compuestos antibacterianos. Adicionalmente evaluación de especies de hongos de micelio, levaduras y bacterias para generación de bioproductos como biofertilizantes y biocontroladores, además de la modificación de bebidas funcionales con probióticos.

Contacto: djcruz@utpl.edu.ec

Tema: Hongos como potencial fuente de extractos antibacterianos

Stefania Cevallos Solórzano



Bióloga de la Universidad Técnica Particular de Loja, realiza sus estudios de doctorado en Ciencias agronómicas e ingeniería biológica en la Université catholique de Louvain (Bélgica). Ha estudiado la diversidad de las comunidades de hongos asociados a raíces de orquídeas mediante técnicas moleculares.

Su interés principal se direcciona al reconocimiento de la estructura de las comunidades de hongos micorrízicos y a la evaluación de factores abióticos y bióticos que influyen en la composición de las comunidades fúngicas.

Contacto: scevallos@utpl.edu.ec

Tema: Diversidad y composición de las comunidades de hongos micorrízicos de orquídeas en bosque montano del sur del Ecuador

Zorayda Patricia Toledo Barrigas



Bioquímico Farmacéutico graduado en la Universidad Técnica Particular de Loja (UTPL), Magister en Microbiología Avanzada mención Biomédica graduado en la Universidad de Guayaquil. Docente Investigador del Departamento Ciencias de la Salud de la Universidad Técnica Particular de Loja.

Tiene experiencia como investigadora en Resistencia bacteriana y *Campylobacter* y *Escherichia coli* enteropatógena como agentes etiológicos causantes de enfermedades de transmisión alimentaria.

Contacto: zptoledo@utpl.edu.ec

Tema: *Campylobacter* spp., un problema emergente: Estudio de prevalencia, resistencia antimicrobiana y distribución ecológica.

Cristina Polo



Bacterióloga con su MSc en Microbiología y Especialista en Gerencia de mercadeo con enfoque comercial y experiencia de más de 10 años en investigación de mercados.

Su principal interés de investigación está en las líneas de diagnóstico de resultados rápidos en laboratorio de investigación y de foro clínico o control de muestreo. Actualmente trabaja en la empresa Purifluidos Ltda (Quito, Ecuador) como gerente comercial en la unidad de Biociencia y Bioproceso.

Contacto: CPolo@simedcorp.com

Tema: Recuento automatizado de indicadores de calidad para la industria alimenticia

Resumen de Expositores Orales

Evaluation of the microbial and chemical load in rivers from several provinces of Ecuador

Dayana Vinueza¹, Valeria Ochoa- Herrera^{1,2}, Laurence Maurice^{3,4}, Esteban Tamayo²,
María Lorena Mejía^{1, 5} and Antonio Machado^{1,*}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Microbiología, Quito, Ecuador. ² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias e Ingeniería El Politécnico, Quito, Ecuador. ³OMP-GET, Géosciences Environnement Toulouse, Université de Toulouse, Toulouse-France. ⁴IRD, GET, F-31400 Toulouse, France.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amachado@usfq.edu.ec

Resumen

Uno de los más grandes problemas de salud a nivel mundial es la contaminación de fuentes naturales de agua con compuestos tóxicos y bacterias patógenas humanas, específicamente, algunos patotipos de *Escherichia coli*, *Campylobacter*, *Legionella*, *Pseudomonas*, *Shigella* y *Salmonella* spp. El objetivo de este estudio fue analizar la calidad de los recursos hídricos naturales en áreas urbanas en Ecuador en base a parámetros microbianos y físico-químicos, para comparar las regiones costera, andina y amazónica. La cuantificación de *Escherichia coli* y coliformes se realizó a través de medios de cultivo y reacción en cadena de la polimerasa (del inglés *Polymerase Chain Reaction*, PCR) para cada género antes mencionado y patotipos de *E. coli*, específicamente: *E. coli* enteroagregativa (EAEC), *E. coli* enterohemorrágica (EHEC), *E. coli* enteropatogénica (EPEC) y *E. coli* enteroinvasiva (EIEC) en muestras triplicadas de doce ríos nacionales. Mientras tanto, los parámetros ambientales en aguas superficiales como pH, conductividad y oxígeno disuelto se determinaron *in situ* en cada punto de muestreo, mientras que la demanda química de oxígeno (DQO), sólidos totales (TS), sólidos suspendidos totales (TSS), amonio, nitrato, sulfato, análisis de fosfato y metales fueron medidos en el Laboratorio de Ingeniería Ambiental de la Universidad San Francisco de Quito (LIA-USFQ). Este análisis inicial mostró que la mayoría de los ríos evaluados no muestran niveles microbianos, fisicoquímicos y metálicos aceptables para el consumo de agua, así como para su uso en actividades recreativas y agrícolas. Todos los ríos mostraron niveles de *E. coli* y coliformes totales por encima de la legislación, así como la presencia de patotipos en seis de los doce ríos analizados en Ecuador. Específicamente, tres de los cuatro patotipos de *E. coli* analizados (EAEC, EPEC y EIEC) fueron detectados. En el río Machángara se detectó la presencia de dos patotipos diferentes (EAEC y EIEC). Al comparar la carga bacteriana de todos los ríos analizados se determinó que los ríos Zamora, Esmeraldas y Machángara fueron los más contaminados. Además, en el análisis fisicoquímico y de metales, el río Guayas presentó el mayor número y niveles de parámetros de todos los ríos seleccionados, demostrando altos niveles en cinco de los catorce parámetros fisicoquímicos analizados (conductividad, COD_{total}, TS, TSS, Cl⁻) y dos metales en concentraciones más elevadas (Aluminio y Hierro). Son necesarios más estudios para evaluar un escenario futuro de reversión de estas altas tasas de contaminación microbiana y química con las medidas legales actuales del gobierno ecuatoriano.

Keywords: Water Resources, *Escherichia coli*, Total Coliforms, *Escherichia coli* Pathotypes, Polymerase Chain Reaction (PCR), Physical-Chemical Parameters, Major Elements, Trace Metals.

Las encrucijadas de la epidemiología molecular de las infecciones bacterianas

Gabriel Trueba

*Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales,
Instituto de Microbiología, Quito, Ecuador. E-mail: gtrueba@usfq.edu.ec*

ABSTRACT

La epidemiología molecular (EM) es una disciplina que permite la detección de linajes microbianos causantes brotes, de alta virulencia, de alta resistencia a antibióticos, etc. Uno de los problemas en EM es encontrar un método adecuado para analizar una determinada bacteria; no todos los métodos de análisis son adecuados para todas las bacterias. Es necesario entender la forma de evolución que tienen las bacterias para poder definir el método a usarse. Linajes de bacterias con transferencia horizontal de genes pueden analizarse con múltiples métodos tales como MLST, PFGE, MLVA, WGS, VNTR, etc. Bacterias que no tienen transferencia horizontal de genes deben ser analizadas únicamente por métodos que detectan mutaciones tales con VNTR o secuenciamiento genómico completo (WGS).

Keywords: Epidemiología molecular, Bacterias, Transferencia horizontal de genes.

Microbioma Humano: Estudios en Ecuador

Paúl A. Cárdenas¹, Fernanda Zurita², Marco Fornasini³, Manuel Baldeón³,
William Cookson⁴, Miriam Moffatt⁴

¹ Instituto de Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito, Quito-Ecuador. ² Universidad Técnica de Ambato, ³ CENBIO, Universidad UTE, ⁴ National Heart and Lung Institute, Imperial College London, United Kingdom.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: pacardenas@usfq.edu.ec

ABSTRACT

El microbioma humano y su relación con la salud y las enfermedades de los ecuatorianos difiere con los patrones y la diversidad de los Europeos y Norteamericanos, sin embargo, taxones similares están relacionados con un mayor riesgo o una mayor protección contra enfermedades como el asma, las alergias y el autismo. Las microbiotas entre niños sanos y con asma, así como entre niños con y sin autismo varían en diversidad intragrupo (alfa), intergrupo (beta) y a nivel de OTUs en relación a su abundancia relativa.

Keywords: Microbioma, Bacteria, Asma, Alergias, Autismo.

Identificación molecular de fitopatógenos en cultivos de importancia económica en el Ecuador.

Antonio Leon-Reyes^{1, 2,3,*}, Noelia Barriga-Medina^{1,2}, Dario Xavier Ramirez-Villacis^{1,2}, Karen Herrera¹, Carlos Ruales¹.

¹ Laboratorio de Biotecnología Agrícola y de Alimentos, Ingeniería en Agronomía, Colegio de Ciencias e Ingenierías, Universidad San Francisco de Quito, Campus Cumbayá, Quito, Ecuador.

² Instituto de Microbiología, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA Universidad San Francisco de Quito USFQ, Campus Cumbayá, Quito, Ecuador.

³ Instituto de Investigaciones Biológicas y Ambientales BIÓSFERA, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA Universidad San Francisco de Quito USFQ, Campus Cumbayá, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: aleon@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Ecuador es un país que depende de la exportación de insumos para sostener su economía dolarizada. Uno de los rubros económicos importantes es la producción agrícola donde la exportación de productos como el banano, broccoli, rosas, cacao, etc., son de los más relevantes. Los cultivos de estos productos de agro-exportación están constantemente amenazados por enfermedades y plagas las cuales causan actualmente la pérdida de un 30% a un 50% de la producción. Las aplicaciones de agroquímicos y el uso de métodos convencionales para el control de dichas enfermedades, crea una presión de selección de nuevos patógenos o razas de fitopatógenos que se encuentran en constante evolución. La identificación acertada del microorganismo es esencial para crear estrategias anticipadas de control y manejo integrado de cada fitopatógeno. En nuestro laboratorio hemos identificado, usando técnicas de microscopía y análisis de ADN, nuevos patógenos que se encuentran en los campos de producción de los principales cultivos del Ecuador. En banano, hemos identificado nuevos casos *Fusarium oxysporum* y *Colletotrichum gloeosporoides* que se encuentran asociadas a las heridas de la principal enfermedad foliar de este cultivo, la Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis*). En broccoli, hemos identificado dos nuevas especies fúngicas patogénicas del genero *Alternaria*, y son *alternata* y *japonica*, las cuales, no han sido reportadas anteriormente como patógenos foliares de este importante cultivo. En rosas usado como ornamental, hemos identificado que *Botrytis cinerea*, patógeno común del botón, es confundido por un nuevo patógeno llamado *Alternaria alternata*, que también infecta los botones de rosas con similares síntomas, este fenómeno que no ha sido reportado anteriormente para este cultivo. En resumen, la presencia de nuevos patógenos que se encuentran en los campos de producción de los principales productos de exportación del Ecuador, deben ser estudiados más en detalle para posteriormente establecer planes de manejo y control fitosanitario.

Keywords: Banana, Broccoli, Rosas, Patógenos.

Rol de *Salmonella* y *Listeria* en la seguridad alimentaria ecuatoriana

Sonia Zapata

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Microbiología, Ecuador.

E-mail: szapata@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Uno de los más grandes problemas de salud a nivel mundial es la contaminación de alimentos por bacterias patógenas humanas, específicamente, especies de *Salmonella* y *Listeria*. El objetivo de este estudio fueron detectar molecularmente serovores de *Salmonella* en carnes frescas y *L. monocytogenes* en quesos frescos. En nuestro objetivo inicial del estudio, se observaron una alta prevalencia de *Salmonella* Infantis en productos cárnicos, en que 2015 se reportó la presencia de S. Infantis resistente a cefalosporinas en un brote alimentario, y nuestros datos preliminares muestran un alto porcentaje de S. infantis CTX resistentes, siendo impertinente implementar buenas BPM y HACCP para reducir los niveles de *Salmonella* sp. en la producción de carne. Posteriormente, en nuestro segundo objetivo del estudio, se detectó una prevalencia hasta 9% de *L. monocytogenes* en los 260 quesos frescos analizados, donde se observó el genotipo 4b como el más prevalente. Aunque la Listeriosis no es una enfermedad de notificación obligatoria en Ecuador, el 35% de la producción es destinada a la industria quesera artesanal. Así, el consumo de quesos frescos puede representar un riesgo para adquirir listeriosis y la población vulnerable no debería consumir este tipo de alimentos. En futuros estudios se debería relacionar nuestros resultados con muestras clínicas, en particular con los reportes de sepsis en neonatos de naturaleza desconocida.

Keywords: Contaminación de alimentos, *Salmonella*, *Listeria*, Carnes frescas, Quesos frescos, *Salmonella* Infantis, *L. monocytogenes*, Listeriosis, Genotipos.

Supervivencia de espermatozoides en tejido epididimario bovino post congelación

Nathaly Chicaiza C¹, Pedro M Aponte^{1,2,*}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ - Campus Cumbayá, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Diego de Robles y Pampite, Quito, Provincia de Pichincha, Quito, Ecuador. ² Universidad San Francisco de Quito USFQ - Campus Cumbayá, Colegio de Ciencias de la Salud COCSA, Escuela de Medicina Veterinaria, Diego de Robles y Pampite, Quito, Provincia de Pichincha, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: pmaponte@usfq.edu.ec

ABSTRACT

La pérdida de diversidad genética en especies silvestres y domésticas de mamíferos requiere del desarrollo de técnicas que permitan conservar su germoplasma. La criopreservación es una herramienta que permite el almacenamiento prolongado de material biológico a temperaturas criogénicas para suspender su actividad celular y evitar su degradación. La criopreservación de semen es la técnica más utilizada para la conservación de germoplasma animal. Sin embargo, la criopreservación de tejido epididimario es una alternativa rápida y eficaz para casos en los que esta no sea posible. La disponibilidad e importancia económica de los bovinos los convierte en modelos animales para el desarrollo de protocolos de conservación que puedan ser aplicados en otras especies de mamíferos. Es así que el objetivo de este estudio fue conservar espermatozoides bovinos a partir de tejido de la cola del epidídimo *post mortem* mediante criopreservación. Con este fin se utilizaron dos crioprotectores, uno basado en DMSO y otro basado en yema de huevo y glicerol, sobre trozos de tejido de la cola del epidídimo de bovinos. Se evaluaron parámetros como integridad de la membrana citoplasmática (Hyposmotic Shock, HOS) y viabilidad (Eosina – Nigrosina, EN) así como la morfología en espermatozoides recuperados de los tejidos epididimarios pre y post-congelación, así como los cambios histológicos del tejido originario. Los parámetros asociados a integridad de la membrana descendieron significativamente después de la congelación del tejido de la cola del epidídimo (HOS: Precongelación = $53,0 \pm 4,5$ vs pool general postcongelación $5,2 \pm 2,0$ %, $p < 0,05$; EN: Precongelación = $78,3 \pm 7,1$ vs pool general postcongelación $3,7 \pm 0,6$ %, $p < 0,05$). La morfología no mostró cambios en el % general de atipias (pool general = $67,5 \pm 14,7$, $p > 0,05$) pero sí específicamente en el porcentaje de espermatozoides con defecto Dag, que disminuyó significativamente (Precongelación = $4,7 \pm 0,9\%$ vs pool general postcongelación $1,2 \pm 0,2\%$, $p < 0,05$). Adicionalmente se comprobó que el almacenamiento de epidídimos a temperatura de refrigeración por 24 horas no altera los parámetros estudiados postcongelación ($p > 0,05$). Los resultados obtenidos demuestran que la criopreservación de tejido de la cola del epidídimo representa una alternativa para la conservación de germoplasma de animales machos.

Keywords: Criopreservación, Germoplasma, Espermatozoides, Congelación de tejidos, Epidídimo, Bovinos, DMSO, Yema de huevo.

¿Cuál es la importancia del medio ambiente dentro del ciclo de transmisión de *Leptospira*?

Verónica Barragán

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Microbiología, Ecuador.

* E-mail: vbarragan@usfq.edu.ec

ABSTRACT

La leptospirosis es una zoonosis responsable de altos índices de morbilidad a nivel mundial. En el Ecuador es considerada una de las enfermedades febriles más frecuentes. La leptospirosis es producida por especies del género *Leptospira*, las cuales son excretadas en la orina de animales. La exposición y contacto directo con orina es el uno de los factores de riesgo más importantes y afecta principalmente a personas que trabajan con animales infectados o sus derivados cárnicos. Por otro lado, y de suma importancia, la exposición a agua de inundaciones ha sido asociada a brotes de leptospirosis que afectan a poblaciones enteras. Es por esto que, en las últimas décadas, varias investigaciones se han concentrado en determinar cuál es el rol del medio ambiente en el ciclo de transmisión de la leptospira patógena. La probabilidad de adquirir leptospirosis al contacto con fuentes de agua o suelo contaminado posiblemente depende de múltiples factores. Condiciones físicas, químicas, bióticas, del medio ambiente, y probablemente de la orina, así como la cantidad de orina excretada y la concentración del patógeno podrían afectar la supervivencia de leptospira. Así mismo, la vía de ingreso del patógeno y la dosis infectiva a través de mucosas o pequeñas laceraciones en la piel juegan un papel importante para que ocurra la infección. El identificar y entender a estos factores y sus asociaciones es fundamental para prevenir la Leptospirosis, pues permitirá implementar planes de prevención y monitoreo, especialmente en localidades con alta prevalencia.

Keywords: *Leptospira* spp., Leptospirosis, Orina, Medio ambiente.

Epidemiología genómica de aislados hospitalarios de *Legionella pneumophila*

Mejía L.* , Ocete MD , Espert A, Torres M, González F.

Instituto de Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito, Quito-Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: mmejia@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Legionella pneumophila vive de forma libre o en biofilms en sistemas naturales o hechos por el hombre (saunas, hidromasajes, duchas, aire acondicionado). *Legionella*, presente en aerosoles, es capaz de infectar a los humanos causando legionelosis, una enfermedad respiratoria, considerada como una infección emergente asociada con el estilo de vida humano. En este estudio, se obtuvieron muestras ambientales como resultado del Programa de Vigilancia Rutinario en dos hospitales de la Comunidad Valenciana en España. Las muestras fueron cultivadas y las cepas de *Legionella* fueron secuenciadas con Illumina NextSeq para caracterizar la diversidad genética de este patógeno en ambientes hospitalarios tras varios tratamientos de erradicación de la bacteria.

Los resultados iniciales sugieren que existe una alta diversidad de *Legionella* sp. y mayor prevalencia de *L. pneumophila*. En cuanto al análisis bioinformático, se analizaron dos estrategias para obtener el genoma compartido por todas las cepas. La primera estrategia incluye un genoma compartido de 2.932.049 pb mientras que la estrategia 2 presenta únicamente 152779 pb. Se puede observar la agrupación de 3 clados altamente relacionados filogenéticamente dentro de la especie *pneumophila* que corresponden a 3 ST y un grupo de cepas que presentan una nueva combinación alélica. Ningún tratamiento de descontaminación fue efectivo para eliminar a la bacteria del ambiente hospitalario y se puede observar una dinámica de *Legionella* (incremento de un ST y disminución de otro) que se relaciona con la presencia de micro-nichos permitiendo su sobrevivencia y persistencia. Estudios que identifican la epidemiología de *Legionella* en ambientes no naturales son indispensables para realizar un programa efectivo de vigilancia y erradicación de este patógeno.

Keywords: Hospitales, *Legionella* sp, Genoma, Combinación alélica, Epidemiología molecular, Vigilancia, Erradicación.

Microbiomas vegetales y su conocimiento en beneficio a la agricultura sostenible

Pieter Van 't Hof ^{1*}, Stalin Sarango¹, Victor Carrión³, Antonio León-Reyes², Viviane Cordovez da Cunha³, Rodrigo Mendes⁴ y Jos Raaijmakers³

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Ecuador

² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias e Ingenierías, El Politécnico, Ecuador

³ Departamento de Ecología Microbiana, Instituto de Ecología de los Países Bajos, Wageningen, Holanda

⁴ Laboratorio de Microbiología Ambiental, Embrapa-Medio Ambiente, Jaguariuna, Sao Paulo, Brasil

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: pvanthof@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Uno de los mayores retos actuales de la humanidad es cómo alimentar a la creciente población humana de una forma sostenible. Actualmente, más de un tercio de la producción agrícola es perdida debido a estrés abiótico o biótico, como podrían ser sequía, salinidad, plagas y enfermedades. Los aumentos futuros en los rendimientos de los cultivos deberán lograrse con una menor entrada de fertilizantes y pesticidas. Estos desafíos han aumentado la conciencia de la importancia del microbioma de las plantas para mejorar las prácticas agrícolas y hortícolas.

Las plantas son colonizadas por un sorprendente número de microorganismos como bacterias y hongos que tapizan la superficie de las raíces de plantas, revelando en la mayoría de los casos una estrecha relación simbiótica. Esta comunidad microbiana aumenta así la capacidad para obtener nutrientes y las protegen frente a las enfermedades. En este contexto, las plantas pueden ser vistas como "super-organismos" o "meta-organismos" que dependen en parte de su microbioma para determinadas funciones.

Recientes investigaciones al respecto indicaron que las estructuras de los microbiomas vegetales tienen la capacidad de aumentar la obtención de nutrientes y además promueven la resistencia a enfermedades y plagas en la planta hospedera. Sin embargo, todavía se conoce poco acerca del impacto específico para la mayoría de los microorganismos asociados a las plantas.

Últimamente, el desarrollo de las técnicas moleculares y nuevas herramientas en la bioinformática nos permiten estudiar profundamente la correcta identificación de la comunidad microbiana que habita adentro o alrededor de organismos multicelulares. Combinamos esta explicación de la teoría del concepto "microbioma vegetal" con las iniciativas y diseños experimentales que se han desarrollado últimamente en la USFQ al respecto de integrar características microbiológicas y vegetales. Esto con el fin de facilitar el uso de microbiomas y su conocimiento en beneficio de la agricultura sostenible.

Keywords: Microbioma vegetal, Meta-organismo, Simbiosis, Agricultura sostenible.

Epidemiología Molecular de *Mycobacterium tuberculosis*

Garzón D, Trueba G.

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales COCIBA, Ecuador

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: dgarzonc@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Para el año 2015 se reportaron 5097 casos nuevos de tuberculosis, con una tasa de mortalidad de 5 por cada 100.000 habitantes por año representando la segunda causa de mortalidad por enfermedad infecciosa en el Ecuador, con un 1% del total de muertes y casi a la par con el número de muertes producidas por VIH. Al momento el diagnóstico se realiza principalmente con frotis de esputo y técnicas de cultivo que toman entre 2 y 8 semanas en presentar un resultado. En el Ecuador la resistencia a las dos principales drogas de primera línea rifampicina e isoniacida se ha encontrado en el 7% de todos los nuevos casos detectados, considerando que solamente se ha realizado pruebas de susceptibilidad al 20% de los nuevos casos. (WHO, 2016) (Institute for Health Metrics and Evaluation, 2015) Se desconoce la dinámica de *Mycobacterium tuberculosis* así como el grado de dispersión de los distintos linajes a nivel nacional. Los estudios realizados hasta el momento no incluyen representatividad del estado Ecuatoriano (Espinel, 2015). El objetivo general consistió en genotipificar a las cepas del complejo *Mycobacterium tuberculosis* en Ecuador. Este proyecto buscó obtener una muestra representativa de las cepas presentes en Ecuador tomando en cuenta el nivel geográfico y así definir los perfiles genéticos de *Mycobacterium tuberculosis* mediante la técnica MIRU-VNTR y posibles brotes asociados a la dinámica de Tuberculosis (TB). Una vez seleccionadas las cepas se procedió a realizar un replique cuando la cantidad de colonias no fue óptima y para precautelar la preservación de la cepa. Las cepas resistentes disponibles fueron incluidas en el estudio.

Con la información de la técnica MIRU se pudo asignar un código único de identificación a las cepas de *Mycobacterium tuberculosis* y establecer trazabilidad en su dispersión, para esto se realizó la georreferenciación del paciente en un sistema de información geográfica a un nivel de parroquia. Al momento se dispone de una base de datos nacionales de 23 de las 24 provincias que permite la identificación de los principales linajes circulantes, y cuentan con georreferenciación. Al momento se encuentra en proceso de análisis la dispersión que presentan estas cepas, y la identificación de posibles focos epidemiológicos.

Keywords: Tuberculosis, *Mycobacterium tuberculosis*, MIRU-VNTR, Resistencia microbiana, Brotes epidemiológicos, Georreferenciación, Ecuador.

Molecular detection of *Bartonella bacilliformis* in sand flies (Diptera: Psychodidae) in the Ecuadorian-Peruvian border

Andres Carrazco^{*1}, Victor Zorrilla², Hector Olalla³, Craig A. Stoops², Gissella Vasquez², Renato León¹

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Laboratorio de Entomología Médica y Medicina Tropical LEMMT

² U.S. Naval Medical Research Unit-6, Callao, Peru.

³ Ministry of Health, District 19D03, Zamora Chinchipe, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail:andres.carrazco@hotmail.com

ABSTRACT

Sand flies (Diptera: Psychodidae) are vectors that transmit *Bartonella bacilliformis*, bacteria that causes Carrion's disease or human bartonellosis, which is endemic in the Andean countries of Ecuador, Colombia and Peru. To date, hundreds of cases have been reported every year in Peru, especially in areas near the Ecuadorian-Peruvian border. In Ecuador, reports from the 1950s suggest that the disease is also endemic and localized in the southern part of the country, however, this information contrasts with recent data that shows only a few cases in the last decades: 18 cases in Zamora Chinchipe province (southern area of the country) between 1995-1996, and 39 cases between 1995-2005. Considering what is mentioned above, in Ecuador, the transmission of the disease and its dynamics, epidemiology, distribution and possible incriminated vectors, are fields poorly addressed and for the most part unknown. The objective of this study was to characterize the sand fly fauna in rural areas of Zamora Chinchipe and examine the specimens to determine infection with *Bartonella bacilliformis* in order to incriminate possible vectors. An entomological survey was carried out using CDC light traps, Mosquito Magnet and protected human bait in the towns of Isimanchi, Pucapamba and Maniales (Zamora Chinchipe province). We analyzed 181 collected individuals of which 96.1% correspond to *Lutzomyia robusta*, 3.3% to *Lutzomyia maranonensis* and 0.6% to *Lutzomyia castanea*. Specimens were examined by PCR and primers for the conserved regions of the (1) NADH dehydrogenase gamma subunit, (2) the 16S-23S intergenic sequence of the ITS rRNA (Internal Transcribed Spacer) and (3) Nested-PCR for the mitochondrial region of the enzyme gene Citrate Sintasa. The results show three positive pools using methods (1) and (2), confirming these results by means of method (3). Sequencing analysis revealed the presence of *Bartonella bacilliformis* DNA with identity percentages between 92% and 99%, in 5 different pools. In a recent analysis of new samples, 8 more positive pools have been found, using method (3) with an identity between 99% and 100%. This study reports for the first time the infection of *Bartonella bacilliformis* in *Lutzomyia robusta*, providing valuable information for the incrimination of this species as a vector of the disease. From what we know, it is also the first time that infection of *B. bacilliformis* in sand flies has been reported in Ecuador. The continuation of this study aims to study seasonality, the possible dynamics of disease transmission and to investigate active or subclinical cases of human bartonellosis

Keywords: *Bartonella bacilliformis*, *Lutzomyia*, Ecuador, Perú, Zamora Chinchipe, NADH deshidrogenasa subunidad gamma, ITS, Nested-PCR, Citrato Sintasa.

Evaluation of the microbial and chemical load in rivers from the province of Pichincha in Ecuador

Pamela Borja-Serrano¹, Christina Alvarez¹, Valeria Ochoa- Herrera^{1,2}, Gabriela Morales², Cristian Quilumbaqui², Laurence Maurice³, Antonio Machado^{1,*}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Microbiología, Ecuador

² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias e Ingeniería El Politécnico, Universidad San Francisco de Quito, Quito-Ecuador

³Géosciences Environnement Toulouse (GET), Observatoire Midi Pyrénées, Université de Toulouse, CNRS, IRD, 14 Avenue Edouard Belin, F-31400 Toulouse, Francia

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amachado@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Una de las mayores causas de mortalidad y morbilidad son las enfermedades relacionadas al consumo de agua contaminada. Estas enfermedades podrían darse por el efecto de compuestos tóxicos y patógenos humanos. El objetivo de este estudio era el de analizar la calidad de 18 ríos ubicados en la provincia de Pichincha en Ecuador, esto se realizó por medio de parámetros fisicoquímicos y microbianos. Para la cuantificación de *Escherichia coli* y coliformes se utilizó medios de cultivo. Así mismo, para la identificación de bacterias patógenas se utilizó medios de cultivo y reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Dentro de las bacterias analizadas por PCR se tienen cuatro patotipos de *E. coli*, específicamente, *E. coli* enteroagregativa (EAEC), *E. coli* enterohemorrágica (EHEC), *E. coli* enteropatogénica (EPEC) y *E. coli* enteroinvasiva (EIEC); así como los siguientes géneros: *Salmonella* spp., *Legionella* spp., *Pseudomonas* spp., y *Shigella* spp. Adicionalmente, se realizó PCR para la identificación de dos parásitos: *Cryptosporidium* spp y *Giardia* spp. En cuanto a los parámetros fisicoquímicos, se obtuvieron datos *in situ* de pH, conductividad y oxígeno disuelto. Mientras que en el laboratorio se realizaron los análisis de los elementos químicos mayores (demanda química de oxígeno (DQO), sólidos totales (TS), sólidos suspendidos totales (TSS), amonio, nitrato, sulfato, análisis de fosfato) y metales disueltos (aluminio, cadmio, cromo, cobre, hierro, plomo, litio, manganeso, molibdeno, níquel y titanio). Estos se llevaron a cabo en el Laboratorio de Ingeniería Ambiental de la Universidad San Francisco de Quito (LIA-USFQ). Los resultados obtenidos muestran variación de la carga microbiana, de la presencia de patógenos, carga de metales y de parámetros fisicoquímicos entre los diferentes ríos analizados, revelando que los ríos cercanos a la capital presentan niveles poco aceptables para el consumo humano. De igual manera, se ha visto que factores como la proximidad a centros urbanos, la lluvia y los ecosistemas pueden influir en la concentración de carga microbiana y parámetros fisicoquímicos/metales.

Keywords: Ríos, *Escherichia coli*, Coliformes totales, Patotipos de *Escherichia coli*, *Candida albicans*, Parásitos, Parámetros fisicoquímicos, elementos mayores y traza, Pichincha, Ecuador.

Microbial composition during the removal of Copper and Zinc in a bioreactor with a limestone pre-column system

Aracely Zambrano-Romero^{1,*}, Gabriel Trueba¹, Paul Cardenas¹, Antonio Leon-Reyes^{1, 2}, Reyes Sierra-Alvarez³ and Valeria Ochoa-Herrera^{1, 2}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Microbiología

² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias e Ingenierías, El Politécnico.

³ Department of Chemical and Environmental Engineering, University of Arizona.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: mazambranor@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Acid mine drainage (AMD), an environmental problem related to metal mining industry, causes deterioration of water sources worldwide. Bioremediation process to treat AMD is mediated by sulfate reducing bacteria (SRB) which reduces acidity, sulfate and metal concentrations. The objective of this research was to study the changes of microbial composition during the removal of copper and zinc from a synthetic acid mine drainage in a sulfate reducing bioreactor with a limestone pre-column system.

The treatment system was fed with synthetic AMD using acetate as carbon source and electron donor, and copper and zinc, each one in concentration of 15 mg L⁻¹. In sludge samples, SRB concentration was determined by qPCR using the DSR1F/RH3-dsr-R primer set for *dsrA* gene amplification. Additionally, by Metagenomics, the 16S rRNA genes from V3 and V4 regions were sequenced. The collected data were used to estimate alpha and beta diversity and abundance of microbial species in the sludge samples from the sulfate reducing bioreactor.

High removal efficiencies of copper (II) and zinc (II), higher than 99%, were observed in the bioreactor and the consumption of acetate exceeded 40% of the initial chemical oxygen demand. During the operation of the sulfate reducing bioreactor, SRB displayed a lower concentration in the first days of operation, about 1E+05 cells mL⁻¹, and they reached a value in the order of 1E+06 cells mL⁻¹ at day 150, stabilizing that value until the end of operation.

According to the microbial diversity analysis of the sludge from the sulfate reducing bioreactor, the most abundant microorganisms are methanogen archaea affiliated with the genus *Methanosarcina*, however there was not methane production, followed by SRB. Identified SRB correspond mainly to the genera *Desulfotomaculum* and *Desulfovibrio*. Depending on the operational conditions, changes in microbial composition were observed and prokaryotic communities were gradually lesser diverse.

Keywords: Bioremediation, SRB, Acid mine drainage, qPCR, Metagenomics, Anaerobic, Microbial diversity.

Symptomatic and Asymptomatic Vaginitis in Ecuadorian Women: An epidemiologic analysis

Verónica Osorio¹, Ana Salinas¹, Miguel Orellana¹, María Erazo¹, Darío Cueva¹,
Ana Trueba² and Antonio Machado^{1,*}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología. Campus Cumbayá, Casilla Postal 17-1200-841, Quito 170901, Ecuador.

² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Quito Brain and Behavior Laboratory, Campus Cumbayá, edificio Da Vinci, oficina D316-B, Casilla Postal 17-1200-841, Quito 170901, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amachado@usfq.edu.ec

ABSTRACT

La vaginitis es un problema ginecológico común en mujeres en edad reproductiva asociada a otras enfermedades. Las formas de vaginitis incluyen vaginosis bacteriana, candidiasis vulvovaginal y vaginitis aeróbica. Este estudio se realizó para entender la frecuencia de la infección vaginal en mujeres ecuatorianas en edad fértil. Se hizo un muestreo vaginal y se evaluó a las pacientes por presencia de síntomas, hallazgos clínicos durante la encuesta y ensayos de reacción en cadena de polimerasa (PCR). La vaginosis bacteriana (VB) y la vaginitis aeróbica (VA) fue diagnóstica con el criterio microbiológico de Nugent y Donders respectivamente, y la candidiasis vulvovaginal (CV) por coloración Gram de levaduras, presencia de pseudohifas, y/o formas hifales, y cultivo positivo. Se encontró que el 66.8% de la población tenía microbiota normal, 10.2% microbiota vaginal intermedia y 23.0% infección vaginal. Del porcentaje de mujeres con infección, 52.5% presentó VA, 23.8% obtuvo VB y 6.95% tuvo CV. La determinación de la colonización vaginal de las especies más importantes, ya sean patógenas u oportunistas de cada vaginitis fueron identificadas mediante PCR. Para VB *Atopobium vaginae*, *Gardnerella vaginalis* y *Mobiluncus mulieris*; para VA *Escherichia coli* y *Enterococcus faecalis*; y para Candidiasis *Candida albicans*. A pesar de que la VA fue la vaginitis principalmente diagnosticada entre las infecciones vaginales, la especie más dominante en la colonización vaginal del estudio fue *G. vaginalis* (184/436) y *A. vaginae* (180/436), que usualmente están asociadas a BV. La colonización microbiana dominante fue seguida de *E. coli* en 51 mujeres, *M. mulieris* en 14 mujeres y finalmente *C. albicans* y *E. faecalis* en 7 y 8 mujeres, respectivamente. Finalmente, del número de mujeres con infección 16.8% (17/101) tuvo coinfecciones, donde 12/17 coinfecciones (70.6%) fueron casos VB colonizados simultáneamente por *G. vaginalis* y *A. vaginae* en asociación con otro tipo de vaginitis (VA o Candidiasis).

Keywords: microbiota vaginal; vaginosis bacteriana; vaginitis aeróbica; candidiasis vaginal; análisis molecular; estudio epidemiológico; Ecuador; 16S rRNA.

Incidencia de comorbilidades no infecciosas en población adulta viviendo con virus de inmunodeficiencia en Ecuador: un análisis multicéntrico retrospectivo

Isabel Hernández^{1,2}, Julio Barzallo³, Simón Beltrán⁴, Alberto Castillo⁵, Nelson Cevallos⁶, Patricio Hernández⁷, Camilo López⁸, Rita Vera⁹, Gabriela Yerovi¹⁰, Alejandra Mendoza¹, Santiago Terán¹, Ricardo Izurieta¹¹, and **Enrique Teran**^{*,1}

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias de la Salud, Ecuador

²Facultad de Enfermería, Pontificia Universidad Católica del Ecuador

³Hospital Teofilo Dávila, Ministerio de Salud Pública, Machala, Ecuador

⁴Hospital Carlos Andrade Marín, Instituto Ecuatoriano de Seguridad Social, Quito, Ecuador

⁵Hospital Eugenio Espejo, Ministerio de Salud Pública, Quito, Ecuador

⁶Hospital Enrique Garcés, Ministerio de Salud Pública, Quito, Ecuador

⁷Hospital de Infectología Dr. José Daniel Rodríguez Maridueña, Ministerio de Salud Pública, Guayaquil, Ecuador

⁸Hospital Teodoro Maldonado Carbo, Instituto Ecuatoriano de Seguridad Social, Guayaquil, Ecuador

⁹Hospital Abel Gilbert Pontón, Ministerio de Salud Pública, Guayaquil, Ecuador

¹⁰Programa Nacional para Control del VIH, Ministerio de Salud Pública, Quito, Ecuador

¹¹Department of Global Health, College of Public Health, University of South Florida, Tampa, USA.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: eteran@usfq.edu.ec

ABSTRACT

A pesar del incremento de riesgo bien conocido en el desarrollo de comorbilidad infecciosa relacionada al VIH, en comparación a la población general, la gente que vive con VIH (GVVIH) puede tener también aumento en el desarrollo de comorbilidades no infecciosas (CNI). Este aumentado riesgo puede ser causado por varios factores incluyendo una más efectiva prevención de las muertes relacionadas con SIDA con el consecuente envejecimiento de la GVVIH, la infección de VIH en sí misma, y el uso de tratamiento antiretroviral combinado (TARVc). Este fue el primer estudio enfocado a determinar las tasas de CNI que afectan a la GVVIH que han estado recibiendo TARVc en el Ecuador. Quinientos tres pacientes positivos para VIH fueron evaluados durante el periodo de junio 2015 a noviembre 2016 e incluidos en un estudio multicéntrico, retrospectivo y de cohorte en los siete principales hospitales comunitarios en el Ecuador. Los criterios de inclusión fueron: positivo para VIH, adulto mayor de 21 años y haber estado recibiendo atención en uno de esos hospitales por al menos seis meses. La edad promedio de los participantes fue 39.2 ± 11.9 años y la mayoría fueron varones (67.2%). La edad promedio de diagnóstico de VIH fue 34.1 años y la TARVc en promedio comenzó 15.9 meses después de que el VIH fue diagnosticado. Los pacientes reclutados estuvieron recibiendo TARVc por un promedio de 59.2 ± 40.2 meses. Solo 9.9% (n=50) de los pacientes no tuvieron CNI. Diabetes y pre-diabetes estuvo presente en el 6% (n=30) y 16.3% (n=82) de los pacientes, respectivamente; sin embargo, dislipidemia y sobrepeso/obesidad fue frecuente, ya que afectó al 41.4% (n=208) y 36.4% (n=183) de los pacientes, respectivamente. Además, lipodistrofia se reportó en 11 sujetos (2.2%) y acumulación de grasa en dos (0.4%). Enfermedad renal crónica (cualquier estadio) se reportó en tres sujetos (0.6%), osteoporosis afectó al 3.4% (n=17) de ellos. Sesenta pacientes (11.9%) fueron diagnosticados con depresión y 28.2% (n=142) de los sujetos estudiados tuvieron otras CNI. La prevalencia de CNI entre los sujetos con TARVc fue mayor que en la reportada en la población ecuatoriana general, por lo tanto, urgen acciones específicas de salud pública para alertar y prevenir las CNI entre la GVVIH en el Ecuador.

Keywords: VIH, Comorbilidad, Comorbilidad no infecciosa, Tratamiento antiretroviral combinado, Gente viviendo con VIH.

Mejorando la función regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias (MitoCeption)

M. Ortega^{1,3} & F. Velarde¹, F. Cabrera^{2,4}, **A. Caicedo**^{1,*}

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, COCSA, Escuela de Medicina, Ecuador

²Universidad San Francisco de Quito USFQ, COCSA, Escuela de Medicina Veterinaria, Ecuador

³Universidad San Francisco de Quito USFQ, COCIBA, Área de Biotecnología, Ecuador

⁴Institute for Regenerative Medicine and Biotherapy (IRMB), INSERM U1183, 2 Montpellier University, Montpellier, France

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: acaicedo@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Los macrófagos juegan un rol importante en la regulación de la inflamación y la defensa antimicrobial. Su función esta mediada por la interacción con otras células y factores pro o anti-inflamatorios que controlan su diferenciación, secreción de citoquinas y actividad fagocítica. Las células estromales mesenquimales (MSC en inglés) generan un ambiente anti-inflamatorio y mejoran la eliminación de bacterias a través de la transferencia natural de mitocondrias a macrófagos. Este proceso es parte de la dinámica de reparación normal de una herida. Sin embargo, dependiendo del tamaño de la lesión, presencia de bacterias patógenas y escaso número de MSCs específicas de tejido y estado, puede ocurrir una regeneración incompleta y haber un alto riesgo de infección bacteriana. El objetivo del presente trabajo busca incrementar la capacidad regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias con la técnica de MitoCeption. Usamos un modelo de diferenciación en macrófagos a partir de células ThP1, las mismas que fueron mitoceptadas con mitocondrias aisladas de leucocitos donados por individuos sanos. En resultados preliminares, se pudo generar macrófagos a través de una gradiente de activación con PMA (phorbol myristate acetate), generando macrófagos en estado neutro (M0). Las células diferenciadas y mitoceptadas presentaron un perfil anti-inflamatorio con una disminución de TNF y aumento de IL-10. Al momento se realizan ensayos de verificación de la actividad fagocítica por qPCR. Estos resultados preliminares encaminan la investigación al uso de la MitoCeption para mejorar la función inmuno-reguladora y antimicrobial en los macrófagos en terapia.

Keywords: Macrófagos; Células estromales mesenquimales; MitoCeption; Células ThP1; Función inmuno-reguladora; Función antimicrobial.

Evaluación *in vitro* de *Trichoderma* spp. y *Bacillus* spp. como controladores biológicos conjuntos de *Fusarium oxysporum* en uvilla (*Physalis peruviana*), ecotipo colombiano, en la sierra norte y centro del Ecuador

Alexander D. Silva*, Jeniffer M. Yáñez

Pontificia Universidad Católica del Ecuador – PUCE, Escuela de Ciencias Biológicas. Quito, Ecuador.

**Autor principal/Corresponding author, e-mail: adsilva1992@hotmail.com*

ABSTRACT

La uvilla (*Physalis peruviana*) ha logrado espacio en el mercado ecuatoriano, convirtiéndose en la fuente principal de ingresos de varias familias en la serranía. Uno de los principales problemas en la producción de uvilla es el marchitamiento vascular, generado por el complejo fúngico del fitopatógeno *Fusarium oxysporum*. El control químico de esta enfermedad es ineficaz y puede afectar la calidad del fruto. El objetivo de este estudio fue el aislamiento, identificación morfológica, molecular y detección de actividad antagonista de *Trichoderma* spp. y *Bacillus* spp. como alternativas biológicas conjuntas de control para *Fusarium oxysporum* en ensayos *in vitro*. Se muestreó 12 localidades productoras de uvilla en las provincias de Cotopaxi, Imbabura, Pichincha y Tungurahua, para un total de 252 muestras. Se obtuvo 25 aislados de *Trichoderma* spp. y 36 de *Bacillus* spp. identificados por su morfología macro y microscópica. Posterior a la extracción de ADN de los aislados, se usó los *primers* ITS 1 y 4 para la PCR en el caso de hongos, y para las bacterias se utilizó los *primers* PA forward y PH reverse dirigidos al gen 16s rRNA. Por medio de un *screening* de antagonismo para *Bacillus* se escogió previamente 10 aislados, 6 con antagonismo medio y 4 con antagonismo positivo. Las cepas escogidas fueron identificadas de forma molecular como *Bacillus subtilis* y *Bacillus cereus*. Mediante las pruebas de antagonismo individual de *Trichoderma* se eligió 7 aislados de diferente especie con porcentajes de inhibición de crecimiento radial (PICR) superiores al 50%. Se probó la compatibilidad de los microorganismos elegidos de forma conjunta en platos Petri con PDA. Las cepas de *Bacillus cereus* presentaron compatibilidad, pero las cepas de *Bacillus subtilis* no. Se obtuvo en total 14 combinaciones con *Trichoderma*. La compatibilidad y viabilidad de ambos microorganismos se comprobó mediante microscopía y siembra del crecimiento micelial. Las pruebas de antagonismo conjunto entre cepas compatibles de *Bacillus* spp. y *Trichoderma* spp. contra *Fusarium oxysporum* presentaron porcentajes de inhibición mayores a los obtenidos de forma individual. Los resultados exitosos plantean nuevas pruebas conjuntas a nivel de invernadero y campo, así como aplicaciones individuales de todos los microorganismos encontrados en este estudio por su destacable potencial antagonista.

Keywords: Antagonismo conjunto, Antagonismo individual, Compatibilidad, Porcentaje de inhibición.

Abreviaciones: ITS, espaciador interno transcrito; PDA, papa dextrosa agar; PICR, porcentaje de inhibición de crecimiento radial.

Construcción del biosensor para detección de arsénico en agua

Santiago Xavier Mafla Andrade*, Edith Verónica Mejía Segovia, Diego Javier Jauregui Sierra, Moraima Cristina Mera Aguas

Pontificia Universidad Católica del Ecuador Sede Ibarra, Escuela de Ciencias Agrícolas y Ambientales, laboratorio de microbiología y biotecnología.

**Autor principal/Corresponding author, e-mail.: sxmafla@pucesi.edu.ec*

ABSTRACT

Arsenic (As) is a semimetal that has the ability to form various organic and inorganic compounds, its inorganic form being very toxic. At present there are several methods for the quantification of As in water: Atomic Absorption Spectroscopy, Commercial Kits, among others; which have a high power of resolution, sensitivity and reproducibility, however their operation can be expensive and difficult to operate. Bacterial biosensors emerge as an economically more accessible alternative, with potentially faster measurements. The objective of this study was the development of a bacterial biosensor for the detection of arsenic using the modified *Escherichia coli* bacterium. This transformed strain has the plasmid pTOP Blunt V2 inserted, which confers resistance to ampicillin, for the realization of the plasmid the genes were synthesized: *Lux* and *Ars*. The technique of Electroporation was used for the transformation and recombination of cells, which were subjected to controlled electrical impulses, after that, it was cultivated on LB agar and subjected to As tolerance tests at concentrations of 0; 0.01; 0.02; 0.04 and 0.08ppm as the sole source of energy. The absorbance of As was determined by EPOCH microplate spectrophotometer methodology and Atomic Absorption Spectroscopy, resulting in the equation: $y = 0.0005x + 0.1526$ of the curve with an $R^2 = 0.9975$ with different absorbances and concentrations. Finally, it was possible to have a competent biosensor to measure As concentrations from 0.01 to 0.08ppm with an average error of 2.8% with respect to EAA measurement.

Keywords: Bacterial biosensor, Arsenic, Modified *Escherichia coli*, *Ars* operon.

Transmission of antibiotic resistance genes, between domestic animals and humans, in a semi-rural community in Ecuador

Liseth Salinas^{1,*}, Jay Graham², Timothy Johnson³, Paúl Cárdenas¹, Gabriel Trueba¹

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Instituto de Microbiología, Quito, Ecuador.

²Milken Institute School of Public Health, George Washington University, Public Health Institute, Washington, USA.

³Mid Central Research & Outreach Center, Department of Veterinary and Biomedical Sciences, University of Minnesota, Willmar, USA.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: lissa.13.last@gmail.com

ABSTRACT

Antibiotics resistance, one of the major public health problem worldwide, is encoded by a variety of genes that are predominantly associated with MGEs such as plasmids, integrative and conjugative elements, genomic islands, integrons, and transposons that have currently been the approach for explaining resistance genes spread between different species and bacterial genus. The present study evaluated genetic characteristics, phenotypic resistance profiles determination and spread for *E. coli*

strains isolated from 267 stool specimens from asymptomatic children and domestic animals of the semi-rural community Otón de Vélez of the Yaruquí parish, located in the northeast of Quito, Ecuador. The resistance profile was determined by the disc diffusion method for 12 antibiotics, and MLS, resistance, plasmid and plasmid typing profiles based on WGS were identified. In addition, replicon typing was performed from transconjugates obtained in bacterial conjugation assays from 25 selected multiresistant strains. From 237 strains of *E. coli*, 34.2% multiresistant, and 38.4% susceptible to the 12 antibiotics evaluated were isolated. The most frequent multiresistance profile

(13.6%) included resistance to tetracycline, sulfisoxazole, ampicillin, streptomycin, and trimethoprim-sulfamethoxazole. Based on WGS, of the 25 isolates selected, 18 STs, 30 different antibiotic resistance genes, 22 different plasmids, 28 F plasmids, and 17 replicon types were identified in transconjugates. These findings demonstrated a high presence of multidrug resistant commensal strains of *E. coli* from children and domestic animals, with evidence of non-clonal spread for resistance genes.

Keywords: *E. coli*, antibiotic resistance, non-clonal transmission, mobile genetic elements (MGEs), domestic animals, semi-rural community, Ecuador.

Determinación de *Escherichia coli* O157: H7 en carne de res faenada en Quito-Ecuador

Belén Bastidas, Ana María Hidalgo*

Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amhidalgo@uce.edu.ec

ABSTRACT

El presente proyecto de investigación determina la presencia de *Escherichia coli* O157:H7 en muestras de carne de res tomadas en Empresa Metropolitana de Rastro de Quito (EMRAQ-EP). De acuerdo al volumen de producción (EMRAQ-EP) diariamente se faena alrededor de 450 reses, se tomaron muestras de carne al azar durante una semana siguiendo la norma técnica ecuatoriana NTE INEN 776:2012 para Carne y Productos Cárneos. Las muestras de este estudio fueron tomadas de tres sitios específicos de la canal: cuadril, pecho y tejido del costado; de reses provenientes de la sierra y costa del Ecuador. Para la determinación de *Escherichia coli* O157:H7 se utilizó el método oficial AOAC 996.09 que consiste en la inmuno-precipitación de flujo lateral para la detección de microorganismos. El fundamento del método de ensayo forma un complejo antígeno-anticuerpo cromógeno que se detecta visualmente si el microorganismo se encuentra presente.

El desarrollo experimental se realizó en el Laboratorio de Microbiología de Alimentos de la Facultad de Ciencias Químicas. La investigación permitió encontrar que el 3% de las muestras de carne de res provenientes de la sierra y costa del Ecuador tienen presencia de *Escherichia coli* O157:H7 estos resultados fueron comparados con la norma técnica ecuatoriana NTE INEN 1338:2012 para carne y productos cárnicos determinando que las muestras no cumplen con los requisitos de calidad e inocuidad.

Keywords: Carne, Res faenada, *Escherichia coli* O157:H7, Antígeno-anticuerpo, Sierra, Costa, Ecuador.

Salud Reproductiva: Amenaza de Infecciones Vaginales

Gabriela Vasco^{1,2,*}, Ramiro Salazar¹, David Pacha², Cecilia Cruz⁴, Marianela Robalino⁴, Patricio Jácome^{1,3}, Fabián Salazar⁴, Andrea Saavedra³, Efraín Bohorquez³, Ramiro Hidalgo⁴, José Marcillo³, Marlene Arroyo³, Paterson Peñaherrera¹, Katherine Logacho¹, Marisol Cabascango¹, Karol Guzmán¹, Antonio Machado²

¹ Universidad Central del Ecuador

² Universidad San Francisco de Quito USFQ

³ Hospital Gineco-Obstétrico Isidro Ayora

⁴ Hospital Carlos Andrade Marín

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: gpvasco@uce.edu.ec

ABSTRACT

La mujer joven adquiere infecciones vaginales por contacto sexual o cambios de su microbiota. Aunque casi siempre desapercibidas, sus consecuencias varían entre la molestia de la secreción anormal hasta la infertilidad o los defectos congénitos de los neonatos. El presente reporte es el resultado preliminar de una investigación que se está realizando en el presente año, a mujeres asintomáticas habitantes de la ciudad de Quito, que acudieron a la consulta de ginecología y obstetricia de dos hospitales terciarios, de quienes se obtuvieron una encuesta y muestras de secreción vaginal para el análisis de la presencia de *Chlamydia trachomatis* (CT, Cobas 4000), *Neisseria gonorrhoeae* (NG, Cobas 4000), vaginosis bacteriana (Gram de frotis cervical y puntaje de Nugent), vaginitis aeróbica (Gram de frotis cervical), y candidiasis (Gram de frotis cervical). Las mujeres fueron estratificadas según su edad y estado de embarazo para asegurar la homogeneidad de la muestra. Hasta la actualidad se ha incluido a 222 voluntarias: 85 adolescentes (42 embarazadas), 53 adultas menores de 25 años (40 embarazadas) y 84 adultas entre 25 y 35 años (42 embarazadas). La mayoría de mujeres embarazadas reportaban ser monógamas; además corroboramos que el 50% de las adolescentes de este estudio habían iniciado su vida sexual entre los 14 y 15 años, mientras que en las adultas fue entre sus 17 y 18 años. Entre los hallazgos relevantes, encontramos una baja presencia de CT (3.1%), aunque más frecuente en mujeres embarazadas (6 versus 1 no embarazada); así también no hallamos la bacteria NG en ninguna muestra. La vaginitis bacteriana fue más frecuente entre mujeres no embarazadas (X2 5.2, p 0.023) y probablemente entre adolescentes más que en adultas; aunque el auto reporte de secreción vaginal anormal fue más frecuente entre las embarazadas (X2 4.17, p 0.041). La infección por CT no se relacionó con la presencia de otras infecciones vaginales según el puntaje de Nugent (X2 0.037, p 0.848). Con éstos hallazgos podemos concluir de manera preliminar, que la adolescencia y el embarazo son estados de la mujer donde las enfermedades vaginales adquieren mayor relevancia. Sin embargo, recomendamos continuar con la colección de muestras, y hacer un seguimiento sobre los resultados del embarazo en las mujeres con hallazgos anormales a fin de determinar sus consecuencias sobre su salud reproductiva.

Keywords: Infecciones vaginales, Jóvenes, Embarazadas, *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis*, Vaginosis bacteriana, Vaginitis aeróbica, Candidiasis, Nugent.

Cyanobacteria as photo bio-factories: challenges and opportunities

Carlos Barba-Ostria^{1,2,*} and Yi Xiao^{1,3}

¹ Washington University in St Louis, MO, USA.

² Universidad Técnica de Ambato, Ambato, Ecuador.

³ School of Life Sciences & Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: carlosbarba.ostria@gmail.com

ABSTRACT

Cyanobacteria have striking capabilities for converting sunlight into chemical energy as well as fixing CO₂. Their photosynthetic capability offers a great potential route for the sustainable production of a variety of fuels, chemicals, and other value-added products. As a result of increasing concerns over petroleum supply and greenhouse gas emission, the idea of using this photosynthetic organisms, as factories of high-value molecules, is interesting. Despite the great interest that this idea of renewable and low-cost production has generated, there are still important challenges that need to be addressed for the efficient use of these organisms as biological factories. This presentation summarizes the main challenges of the use of these organisms as biofactories, through experiences of application of principles of synthetic biology and metabolic engineering in cyanobacteria, in particular for the production of biofuels. Finally, through the use of the CRISPR-Cas9 technology, for the genomic engineering of *Synechocystis* sp. PCC 6803 and the development of new tools demonstrate the potential of the use of these organisms as photo bio-factories.

Keywords: *Synechocystis* sp., Biological engineering, High-value molecules, Photo bio-factories.

Ingeniería del metabolismo de xilosa en *Burkholderia sacchari* para la producción de poli-3-hidroxibutirato (P3HB)

Linda P. Guamán^{1,2,4,*}, Carlos Barba-Ostria^{2,3,4}, Fuzhong Zhang⁴, Edmar R. Oliveira-Filho², José Gregório C. Gomez² and Luiziana F. Silva²

¹ Universidad Tecnológica Equinoccial, Centro de Investigación Biomédica, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo, Quito, Ecuador.

² Departamento de Microbiología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Sao Paulo, Av Prof Lineu Prestes 1374 Lab 148, São Paulo, SP 05508- 888, Brazil.

³ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Técnica de Ambato, Ambato, Ecuador.

⁴ Department of Energía, Medioambiente e Ingeniería Química, Washington University in St. Louis, Saint Louis, MO 63130, USA.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: linda.guaman@ute.edu.ec

ABSTRACT

Burkholderia sacchari presenta una gran capacidad para crecer y producir moléculas de alto valor comercial utilizando fuentes de carbono renovables, sin embargo, dos factores principales limitan su uso para utilizarla como una plataforma para la bioproducción a escala industrial: primero, la falta de herramientas moleculares para modificar este organismo y segundo, su tasa de crecimiento inherentemente lenta y la producción de P3HB usando xilosa.

En este trabajo, se abordaron ambos factores utilizando dos enfoques diferentes, la sobreexpresión genética tradicional y la biología sintética.

Primero, sobreexpresamos genes metabólicos utilizando un vector de clonación pBBR1MCS-2, y luego adaptamos un conjunto de plásmidos BglBrick para la sobreexpresión de los mismos. Finalmente, evaluamos la velocidad específica de crecimiento y la producción de P3HB a través de la sobreexpresión de transportadores de xilosa, genes catabólicos o reguladores.

Usando un conjunto de vectores derivados de BglBricks se logró que la sobreexpresión de *xylR* mejore significativamente la tasa de crecimiento (55.5%), rendimiento del polímero (77.27%) y se consiguió un 71% del peso seco celular como P3HB. Estos valores no tienen precedentes para la acumulación de P3HB usando xilosa como única fuente de carbono y resaltan la importancia del control preciso de la expresión para mejorar la utilización de azúcares hemicelulósicos en *B. sacchari*.

Keywords: *Burkholderia sacchari*, Genética tradicional, Biología sintética, Clonación, Plásmidos, Poli-3-hidroxibutirato.

Leishmanicidal synthetic compounds and natural products from Ecuadorian plants

Patricio Rojas-Silva^{1,2,*}, Jorge Heredia^{1,2}, Cristina Quiroga^{3,4}, Olalla Barreiro-Costa^{1,2}, and Manuel E. Baldeón^{1,2}

¹ Universidad Tecnológica Equinoccial, Centro de Investigación Biomédica CENBIO.

² Universidad Tecnológica Equinoccial, Facultad de Ciencias de la Salud Eugenio Espejo.

³ Universidad de Las Américas, Programa de Maestría en Ciencia Biomédicas.

⁴ Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública del Ecuador INSPI.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: patricio.rojas@ute.edu.ec

ABSTRACT

Leishmaniasis is a neglected parasitic disease for which vaccines and new treatments are desperately needed. Natural products from biological organisms, like plants, are an invaluable source of leishmanicidal bioactive compounds. Another source is chemical synthesis that can generate interesting new molecules as candidates for leishmaniasis treatment. Our main goal is to research on natural products and synthetic molecules with bioactivity against leishmania parasites. Here, we present in vitro preliminary results from the study of Ecuadorian medicinal plants and some synthetic compounds with leishmanicidal activity.

Promastigotes of *Leishmania mexicana* and *L. tarentolae* are used for screening. The promastigotes of *L. mexicana* are grown in Schenider´s Drosophila Media (SDM) supplemented with 10% fetal bovine serum (FBS) and *L. tarentolae* promastigotes are cultivated in brain heart infusion (BHI) supplemented with hemin. Both cultures are passed every 2 -3 days. The leishmanicidal effect is evaluated by the formation of formazan after the reduction of the tetrazolium salt MTT.

Plants were selected based on easiness to find in Quito markets and high frequency of use. The plant specimens were identified and vouchered at the Ecuadorian National Herbarium (QCNE). The plant material was extracted with 95% ethanol and then tested on promastigotes of *L. tarentolae* and *L. mexicana*. Fifteen medicinal plants were selected, and 23 crude extracts were made from different plant parts. We found 9 extracts to be active against leishmania promastigotes.

Schiff bases have received much attention due to their bioactivity. For example, derived 4-aminoantipyrine compounds have shown antioxidant properties, antifungal and antibacterial activity. After the synthesis and evaluation of a series of Schiff base derivatives of 4-aminoantipyrine we found 2 compound actives against promastigotes of *L. tarentolae* and *L. mexicana*.

Now, we will test the active ones on amastigotes and macrophages infected with leishmania parasites.

Keywords: Leishmaniasis, Natural products, Leishmanicidal activity, Schiff bases, Leishmanial promastigotes.

Identificación molecular de los agentes etiológicos de cromoblastomycosis en Costa Rica

Daniela Jaikel Víquez^{1,2,*}, Stefany Lozada Alvarado^{1,2}, Lorena Uribe Lorío³

¹Sección de Micología Médica, Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica

²Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), Universidad de Costa Rica

³Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM), Universidad de Costa Rica

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: daniela.jaikelviquez@ucr.ac.cr

ABSTRACT

La cromoblastomycosis es una enfermedad de distribución mundial, sin embargo, la mayoría de los casos reportados son de zonas tropicales y subtropicales, especialmente en América Latina. Clínicamente, afecta, por lo general, miembros inferiores, con formación de nódulos y placas verrucosas, que pueden ulcerarse y dar lugar a masas tumorales papilomatosas que presentan un aspecto característico similar a una “coliflor”. Esta enfermedad es causada por hongos fuliginosos pertenecientes a la familia *Herpotrichiellaceae* (Orden *Chaetothyriales*) entre los cuales se encuentra a *Fonsecaea pedrosoi*, *Fonsecaea monophora*, *Cladophialophora carrionii*, *Phialophora verrucosa*, *Exophiala jeanselmei* y *Rhinocladiella aquaspersa*. Es importante resaltar que algunos de ellos, como *F. monophora*, son capaces de diseminar, a partir de la lesión cutánea y causar feohifomicosis cerebral. En Costa Rica, ésta es la segunda micosis subcutánea más frecuentemente reportada y hasta nuestro conocimiento solo hay reportes de casos causados por *F. pedrosoi* y a *C. carrionii*.

Se analizaron cinco aislamientos de hongos negros pertenecientes a la colección del laboratorio de Micología Médica, de la Facultad de Microbiología de la Universidad de Costa Rica. Las especies se identificaron macroscópica y microscópicamente mediante cultivos en agar papa dextrosa. Genéticamente se identificaron mediante la secuenciación del ITS. Los aislamientos fueron identificados como *F. pedrosoi* (n = 3), *F. monophora* (n = 1) y *R. aquaspersa* (n = 1). Se describe por primera vez a *F. monophora* y a *R. aquaspersa* como agentes etiológicos de la cromoblastomycosis en Costa Rica. Se recomienda emplear técnicas moleculares para la identificación de *Fonsecaea* spp. ya que la morfología macro y microscópica no permite discriminar entre las especies.

Keywords: Cromoblastomycosis, Feohifomicosis cerebral, *F. pedrosoi*, *F. monophora*, *R. aquaspersa*, Costa Rica.

Caracterización fenotípica y genotípica de aislamientos clínicos costarricenses de *Cryptococcus gattii*

Cristian Mata-Delgado¹, Stefany Lozada Alvarado^{1,2}, Norma T. Gross^{1,2}, **Daniela Jaikel-Viquez^{1,2,*}**

¹Sección de Micología Médica, Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica

²Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), Universidad de Costa Rica

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: daniela.jaikelviquez@ucr.ac.cr

ABSTRACT

La criptococosis es una infección micótica oportunista causada por miembros del complejo *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii*. Mediante serotipaje y técnicas moleculares se ha logrado establecer que el complejo está conformado por cinco serotipos y nueve patrones moleculares. La especie *C. neoformans* está compuesta por: *C. neoformans* var. *grubii*, serotipo A, patrones moleculares VNI, VNII y VNB; *C. neoformans* var. *neoformans*, serotipo D, VNIV y por un híbrido AD, VNIII. Por otro lado, la especie *C. gattii* se divide en cuatro patrones moleculares VGI-VGIV y en los serotipos B y C. Los genotipos VNI - VNIV y VGIII - VGIV son los responsables de causar meningoencefalitis en pacientes inmunosupresos (VIH positivos en fase SIDA, enfermedades neoplásicas, diabetes mellitus descompensada, cirrosis hepática, enfermedades hematológicas). Por otro lado, entre un 17 y un 22 % de los casos de criptococosis se presentan en personas inmunocompetentes o que no tienen ningún factor de riesgo conocido y son causados, en su mayoría, por los genotipos VGI y VGII. El presente estudio se realizó con el fin de caracterizar fenotípicamente y genotípicamente los aislamientos del complejo *C. neoformans/C. gattii* que se encuentran en la colección de hongos vivos de la Sección de Micología Médica, los cuales provienen de los distintos hospitales públicos y privados del país. Los hongos fueron caracterizados fenotípicamente mediante la presencia de cápsula, ureasas y lacasas y crecimiento en agar canavalina, glicina azul de bromotimol (CGB) y genéticamente mediante la técnica del polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (RFLP, por sus siglas en inglés) del gen *URA5*. Las levaduras analizadas presentaron cápsula, produjeron ureasas y lacasas y crecieron en agar CGB. Genéticamente fueron catalogadas como VGI (n = 2) y VGIV (n = 1). Se demuestra por primera vez la presencia de los genotipos VGI y VGIV en Costa Rica y por consiguiente, la presencia de las dos especies pertenecientes al complejo. Por lo tanto, se recomienda la implementación del medio CGB en los distintos laboratorios clínicos ya que la especie incide en la efectividad del tratamiento.

Keywords: Criptococosis, Complejo *C. neoformans/C. gattii*, CGB, RFLP, Gen *URA5*, Hospitales, Costa Rica.

Identification of *Sporothrix globosa* as agent of human sporotrichosis in Costa Rica

Stefany Lozada Alvarado^{1,*}, Ingrid Salas Campos¹, Lorena Uribe Lorío², Norma T. Gross¹.

¹Sección de Micología Médica, Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica.

²Centro de investigación en Biología Celular y Molecular, CIBCM, Universidad de Costa Rica

*Autor principal/Corresponding author, e-mail.: stefanylozada@gmail.com/betty.lozada@ucr.ac.cr

ABSTRACT

Varias especies del género *Sporothrix* son agentes etiológicos de la esporotricosis, una micosis subcutánea que afecta a humanos y animales, que se adquiere por inoculación traumática. La infección se encuentra distribuida a nivel mundial, principalmente en regiones tropicales y subtropicales. Por medio de análisis morfológicos y moleculares se han identificado varias especies de *Sporothrix* asociadas a patologías en humanos. Entre las más frecuentes están *S. schenckii* s. str., *S. globosa* y *S. brasiliensis*. Hasta la fecha, no se han realizado estudios sobre la presencia de diferentes especies de *Sporothrix* en Costa Rica; a pesar de que es la infección micótica subcutánea crónica más importante en el país, el agente causal ha sido exclusivamente identificado como *S. schenckii*.

El objetivo del presente estudio fue analizar cuatro aislamientos de *Sporothrix* spp., pertenecientes a la colección del laboratorio de Micología Médica, de la Facultad de Microbiología de la Universidad de Costa Rica. Se realizaron pruebas de crecimiento a diferentes temperaturas, asimilación de carbohidratos, caracterización de las radulosporas y susceptibilidad al itraconazol. La identificación molecular se realizó mediante la restricción enzimática y secuenciación del gen de calmodulina. Como resultado se obtuvo que todos los aislamientos estudiados fueron identificados como *S. globosa* mediante las pruebas moleculares y mostraron sensibilidad al itraconazol. Teniendo en cuenta que el estándar de oro es la secuenciación del gen de calmodulina para identificar las especies del complejo *Sporothrix* spp, al comparar los resultados de la restricción enzimática se encontró una mayor correspondencia entre la secuenciación y los perfiles de restricción en comparación con los de la prueba de asimilación de carbohidratos y el crecimiento micelial. De esta manera, la identificación de especies del complejo *Sporothrix* debe emplear técnicas moleculares como la restricción enzimática del gen de la calmodulina que permite identificar efectivamente las especies del complejo involucradas en casos de esporotricosis.

Keywords: Esporotricosis, *Sporothrix* sp., *Sporothrix globosa*, Radulosporas, Itraconazol, Gen *calmodulina*, Hospitales, Costa Rica.

Hongos como potencial fuente de extractos antibacterianos

Darío Cruz-Sarmiento^{1,*}, Carolina Ramirez³ y Karla Estrada³

¹ Universidad Técnica Particular de Loja; Departamento de Ciencias Naturales, Sección de Biología y Genética; Grupo de Investigación “Ecología y Evolución de Sistemas Microbianos” (MS2E).

² Bioquímica desde la Universidad Técnica Particular de Loja

³ Bióloga desde la Universidad Técnica Particular de Loja

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: djacruz@utpl.edu.ec

ABSTRACT

Los hongos parte de la biodiversidad del Ecuador son ricos en especies adaptables a diferentes ambientes ecológicos que les favorece generar múltiples compuestos químicos. Esta biodiversidad y potencial químico en la actualidad aún están escasamente estudiados. Bajo este contexto buscamos caracterizar morfológica y molecularmente varias cepas de hongos anamorfos aislados desde diferentes fuentes ambientales y evaluar su potencial antimicrobiano a través de pruebas antagónicas con bacterias de interés clínico.

Morfológicamente se desarrolló la descripción y comparación de estructuras microscópicas de las cepas, las cuales se analizaron molecularmente amplificando la región ITS-5.8S y LSU de ADNrn. El potencial antimicrobiano de las cepas se evaluó a través del método de difusión en agar (presencia de halos de inhibición). La concentración mínima inhibitoria se determinó a partir de los extractos por el método de microdilución en caldo con valores de actividad preestablecida: > 1000 µg/mL “inactiva”, 500 a 1000 µg/mL “débil”, 100 a 500 µg/ml “moderada” y < 100 µg/mL “buena”.

Integrando los datos morfológicos y moleculares, veinte cepas correspondieron a especies dentro de géneros de ascomicetes y basidiomicetes. Cinco especies *Clonostachys* sp., *Pycnoporus sanguineus*, *Pyrenochaetopsis microspora*, y dos *Trichoderma* spp. generaron halos de inhibición contra *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomona aeruginosa*, *Proteus vulgaris*, *Salmonella typhimurium* y *Staphylococcus aureus*. Los valores de CMI indican que los extractos de estos hongos son activos con valores desde 312 µg/ml hasta 4000 µg/ml según la especie de hongo y la especie de bacteria pero poco eficientes con fines de generación de fármacos.

Keywords: Actividad antibacteriana, Ascomicetes, Basidiomicetes, CMI, Molecular, Morfología.

***Campylobacter* spp., un problema emergente: Estudio de prevalencia, resistencia antimicrobiana y distribución ecológica.**

Zorayda Toledo^{1*}, Janneth Simaluiza¹, Heriberto Fernández²

¹Universidad Técnica Particular de Loja. Departamento Ciencias de la Salud. Sección Genética Humana, Microbiología y Bioquímica Clínica.

² Universidad Austral de Chile. Instituto de Microbiología Clínica. Facultad de Medicina.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: zptoledo@utpl.edu.ec

ABSTRACT

Campylobacter es una bacteria zoonótica de importancia clínica. Las especies termotolerantes de *Campylobacter* (*Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter lari* y más recientemente *Campylobacter upsaliensis*) son agentes causales de diarrea infecciosa en el ser humano. De estas cuatro especies, *C. jejuni* es la más frecuentemente aislada, tanto en países en vías de desarrollo como en países industrializados. El objetivo de este estudio fue determinar su frecuencia de aislamiento en humanos (niños), caninos, aves de corral y ganado bovino/porcino, además de evaluar los niveles de resistencia a las fluoroquinolonas (ciprofloxacina) y determinar las relaciones epidemiológicas entre las cepas aisladas.

La identificación de género fue mediante pruebas microbiológicas clásicas y las especies fueron determinadas mediante PCR-multiplex, la susceptibilidad antimicrobiana fue evaluada mediante el método de difusión en agar, según recomendaciones EUCAST/2016, la relación epidemiológica se realizó mediante el perfil electroforético de fragmentos de restricción del gen *fla* (*flaA*-RFLP).

En Ecuador, la información sobre *Campylobacter* es escasa, a partir del 2014 nuestro grupo de trabajo ha generado información científica sobre este grupo bacteriano con una frecuencia de aislamiento en población pediátrica (6.3%), aves de corral (62.7%), caninos (7%), ganado vacuno y porcino (17,7 %). Siendo las especies más frecuentes *C. jejuni* y *C. coli*. No fueron aisladas otras especies del género. Las cepas *C. jejuni* y de *C. coli* aisladas fueron susceptibles a gentamicina, ampicilina y presentaron una alta resistencia a ciprofloxacina (70%) seguidas de eritromicina y amoxicilina más ácido clavulánico.

La relación epidemiológica evaluada mediante el perfil electroforético de fragmentos de restricción del gen *fla* (*flaA*-RFLP), determinó una relación de las cepas de *Campylobacter* aisladas de humanos y reservorios animales, compartiendo grupos filogenéticos entre: humano – ganado vacuno, humano – aves de corral, humanos – caninos, humanos – ganado vacuno – caninos, encontrándose también una relación entre caninos – aves de corral.

Keywords: *Campylobacter* sp., *C. jejuni*, *C. coli*, Resistencia bacteriana, Fluoroquinolonas, PCR-multiplex, *flaA*-RFLP.

Diversidad y composición de las comunidades de hongos micorrízicos de orquídeas en bosque montano del sur del Ecuador

Stefania Cevallos^{1, 2,*}, Juan Pablo Suárez¹, Stéphane Declerck²

¹ Universidad Técnica Particular de Loja, Departamento de Ciencias Biológicas.

² Université catholique de Louvain, Earth and Life Institute, Applied Microbiology, Mycology.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: scevallos@utpl.edu.ec

ABSTRACT

Las raíces de las orquídeas albergan una amplia diversidad de hongos, principalmente corresponden a especies del filum Basidiomycota y Ascomycota. Los hongos micorrízicos asociados a raíces de orquídeas cumplen roles importantes para la adquisición de carbono y nutrientes. Actualmente se debate si la disponibilidad y distribución de los hongos micorrízicos de orquídeas (HMO) pueden influir en la distribución y dinámica de las poblaciones de orquídeas. Debido a la asociación particular que las orquídeas forman con los hongos, este sistema se considera como modelo para el estudio de las interacciones bióticas y su dinámica co-evolutiva. En un ensayo de campo se estableció sistemas planta-trampa usando plántulas de *Cyrtochilum retusum* y *Epidendrum macrum*. Para caracterizar la diversidad de HMO asociados orquídeas epífitas en función de algunos factores bióticos y abióticos (sitio, especie de orquídea, altitud y variación temporal), la región ITS2 fue analizada con tecnología Illumina MiSeq. Los resultados exhiben un gran número de unidades taxonómicas operacionales (OTUs) que corresponden a hongos Tulasnellaceae, Ceratobasidiaceae, Serendipitaceae and Atractiellales. Las comunidades de HMO están estructuradas por un conjunto estable de hongos micorrízicos, “keystone”, distribuido ampliamente y un conjunto dinámico de hongos que distribuido exclusivamente en un sitio y asociado a orquídeas específicas. La estructura de las comunidades de hongos micorrízicos de orquídeas estuvo correlacionada con la especie de orquídea, el nivel altitudinal y variaciones temporales. Sin embargo, el sitio en el que se establecen las orquídeas no mostró una fuerte influencia sobre las comunidades de HMO. Es posible que el efecto conjunto de factores bióticos y abióticos impactan la ocurrencia de HMO. Además, el uso combinado de estudios de campo y de laboratorio potencia el análisis de las interacciones que ocurren entre orquídeas y hongos.

Keywords: Factores bióticos y abióticos, Micorrizas keystone, Experimento plántulas trampa, Variación temporal.

Perfil de los Expositores de Póster del Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada



David Pacha Herrera

Estudiante de último año en la carrera de Ingeniería en Procesos Biotecnológicos, Universidad San Francisco de Quito. Investigaciones relacionadas con la evaluación de la microbiota vaginal y la prevención de infecciones vaginales, mediante los criterios de Nugent, Donders y Marot-Leblond et.al; además de la caracterización molecular de los principales patógenos oportunistas o primarios mediante la técnica de PCR convencional y su posterior cuantificación por PCR real time.

Contacto: dpacha@estud.usfq.edu.ec

Tema: Estudio Preliminar – Caracterización y cuantificación molecular de la microbiota vaginal en mujeres ecuatorianas en edad reproductiva



Ana María Salinas

Master en Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito (USFQ). Actualmente, es colaboradora de investigación del Instituto de Microbiología en la USFQ. Sus intereses están dentro del estudio de biofilms con levaduras. Ha trabajado en la detección y cultivo de *Leptospira* sp infecciosa en la provincia de Manabí y la caracterización de microbiota vaginal en mujeres embarazadas. Además, trabaja en la industria farmacéutica como jefe de Garantía de Calidad.

Contacto: anita9886@gmail.com

Tema: Caracterización molecular y epidemiológica de levaduras de la microbiota vaginal en mujeres ecuatorianas

Diana Sofía Mollocana



Ingeniera en Procesos Biotecnológicos de la Universidad San Francisco de Quito (USFQ). Actualmente, es Asistente del Laboratorio de Biotecnología Vegetal en la USFQ. Sus intereses están dentro del estudio de la biología molecular de patógenos humanos, animales y vegetales. Ha trabajado en la caracterización molecular de *Ascaris* spp. de humanos y cerdos en poblaciones rurales y semiurbanas, y en la identificación de nuevos targets para fármacos anti dengue en la proteasa NS2b-NS3. Fue elegida como uno de los cien líderes jóvenes en Biotecnología ALLBIOTECH 2018. Además, se encuentra realizando un Diplomado en Diagnóstico Molecular de Enfermedades Parasitarias en el Centro Latinoamericano de Investigación y Formación en Biomedicina CELAINFOB.

Contacto: dsmollocana@usfq.edu.ec

Tema: Caracterización molecular de *Moniliophthora roreri*, causante de moniliasis en el cacao en tres provincias del Ecuador: Los Ríos, Manabí y Santo Domingo de los Tsáchilas

Mayra Ortega Ortega



Ingeniera en Procesos Biotecnológicos de la Universidad San Francisco de Quito. Asistente de investigación Equipo Medicina Traslacional, Salud e Investigación Escuela de Medicina USFQ. Actualmente trabaja en proyectos del área de biomedicina; sus intereses se especifican en cultivo celular y biología molecular. Ha trabajado en la Determinación de Beta-lactamasas de Espectro Extendido en *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* a través de pruebas moleculares en urocultivos provenientes de pacientes ambulatorios con infecciones de vías urinarias.

Contacto: sofi_ortega2@hotmail.com

Tema: Mejorando la función regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias (MitoCeption)

Radmila Francesca Velarde Martinez



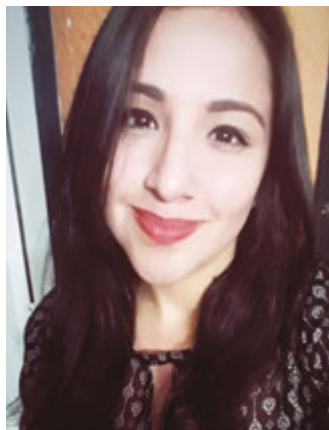
Genética Molecular de la Universidad de Queensland (UQ). Actualmente, colabora de investigación en el grupo de Investigación de Medicina Traslacional en la USFQ, dirigido por Andrés Caicedo.

Sus intereses están dentro del estudio de mitocondrias como posibles agentes inmunes en Medicina Regenerativa. En la USFQ ha trabajado en proyectos como los efectos de la radiación UV en mitocondrias y la función regenerativa y microbial de los macrófagos.

Contacto: radmila.velarde@uqconnect.edu.au

Tema: Mejorando la función regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias (MitoCeption)

Saidy Liceth Vásconez Noguera



Egresada de la carrera de Bioquímica Clínica de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador. El interés de la investigación se enfoca en el análisis de las técnicas de laboratorio empleadas para la detección de *Bordetella* spp., mediante análisis microbiológicos y técnicas moleculares de PCR punto final y PCR en tiempo real. La finalidad del estudio pretende aportar con nuevas metodologías para el diagnóstico oportuno de tosferina en el sistema de vigilancia epidemiológica del país, a fin de satisfacer los requerimientos de especificidad y sensibilidad diagnóstica.

Además, este estudio se realizó como parte de un proyecto acerca de la susceptibilidad a los fármacos de primera línea en cepas aisladas de *Bordetella pertussis*.

Contacto: svasconezn96@gmail.com

Tema: Detection of *Bordetella pertussis* by molecular assays and culture on primary clinical specimens a surveillance study in Quito

Andrea Carolina Sarmiento Ninahualpa



Egresada de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Facultad de Medicina, Carrera de Bioquímica Clínica. Tesista del Centro de Referencia Nacional de Resistencia a los Antimicrobianos del INSPI- Quito.

El interés principal en este estudio fue determinar el comportamiento fenotípico de la BLEE tipo GES en *Pseudomonas aeruginosa* frente a los antibióticos recomendados para este patógeno y caracterizar las variantes del gen *blaGES* circulantes en la ciudad de Quito.

Contacto: anditita26@hotmail.com

Tema: Molecular Characterization of Extended Spectrum β -lactamase GES-type in *Pseudomonas aeruginosa*, Quito 2016

Marco Antonio Santacruz Pozo



Egresado de la carrera de Ciencias Ambientales y Eco desarrollo de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador Sede Ibarra. En su formación colaboró en la investigación de microorganismos solubilizadores de fósforo en suelo agrícola en la provincia del Carchi.

Su proyecto de titulación de pregrado se basa en la elaboración de un biosensor bacteriano, mediante la modificación *Escherichia coli* para la detección de mercurio en agua.

Contacto: antoniosantacruzpozo@gmail.com

Tema: Construcción del biosensor para detección de mercurio en agua



Andrés Sebastián Méndez Morales

Egresado de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Facultad de Medicina, Carrera de Bioquímica Clínica. Tesista del Centro de Referencia Nacional de Resistencia los Antimicrobianos del INSPI- Quito.

Su interés principal en el estudio se enfoca la presencia de la BLEE tipo GES en *Pseudomonas aeruginosa* y su comportamiento fenotípico frente a los antibióticos recomendados para este patógeno debido a que la actividad hidrolítica de esta enzima depende de las 33 variantes del gen *blaGES*.

Contacto: sebasmenendez_93@hotmail.com

Tema: Molecular Characterization of Extended Spectrum β -lactamase GES-type in *Pseudomonas aeruginosa*, Quito 2016.



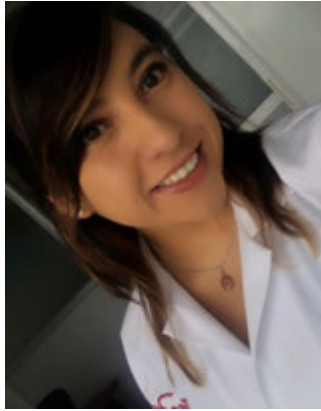
Bayron Orlando Guevara Garzón

Egresado de la Universidad Católica del Ecuador, realizó mi tema de Investigación para la obtención del Título en Ingeniería en Ciencias Ambientales y Ecodesarrollo en esta Universidad.

He participado en el desempeño de investigaciones Eco-Toxicológicas de metales pesados presentes en agua y suelo contaminado para la remediación del medio ya sea de manera aeróbica y anaeróbica. Mi interés principal de estudio se enfoca en el Aislamiento e Identificación de bacterias remediadoras de Cromo presentes en el agua residual de Textiles, el aislamiento e identificación de cepas bacterianas remediadoras de cromo encubadas a diferentes concentraciones, el crecimiento bacteriano y la cantidad de remoción de cromo que tienen las bacterias presentes en el agua residual de textiles.

Contacto: boguevara90@gmail.com

Tema: Aislamiento e Identificación de bacterias removedores de cromo en agua residual de textiles



Pamela Mishell Mosquera Carrera

Estudiante de la carrera de Ingeniería en Biotecnología de la Universidad de las Américas. Actualmente realiza su trabajo de titulación para obtener el grado de Ingeniera en Biotecnología, para ello está involucrada en el proyecto Análisis de la replicación e inestabilidad del genoma, desarrollando el trabajo de investigación “Regulación de la replicación del ADN en respuesta al estrés hipotérmico en *Saccharomyces cerevisiae*.” en el laboratorio de DNA Replication & Genome Instability (DR&GI) del Instituto de Investigación en Salud Pública y Zoonosis (CIZ) de la Universidad Central del Ecuador.

El interés principal del laboratorio de DNA Replication & Genome Instability (DR&GI) es realizar investigaciones básicas sobre la inestabilidad del genoma.

Contacto: pmosquera95@gmail.com

Tema: Regulación de la replicación del ADN en respuesta al estrés hipotérmico en *Saccharomyces cerevisiae*



Valeria Jessenia Faz Tapia

La investigadora se encuentra asociada a un proyecto de investigación de la Universidad de las Américas sobre aislamiento e identificación de bacterias termófilas mediante amplificación del gen 16S rRNA y secuenciación de los amplicones.

Contacto: valerifaz@gmail.com

Tema: Aislamiento e identificación de bacterias termófilas provenientes de la Fuente Geotermal Papallacta en la provincia de Napo



Mariuxi Paola Cervantes Jativa

Egresada de la carrera de Química de Alimentos de la Universidad Central del Ecuador.

Su investigación detalla la presencia de Coliformes totales y *Escherichia coli* en helados de crema artesanales de la parroquia de Caranqui, perteneciente a la ciudad de Ibarra-Ecuador. Su principal enfoque de estudio se basa en la determinación de microorganismos patógenos en productos alimenticios de consumo masivo y los posibles efectos en la salud de la población ecuatoriana por el consumo de dichos productos.

Contacto: mpcervantes@uce.edu.ec

Tema: Determinación de la presencia de Coliformes totales y *Escherichia coli* en helados de crema artesanales de la parroquia de Caranqui, en la ciudad de Ibarra-Ecuador



Yessenia Belén Brito Cuichán

Estudiante de la carrera de Química de Alimentos de la Universidad Central del Ecuador. Ha investigado sobre la resistencia microbiana en carnes de res que son faenadas en Quito- Ecuador.

Su interés principal de estudio se enfoca en evaluar la resistencia de *Escherichia coli* O157: H7 frente a diversos antibióticos utilizados para tratar enfermedades intestinales en reses de camales destinadas al consumo humano.

Contacto: belenbrito@hotmail.es

Tema: Evaluación de la resistencia microbiana de *Escherichia coli* O157: H7 en carne de res faenada en Quito-Ecuador



Josselyn Andrea Sandoval Egas

Egresada de la carrera de Química Farmacéutica de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Central del Ecuador.

El proyecto de Investigación al que pertenezco busca determinar el nivel de contaminación microbiana de dispositivos electrónicos y manos de estudiantes que manejan muestras biológicas en los laboratorios.

Contacto: jase_joss@hotmail.es

Tema: Análisis microbiológico de celulares y manos de estudiantes universitarios que trabajan en laboratorios donde se manipulan muestras biológicas y microorganismos



Vanessa Katherine Moreta Ochoa

Egresada de la carrera de Bioquímica Clínica de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Central del Ecuador.

El proyecto de Investigación al que pertenezco busca determinar la prevalencia de parásitos zoonóticos y bacterias de importancia médica en heces fecales caninas encontradas en parques y calles de la ciudad de Quito y del país. El estudio se encamina a determinar la prevalencia de estos parásitos y la incidencia de los mismos en salud pública.

Contacto: pmaponte@usfq.edu.ec

Tema: Prevalencia de parásitos zoonóticos en heces caninas en áreas urbanas de Quito



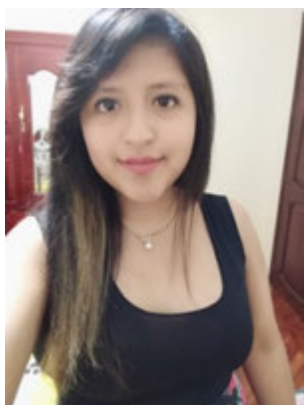
Andrea Belén Bastidas León

Egresada de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Central del Ecuador.

Ha investigado la presencia de *Escherichia coli* 0157:H7 en carne de res faenada en la Empresa Metropolitana de rastro de Quito. Esta investigación está enfocada en conocer la calidad de la carne comercializada en el país y establecer si cumple o no con los requisitos de la normativa INEN respectiva.

Contacto: abbastidas@uce.edu.ec

Tema: Determinación de *Escherichia coli* O157: H7 en carne de res faenada en Quito-Ecuador



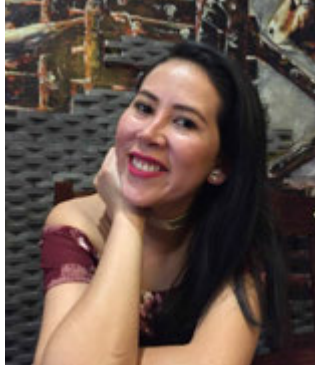
Sofia Abigail Taday León

Estudiante de la Carrera de Ingeniería en Biotecnología, Departamento de Ciencias de la Vida y la Agricultura de la Universidad de las Fuerzas Armadas - ESPE. Ha investigado la extracción, purificación e inmovilización de enzimas de microorganismos con perspectiva en aplicaciones industriales, alimentarias y medio ambientales.

Actualmente trabaja con docentes investigadores de la Carrera de Ingeniería en Biotecnología y del Centro de Nanociencias y Nanotecnología CENCINAT. Su interés principal de estudio se enfoca en la Microbiología Ambiental y en la obtención de productos biotecnológicos a partir de microorganismos ambientales.

Contacto: sataday@espe.edu.ec

Tema: Evaluación enzimática de lipasas extraídas de *Aspergillus niger* crecido en higuera (*Ricinus communis*) por fermentación sólida



Karina Cecibel Alulima Carrón

Master en Análisis Biológico y Diagnóstico de Laboratorio en la Universidad Técnica Particular de Loja.

Actualmente es laboratorista Clínica del dispensario Reina del Cisne de Macará, ha investigado la caracterización fenotípica y genes de resistencia de *Escherichia coli* mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Su interés principal de estudio se enfoca en el análisis molecular de diversas comunidades microbianas, así como también, resistencia bacteriana.

Contacto: karinalulima18@gmail.com

Tema: Caracterización molecular de grupo filogenético y genes de resistencia en *Escherichia coli* BLEE positivo, aisladas de muestras provenientes de mujeres con infección del tracto urinario del hospital Manuel Ygnacio Monteros (IESS)

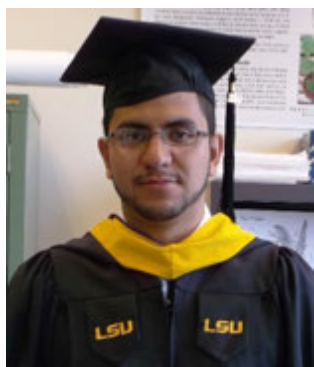


Juliana Nicole Campos Cino

Médico Veterinario y Zootecnista de la Universidad Agraria del Ecuador. Ha investigado sobre la circulación de Leptospiras patogénicas en ratas noruegas. Su interés principal de estudio es el comportamiento de la rata noruega en relación a su desenvolviendo en sectores urbanos y su capacidad como vector de múltiples enfermedades, también profundizar sus estudios y adquirir conocimiento y destreza en el área de microbiología, biotecnología molecular y bioinformática.

Contacto: jcampos@inspi.gob.ec

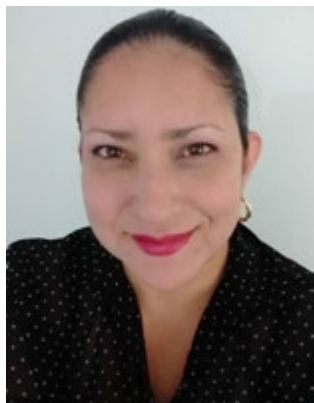
Tema: Circulación de Leptospira patogénicas en ratas noruegas (*Rattus norvergicus*) en la ciudad de Guayaquil



Favio Eduardo Herrera Eguez

Ingeniero Agrónomo de la Escuela Agrícola Panamericana Zamorano. Realizó sus estudios de maestría (MSc) y doctorado (PhD) en Fitopatología y Fisiología de Plantas en la Universidad Estatal de Luisiana (LSU) en Estados Unidos. Sus investigaciones se basaron en la caracterización de patógenos virales en plantas, elaboración de métodos de detección de patógenos por reacción de cadena de polimerasa normal y cuantitativa (PCR y qPCR), ensamblaje de genomas y bioinformática. En la actualidad se desempeña como docente y biometrista en la Universidad Técnica del Norte (FICAYA) para las carreras de Agropecuaria y Biotecnología.

Contacto: feguez@agcenter.lsu.edu



Karol Patricia Torres Yepes

Bacterióloga y Laboratorista clínico de la Universidad Industrial de Santander en Colombia y candidata al título de Magister en Ciencias Básicas Biomédicas de la misma universidad.

Ha trabajado utilizando cultivos celulares primarios a partir de células Decíduales de placenta para evaluar la presencia de marcadores de células madres con potencial actividad inmunoreguladora. Actualmente trabaja en la detección de perfiles de expresión de receptores asociados a procesos inflamatorios crónicos como una alternativa terapéutica para personas con problemas inmunológicos.

Contacto: karol.torres.yepes@gmail.com

Tema: Perfil de Expresión del Receptor de Cannabinoides CB2



Carolina Paola Duré Paredes

Bioquímica Clínica egresada de la Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Nacional de Asunción, Paraguay, realizó sus estudios de Especialización en Bacteriología Clínica en la Universidad del Pacífico de Paraguay.

Actualmente trabaja como docente técnico en el Dpto. de Microbiología del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud de la Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. Tiene interés en levaduras causantes de patologías, resistencia a antibióticos, técnicas moleculares que permitan la caracterización de mecanismos y factores de virulencia.

Contacto: caroladure@gmail.com

Tema: Estandarización de una PCR anidada para la detección



Sonia Edit Abente Acosta

Bioquímica Clínica egresada de la Facultad de Ciencias Química de la Universidad Nacional de Asunción, realizó sus estudios de Especialización en Bacteriología Clínica en la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. Actualmente trabaja como docente investigador en el Dpto. de Microbiología del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud de la Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. Tiene interés en levaduras causantes de patologías, métodos microbiológicos convencionales, patologías oculares y la implementación de técnicas moleculares para el diagnóstico de endoftalmitis.

Contacto: sonia_abente@hotmail.com

Tema: Persistencia post campo quirúrgico con iodopovidona en la microbiota ocular de *Staphylococcus epidermidis* y su capacidad para producir endoftalmitis en un modelo animal



Natali Fernanda Villalta Briones

Odontóloga de la Universidad de Cuenca, realizó sus estudios de maestría en Microbiología en la Universidad de Granada (España), actualmente es alumna del Programa de Doctorado en Medicina Clínica y Salud Pública de la Universidad de Granada.

Ha investigado la actividad antimicrobiana de soluciones irrigadoras empleadas en los tratamientos endodónticos. Su interés principal de estudio se enfoca en la eliminación de biopelículas bacterianas crecidas en el interior del sistema de conductos radiculares, principalmente en áreas anatómicas de difícil acceso que no son comúnmente alcanzadas ni por los instrumentos ni por los irrigantes empleados en endodoncia.

Contacto: natalyv87@correo.ugr.es/natalyv87@hotmail.com

Tema: Eliminación de biopelículas de *Enterococcus faecalis* de istmos dentales



Paula Andrea Leoro Garzón

Bióloga graduada de Nova Southeastern University, Florida, USA. Sus estudios se enfocaron en análisis de virulencia, metagenomas y transcriptomas de *L. giganteum* para el control biológico de vectores virales, principalmente de *A. aegypti* como vector del virus del Zika. Actualmente, dirige la sección de genética del Laboratorio Clínico Inmunolab, donde realiza diagnóstico genético e investigación. Dentro de sus proyectos colaborativos en marcha, destaca la caracterización de virulencia y resistencia a los antibióticos de patógenos de interés humano y veterinario.

Contacto: paula.leorog@gmail.com

Tema: Diversidad alélica de genes productores de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) en *E. coli* aislada de portadores



Verónica Barragán

Graduada de la Facultad de Biología de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, realizó sus estudios de PhD en el Pathogen Microbiome Institute en Northern Arizona University y sus estudios de maestría en Microbiología en la Universidad San Francisco de Quito. Actualmente trabaja como profesora/investigadora en la Universidad San Francisco de Quito. Su investigación se ha centrado en la detección y comprensión de la epidemiología de enfermedades zoonóticas, principalmente en Leptospirosis. Su interés principal es el estudio de la epidemiología de enfermedades zoonóticas mediante la aplicación biología molecular y genómica.

Contacto: vbarragan@usfq.edu.ec

Temas: Hemoparásitos en fauna silvestre remitida al Hospital Veterinario-USFQ; Detección de *Trichinella* spp. en cerdos destinados a consumo humano en mataderos de Ecuador: Resultados preliminares

**Resúmenes de los Expositores de Póster del
Segundo Congreso de Microbiología
Molecular y Aplicada**

Estudio Preliminar: Caracterización y cuantificación molecular de la microbiota vaginal en mujeres ecuatorianas en edad reproductiva

Pacha-Herrera D¹, Vasco G^{1,2}, Almagro J¹, Montenegro N¹, Cruz C³, Galarza JM³, Machado A^{1,*}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología Quito-Ecuador.

² Universidad Central del Ecuador, Ecuador.

³ Hospital Carlos Andrade Marín, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amachado@usfq.edu.ec

ABSTRACT

La biología molecular ha permitido el desarrollo de nuevos métodos de diagnóstico para la evaluación de la microbiota vaginal y la prevención de infecciones vaginales causadas por diferentes patógenos oportunistas o primarios, por medio de la utilización de métodos de alta sensibilidad y especificidad para la amplificación de segmentos de ADN. En el presente estudio se ha realizado la caracterización clásica de la microbiota vaginal a través de microscopía con los criterios de Nugent para evaluar la presencia de microbiota normal, intermedia y vaginosis bacteriana (VB), mientras que el criterio de Donders determinó la presencia de vaginitis aeróbica (VA) y, por fin, el criterio de Marot-Leblond y otros estableció la presencia de Candidiasis. Estos diagnósticos fueron posteriormente comparados a los resultados moleculares obtenidos por PCR y qPCR, los cuales detectaran la prevalencia de: *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Mobiluncus mulieris*, *Escherichia coli*, *Enterococcus* y *Candida* sp. en muestras normales, intermedia y con infección.

Los resultados obtenidos demuestran la prevalencia de VA (27%), de BV (10%) y de Candidiasis (5%) en una población de 191 mujeres. En las mujeres embarazadas (adolescentes y adultas) fue posible observar una prevalencia superior de VA en detrimento de una inferior prevalencia de BV. En la microbiota normal fue posible confirmar la presencia de *Lactobacillus* sp. en todas las muestras, seguido por una prevalencia de *A. vaginae* (82,6%), *M. mulieris* (30,4%), *G. vaginalis* (26,1%) y *E. coli* (26,1%). Ninguna muestra de microbiota normal presentó la detección molecular de *Enterococcus* sp. Una vez que la presencia de bacterias anaeróbicas asociadas a BV fue dominante en microbiota normal, el análisis molecular por PCR en muestras BV reveló un decrecimiento de la prevalencia de *A. vaginae* (78,6%) pero un aumento exponencial de la prevalencia de *M. mulieris* (71,4%) y *G. vaginalis* (71,4%). Por último, los resultados preliminares de qPCR confirman la posibilidad de cuantificar lactobacilos en muestras clínicas y así demostrar en futuras evaluaciones las concentraciones de lactobacilos en la microbiota normal, intermedia y con infección vaginal. Esta evaluación podrá demostrar el decrecimiento de lactobacilos como un biomarcador o como una consecuencia de la proliferación de patógenos oportunistas y/o primarios.

Keywords: Microbiota vaginal, Vaginitis, Patógenos oportunistas, Bacterias, Embarazadas, Adolescentes, Adultas, *Lactobacillus* sp., Biomarcador.

Diversidad y composición de las comunidades de hongos micorrízicos de orquídeas en bosque montano del sur del Ecuador

Ana Salinas¹, María Erazo¹, Miguel Orellana¹, Darío Cueva¹, Ana Trueba² and Antonio Machado^{1,*}

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología Quito-Ecuador.

² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Quito Brain and Behavior Laboratory, Campus Cumbayá, edificio Da Vinci, oficina D316-B, Quito-Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amachado@usfq.edu.ec

ABSTRACT

La microbiota de la mucosa vaginal se compone de un mayor porcentaje de especies de *Lactobacillus* y de un menor porcentaje de patógenos oportunistas entre las que están especies de *Candida*. De las especies de *Candida* se responsabiliza a *Candida albicans* del 90% de los casos de candidiasis vulvovaginal (CV) a pesar de ser considerada parte de la microbiota normal del epitelio vaginal. La CV también parece ser causada por otras especies de *Candida* como *Candida glabrata*, *Candida tropicalis* y *Candida parapsilosis* que se cree están emergiendo por el uso indiscriminado de antifúngicos, pero también se han comenzado a detectar por las nuevas técnicas de diagnóstico (moleculares, agares de aislamiento especializados y pruebas bioquímicas). Al procesar los datos epidemiológicos, de un grupo de aislados de levaduras de un proyecto previo, se determinó que la presencia de levaduras se encuentra más en estudiantes solteras. Además, se pudo observar que la presencia de *Lactobacillus iners* (análisis moleculares realizados previamente) está relacionada con los aislados de levaduras, y se debe tomar en cuenta que esta especie de *Lactobacillus* está relacionada con el incremento de la colonización de especies patógenas oportunistas. Finalmente, se realizó un análisis de PCR de aislados de levaduras, de las cuatro especies de *Candida* mencionadas, pero solo se encontró que el 71.1% eran *C. albicans*, el 15.8% eran *C. glabrata* y el 13.2% restante no se pudo determinar, sugiriendo que hay otras levaduras colonizando el epitelio de mujeres ecuatorianas.

Keywords: Microbiota vaginal, *Lactobacillus* sp., Candidiasis Vulvovaginal, Análisis molecular, Estudio epidemiológico, Adultas jóvenes, Ecuador.

Caracterización molecular de *Moniliophthora roreri*, causante de moniliasis en el cacao en tres provincias del Ecuador: Los Ríos, Manabí y Santo Domingo de los Tsáchilas

Xamara Aguirre, **Diana Mollocana**, Bernardo Gutierrez, M. Lourdes Torres*

Universidad San Francisco de Quito USFQ, Laboratorio de Biotecnología Vegetal, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Campus Cumbayá. EC 170157, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: ltorres@usfq.edu.ec

ABSTRACT

El cacao (*Theobroma cacao* L.) es uno de los principales productos agrícolas del Ecuador. A lo largo de la historia ha ocupado un papel protagónico a nivel internacional convirtiéndose en el mayor productor y exportador de cacao fino de aroma en el mundo aportando significativamente para la economía del país. El cultivo de esta especie se ve afectado por varias enfermedades, siendo una de las más importantes la moniliasis causada por el hongo *Moniliophthora roreri* que ha generado grandes pérdidas en la producción cacaotera ecuatoriana. El objetivo de esta investigación fue la identificación molecular de este hongo mediante el análisis de regiones ITS y de esta forma conocer acerca de la diversidad genética y filogenia de este hongo en tres provincias de Ecuador.

Se aislaron 75 muestras del hongo *M. roreri* provenientes de las tres provincias mencionadas, de 5 fincas en cada provincia. Se extrajo ADN y se realizaron las amplificaciones respectivas para analizar las regiones ITS1 e ITS2. Se obtuvieron fragmentos de aproximadamente 710 pb y todas las secuencias obtenidas se identificaron como *M. roreri*. La diversidad nucleotídica en cada finca analizada fue baja. La evaluación de distancia genética de Weir & Cockerham (1984) (F_{st}) entre fincas de las diferentes provincias evidenció que la mayor distancia genética se encuentra entre la finca 5 de Manabí y la finca 5 de los Ríos (0.607). En el análisis de varianza molecular (AMOVA) se encontró que la mayor parte de la variabilidad genética se encuentra dentro de los individuos analizados (71.29 %). Finalmente, mediante el análisis filogenético de las secuencias de este estudio comparada con otras secuencias de *M. roreri* de América Latina se sugiere que el posible origen de *M. roreri* como patógeno de cacao en la región podría ubicarse en Ecuador (Manabí o Santo Domingo).

Este es el primer reporte que analiza la variabilidad genética de diferentes aislados de *M. roreri* provenientes de fincas en provincias de alta producción de cacao en el Ecuador. Con los análisis realizados se puede entender mejor cuál es el posible origen de este patógeno en la región y su diseminación posterior hacia otros países de América Latina.

Keywords: *Moniliophthora roreri*, Diversidad nucleotídica, Filogenia.

Mejorando la función regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias (MitoCeption)

M. Ortega^{1,3} & F. Velarde¹, F. Cabrera^{2,4}, A. Caicedo^{1,*}

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, COCSA, Escuela de Medicina, Quito-Ecuador

²Universidad San Francisco de Quito USFQ, COCSA, Escuela de Medicina Veterinaria, Quito-Ecuador

³Universidad San Francisco de Quito USFQ, COCIBA, Área de Biotecnología, Quito-Ecuador

⁴Institute for Regenerative Medicine and Biotherapy (IRMB), INSERM U1183, 2 Montpellier University, Montpellier, France

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: acaicedo@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Los macrófagos juegan un rol importante en la regulación de la inflamación y la defensa antimicrobial. Su función esta mediada por la interacción con otras células y factores pro o anti-inflamatorios que controlan su diferenciación, secreción de citoquinas y actividad fagocítica. Las células estromales mesenquimales (MSC en inglés) generan un ambiente anti-inflamatorio y mejoran la eliminación de bacterias a través de la transferencia natural de mitocondrias a macrófagos. Este proceso es parte de la dinámica de reparación normal de una herida. Sin embargo, dependiendo del tamaño de la lesión, presencia de bacterias patógenas y escaso número de MSCs específicas de tejido y estado, puede ocurrir una regeneración incompleta y haber un alto riesgo de infección bacteriana. El objetivo del presente trabajo busca incrementar la capacidad regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transferencia artificial de mitocondrias con la técnica de MitoCeption. Usamos un modelo de diferenciación en macrófagos a partir de células ThP1, las mismas que fueron mitoceptadas con mitocondrias aisladas de leucocitos donados por individuos sanos. En resultados preliminares, se pudo generar macrófagos a través de una gradiente de activación con PMA (phorbol myristate acetate), generando macrófagos en estado neutro (M0). Las células diferenciadas y mitoceptadas presentaron un perfil anti-inflamatorio con una disminución de TNF y aumento de IL-10. Al momento se realizan ensayos de verificación de la actividad fagocítica por qPCR. Estos resultados preliminares encaminan la investigación al uso de la MitoCeption para mejorar la función inmuno-reguladora y antimicrobial en los macrófagos en terapia.

Keywords: Macrófagos, Células estromales mesenquimales, MitoCeption, Células ThP1, Función inmuno-reguladora, Función antimicrobial.

Detection of *Bordetella pertussis* by molecular assays and culture on primary clinical specimens a surveillance study in Quito

S. Vásconez^{1,*}, K. Jaramillo^{1,2}, A. Zabala¹, R. Tamayo^{1,2}, C. Satán^{1,2}, V. Albán^{1,2}, F. Sigcho¹, J. Reyes^{3,4}, J.E Villacís^{1,2}

¹ Carrera de Bioquímica Clínica, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica del Ecuador

² Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública Dr. Leopoldo Izquieta Pérez

³ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Instituto de Microbiología, Quito-Ecuador

⁴ Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Central del Ecuador

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: svasconezn96@gmail.com

ABSTRACT

In the last few years, an increased incidence of Whooping Cough has been observed, which was declared as a re-emergent disease by the World Health Organization (WHO). The causal agent of this disease is *Bordetella pertussis*; mainly affecting unvaccinated pediatric population; and *Bordetella parapertussis* infection which causes pertussis-like illness. Besides the high coverage of vaccination, *pertussis* remains as a global health problem, with approximately 140,000 new cases reported annual. In Ecuador, despite of the introduction of the vaccine in 1997, 77 cases have been reported from 2013 to 2016. The isolation and identification of this bacterium by culture methods is considered the gold standard but a low sensibility. The aim of this study was to evaluate different laboratory methodologies to detect *Bordetella pertussis* on primary clinical specimens. As a part of the vaccine preventable diseases program, a total of 86 nasopharyngeal samples with suspected Whooping Cough were cultured in regan lowe agar according WHO recommendations. Additionally, PCR assay was performed using genes *IS481* and *ptx-A* specific for *Bordetella pertussis* and the *IS1001* was used to detect *Bordetella parapertussis* as well. Notification records were used to relate between phase of disease and laboratory findings. The frequency of *Bordetella pertussis* with culture methods and phenotypic test was 23% while the frequency using PCR assay was 41%. One case of coinfection was detected using molecular techniques. The sensitivity of PCR assay was 79% and the specificity was 71% for the detection of both *Bordetella pertussis* and *parapertussis*. In addition, a statistically significant relationship was found between the paroxysmal phase of the disease and the detection of bacteria by culture in the first 15 days of symptoms. The molecular methods are more sensitive to detect *Bordetella pertussis* in patients with suspected Whooping Cough. These results are important to incorporate molecular methods into the laboratory surveillance system for early detection and report of Whooping Cough in Ecuador.

Keywords: Whooping Cough, *Bordetella pertussis*, *Bordetella parapertussis*, Culture, PCR.

Molecular Characterization of Extended Spectrum β -lactamase GES-type in *Pseudomonas aeruginosa*, Quito 2016

Andrés Méndez^{1,*}, Andrea Sarmiento^{1,*}, José E. Villacís^{1, 2} and F. Villavicencio²

¹ Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Carrera de Bioquímica Clínica.

² Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, RAM.

*Autor principal/Corresponding author, email: sebasmdenz_93@hotmail.com/anditita26@hotmail.com

ABSTRACT

Pseudomonas aeruginosa is one of the most prevalent opportunistic pathogens in health care-associated infections. Its high level of intrinsic resistance to antibiotics and great capacity for acquire new resistances, determines a major difficult to establish an opportune treatment. ESBLs GES-type have a diverse hydrolytic activity mediated by their 33 variants reported worldwide, 12 with carbapenemase activity. Moreover, 55 strains were provided from the National Institute for Public Health Research. Bacterial identification was performed by biochemical tests and automated system *Vitek 2*. The antimicrobial susceptibility was determined using disc diffusion method and minimum inhibitory concentration by automated system *Vitek 2* against the antibiotics recommended by the CLSI (2017). The phenotypic detection of ESBL GES-type was identified by the double disk synergy test between ceftazidime and imipenem. On the other hand, the molecular analyses consisted in the amplification of the *bla*_{GES} gene by endpoint PCR and Sanger type sequencing in Macrogen Korea. The majority of isolates came mainly from ICU with 21%, adult and male population with 99% and 65% respectively. The most frequent sample was secretion with 62%. Moreover, high resistance to extended spectrum cephalosporins and carbapenems with a phenotypic MDR/XDR pattern was found. The double disc synergy test between ceftazidime and imipenem identified 52/54 positive strains for the *bla*_{GES} gene by PCR. Two variants of the *bla*_{GES} gene were determined in 18 strains analyzed, 17 belonging to the variant *bla*_{GES-26} and 1 to the variant *bla*_{GES-5}. The *bla*_{GES-5} and *bla*_{GES-26} are the first report of these variants in Ecuador. Thus place *Pseudomonas aeruginosa* as an emerging threat capable of generate outbreaks in different health centers of Quito.

Keywords: Antibiotic resistance, BLEE, carbapenemase, GES, MDR, *Pseudomonas aeruginosa*, XDR.

Construcción del biosensor para detección de mercurio en agua

Marco Antonio Santacruz Pozo*, Santiago Xavier Mafla Andrade, Diego Javier Jauregui Sierra, Moraima Cristina Mera Aguas

Pontificia Universidad Católica del Ecuador Sede Ibarra, Escuela de Ciencias Agrícolas y Ambientales, laboratorio de microbiología y biotecnología.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: antoniosantacruzpozo@gmail.com

ABSTRACT

El mercurio (Hg) es considerado, uno de los más relevantes contaminantes ambientales a nivel mundial y pesar de que existen diversos métodos para identificarlo tales como la Absorción Atómica, Microscopia Electrónica de Barrido, entre los principales, estos presentan varias desventajas en su metodología, añadido al coste económico que implica la adquisición de equipos y reactivos necesarios. Por lo que una alternativa es la aplicación de la biotecnología misma que conjuga los “principios científicos y de ingeniería a la transformación de materiales por acción de agentes biológicos, microorganismos principalmente, con el fin de proveer a nuestra sociedad de bienes y servicios.” (Blanch, 2010). El objetivo de la presente investigación fue la elaboración de un biosensor bacteriano para la detección de Mercurio en agua mediante la modificación de la bacteria *Escherichia coli*. Para modificarla se insertó el plasmido pTOP Blunt V2, mismo que le otorga a *E. coli* resistencia a la ampicilina. El plasmido se sintetizó mediante los genes de Lux y Mer. Para la inserción del plasmido y transformación de la bacteria se aplicó la técnica de Electroporación, que las somete a impulsos eléctricos controlados. Siendo transformadas se cultivaron en agar LB y comprobo su tolerancia a Hg en concentraciones de 0; 0,006; 0,012; 0,024 y 0,048 ppm. Para evaluar la eficiencia del biosensor, se cuantificó la absorbancia de Hg mediante Espectofotometría de microplacas de la solución de bacterias en medio nutritivo. Se pudo concluir que el biosensor es eficiente para la determinación de concentraciones Hg, gracias a los análisis de Espectofotometría de microplacas los cuales determinaron concentraciones similares a las expresadas por la Espectroscopia de Absorción Atómica del medio nutritivo ausente del biosensor, la comparación de las concentraciones resultó en un error promedio de 0,52%. Demostrando la alta eficiencia para determinar concentraciones del metaloide.

Keywords: Plasmido, Biosensor bacteriano, Concentración, Mercurio, Espectofotometría.

Aislamiento e Identificación de bacterias removedores de cromo en agua residual de textiles

Bayron Orlando Guevara Garzón*, Santiago Xavier Mafla Andrade

Pontificia Universidad Católica del Ecuador sede Ibarra, Escuela de Ciencias Agrícolas y Ambientales. Laboratorio de microbiología y biotecnología.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: boguevara90@gmail.com

ABSTRACT

El cromo es uno de los metales pesados más tóxicos presentes en las aguas residuales de textiles debido a su persistencia en el ambiente, este no puede ser degradado fácilmente, sin embargo, existen microorganismos presentes en el propio medio capaces de interactuar con el medio provocando una serie de transformaciones químicas y a su vez favoreciendo a su eliminación o transformación de su compuesto cancerígeno y haciendo que sea fácil de eliminar. La presente investigación tuvo como objetivo el aislar e identificar cepas bacterianas presentes en el agua residual de textiles para evaluar su uso en la remoción del metaloide, para esto se caracterizó el agua residual de textiles dando como resultado los siguientes parámetros donde se desarrollaron de las bacterias, esta agua tiene un color de 1100 uc, un pH de 2,73 y una DQO de 21056 mg/l, estos parámetros fueron tomados en los laboratorios de la PUCESI bajo manipulación adecuada de muestras, a partir de estas condiciones se aisló cepas bacterianas estas fueron encubadas en medios de cultivo Agar LB y caldo (Nutrient both), las bacterias fueron sometidas a distintas concentraciones de Cromo para posteriormente realizar pruebas de crecimiento en el medio. Se lograron aislar 6 cepas de las cuales de las cuales *Enterococcus haemoperoxidus* mostro los mejores resultados en cuanto a la remoción y crecimiento, con valores de 94.5 % de remoción del metaloide y 115.8×10^6 células en un tiempo de crecimiento celular de 12 horas, Para la identificación de las cepas aisladas se hizo una extracción de ADN de las seis cepas encontradas, el cual fue sometido a una PCR para la amplificación del ADNr 16s y por medio del programa BLAST se identificó las cepas seleccionadas, estas resultaron ser pertenecientes al género: *Maribacter*, *Micrococcus*, *Bacillus*, *Pseudomona*, *Enterococcus*, *Amycolatopsis*. Las cepas remediadoras de cromo fueron evaluadas en la cámara de Espectrofotometría de Absorción atómica por llama donde se destacaron en la remoción del metaloide, dos cepas bacterianas *Enterococcus haemoperoxidus* con valores de remoción de 94.5% y *Maribacter Chugangensis* con una remoción de 93.25% la comparación de remoción es altamente significativa demostrando la alta eficacia de remoción que tienen estas cepas en altas concentraciones de cromo.

Keywords: Cromo, Identificación, Remoción, Metaloide, Cepas, Inoculación.

Regulación de la replicación del ADN en respuesta al estrés hipotérmico en *Saccharomyces cerevisiae*

Mosquera, Pamela^{1,2,*}; Lara, Eliana¹; Poveda, Ana¹

¹ Instituto de Investigación en Salud Pública y Zoonosis, Universidad Central del Ecuador; Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Central del Ecuador.

² Facultad de Ingenierías y Ciencias Agropecuarias, Universidad de las Américas.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: pmosquera95@gmail.com

ABSTRACT

El área biomédica ha realizado varios estudios en cuanto al ciclo celular, muchos de ellos encaminados a comprender los mecanismos de regulación de la replicación y reparación del ADN. En este trabajo se utilizó a la levadura *Saccharomyces cerevisiae* como modelo para analizar la regulación de la replicación del ADN en respuesta al estrés hipotérmico. Se utilizaron diferentes cepas de *S. cerevisiae* que tienen deleciones en una o dos actividades enzimáticas de las rutas del *Checkpoint* en la fase S del ciclo celular. Mediante el uso de técnicas microbiológicas se determinó el crecimiento de las diferentes cepas a 25°C y 4°C (*Droptest* y curvas de crecimiento). Una vez establecido el tiempo de crecimiento de las diferentes cepas y su comportamiento a 4°C, se sincronizó la cepa salvaje y una de las mutantes para determinar si existían diferencias entre la replicación de ambas. Se realizó *Western Blot* para observar la metilación de la histona H3 a 25°C y 4°C. Los resultados obtenidos hasta el momento sugieren que el estrés hipotérmico incide en el crecimiento de las diferentes cepas estudiadas y más directamente en la replicación de las mismas.

Keywords: Regulación del ADN, *Saccharomyces cerevisiae*, Actividades enzimáticas, *Checkpoint*, Western Blot.

Aislamiento e identificación de bacterias termófilas provenientes de la Fuente Geotermal Papallacta en la provincia de Napo

Faz Valeria*, Koch Alma, Izquierdo Andrés, Bastidas Carlos

Universidad de las Américas, Ecuador.

**Autor principal/Corresponding author, e-mail: valerifaz@gmail.com*

ABSTRACT

El Ecuador se encuentra situado en el Cinturón de Fuego del Pacífico. Por este motivo, es un país caracterizado por tener una gran diversidad de fuentes geotermales de origen volcánico o de fallas geológicas. Actualmente son de uso recreativo y terapéutico debido a sus componentes fisicoquímicos, que han sido motivo de estudio a lo largo del tiempo. Sin embargo, no existe mayor información acerca de la biodiversidad microbiana de las fuentes geotermales del país. Por esta razón el objetivo del presente estudio fue el aislamiento e identificación de bacterias termófilas provenientes de la Fuente Geotermal Papallacta ubicada en la provincia del Napo. La temperatura y pH in-situ de la terma fue de aproximadamente 53 °C y 7.1 respectivamente. Las muestras se obtuvieron de agua y sedimento del ojo de la terma, para identificación a partir de ADN total, bajo el procedimiento de secuenciación masiva. Posteriormente, dentro del proceso de aislamiento bacteriano, las muestras se procesaron, inocularon y purificaron en medios de cultivo semiespecíficos. Los aislados bacterianos fueron caracterizados mediante amplificación del gen 16S rRNA y secuenciación. Se aislaron un total de 20 cepas bacterianas con morfología similar y alta producción de esporas. Los resultados de la secuenciación masiva-Illumina indicaron una mayor cantidad de OTUs en el filo *Proteobacteria* tanto en agua como en sedimento con un porcentaje de 47.5% y 69,7 % respectivamente. Dentro del filo *Proteobacteria* la clase más predominante fue *Alpha-proteobacteria* (50 géneros) ya que se conoce que son bacterias cultivables en su mayoría y que proliferan favorablemente en ambientes acuáticos. Las bacterias identificadas en el estudio están relacionadas directamente con la diversidad de ecosistemas del Ecuador y del mundo. La magnitud de bacterias existentes en la fuente geotermal Papallacta, alienta a futuros estudios para explorar otros ambientes extremos y su variedad microbiana de interés biotecnológico.

Keywords: Bacterias termófilas, Agua, Sedimento, Secuenciación masiva, 16S rRNA.

Determinación de la presencia de Coliformes totales y *Escherichia coli* en helados de crema artesanales de la parroquia de Caranqui, en la ciudad de Ibarra-Ecuador

Mariuxi Cervantes

Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador. E-mail: mpcervantes@uce.edu.ec

ABSTRACT

La presente investigación se basa en la realización de un diagnóstico de la calidad higiénica de helados de crema de leche, preparados artesanalmente en la parroquia de Caranqui, perteneciente al cantón Ibarra, en la provincia de Imbabura-Ecuador, producto de consumo masivo por la población del norte del país. Para dicho fin se procedió al aislamiento y cuantificación un grupo de microorganismos indicadores, como lo son Coliformes totales, con lo cual se efectuó una estimación de la calidad microbiológica del producto, posteriormente y con el fin de obtener información más específica, se realizó el aislamiento y cuantificación de *Escherichia coli*, microorganismo índice cuya presencia confirma contaminación de tipo fecal, al estar fisiológica y taxonómicamente relacionado con microorganismos patógenos de dicho origen. El muestreo se realizó tomando 5 muestras de los sabores más vendidos en cada uno de los 5 locales que expenden dicho producto. La metodología de análisis se basó en lo establecido en la norma NTE INEN 706 Helados, requisitos que a su vez establece la metodología ISO 4833 (recuento en placa) para la determinación de coliformes, e ISO 4831 (número más probable y código INVIC) para la detección de *Escherichia coli*. Se determinó que el 100% de los helados analizados esta fuera de los límites establecidos para el recuento de Coliformes totales, mientras que el 56% excede los límites establecidos para *Escherichia coli*. Se concluye por lo tanto, que la calidad higiénica de los helados de crema fabricados artesanalmente en la parroquia de Caranqui debe mejorar, y que su elaboración y comercialización requiere medidas de vigilancia estrictas por parte de las autoridades de salud.

Keywords: Helados, Coliformes totales, *Escherichia coli*, contaminación fecal.

Evaluación de la resistencia microbiana de *Escherichia coli* O157: H7 en carne de res faenada en Quito-Ecuador

Belén Brito, Ana María Hidalgo*

Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amhidalgo@uce.edu.ec

ABSTRACT

La presente investigación hace referencia a la evaluación de la resistencia microbiana de las cepas de *Escherichia coli* O15:H7 aisladas de diferentes tipos de muestras de carne de res provenientes de la sierra y costa del Ecuador faenadas en la Empresa Metropolitana de Rastro de Quito (EMRAQ-EP).

Para el aislamiento del microorganismo *Escherichia coli* O15:H7 se utilizó la técnica AOAC 996.09, y la resistencia antimicrobiana se realizó utilizando la metodología de Kirby-Bauer de difusión por disco en agar, la cual nos permite medir los halos de inhibición del antibiótico frente al crecimiento de *Escherichia coli* O15:H7, para los ensayos se trabajó con cinco antibióticos más utilizados para tratar enfermedades intestinales en las reses de camales siendo estos: Tetraciclina, Gentamicina, Ampicilina, Cloranfenicol y Sulfamidas. Los resultados de la investigación demuestran una resistencia de *Escherichia coli* O15:H7 para antibióticos del grupo de las sulfamidas y ampicilinas y sensibilidad para los antibióticos del grupo de las tetraciclinas y gentamicinas. El mismo ensayo se realizó con una cepa de referencia *Escherichia coli serotipo* O15:H7 ATCC 35150 cuyos resultados reflejan una sensibilidad a antibióticos del grupo de las tetraciclinas, gentamicinas, ampicilinas, sulfamidas y ampicilinas. En el presente trabajo se evidencia que el uso inadecuado de los antibióticos en las reses destinadas a consumo humano ha contribuido a crear resistencia de cepas de *Escherichia coli serotipo* O15:H7 lo cual presenta un riesgo para la salud de los consumidores.

Keywords: Carne, Res faenada, *Escherichia coli* O157:H7, Técnica AOAC 996.09, Resistencia microbiana, Tetraciclina, Gentamicina, Ampicilina, Cloranfenicol, Sulfamidas, Ecuador.

Análisis microbiológico de celulares y manos de estudiantes universitarios que trabajan en laboratorios donde se manipulan muestras biológicas y microorganismos

Andrea Sandoval, Paola Obando y Rommy Téran*

Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Químicas, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: riteran@uce.edu.ec

ABSTRACT

El uso de celulares para documentar los resultados en los laboratorios donde se manejan microorganismos, fluidos biológicos y animales de experimentación, es cada vez más frecuente, no así las prácticas de desinfección de estos dispositivos, ni el lavado correcto de las manos luego de las sesiones prácticas, convirtiéndose así en medios para la propagación de posibles agentes patógenos. Se tomaron muestras de 85 celulares y 91 manos con un hisopo humedecido estéril. Se incubó el hisopo en 9ml de agua peptonada durante 24 horas, se hicieron pases a MacConkey, agar sangre y manitol salado. Los microorganismos aislados se identificaron por medio de pruebas bioquímicas y la sensibilidad a diferentes antibióticos se hizo por el método de Kirby-Bauer. El 100% de los celulares analizados presentaron crecimiento microbiano, siendo *Staphylococcus coagulasa negativo* el más frecuente (78.8%), seguido por *Staphylococcus aureus* (16.5%), otros microorganismos menos frecuentes fueron *Escherichia coli*, *Serratia* spp y *Shigella* en un 5.8% cada una. *Staphylococcus coagulasa negativo* también fue el más frecuente en las manos (58.8%), seguido por *Escherichia coli* (7.77%), *Shigella* (6.66%), *Pseudomonas aeruginosa* (3.66%), *Staphylococcus aureus* (3.33%) y *Citrobacter freundii* (2.22%). Especies de *Bacillus cereus* y *subtilis* también se aislaron en celulares y manos. El 7.1% de las cepas de *Staphylococcus aureus* de los celulares, fueron resistentes a la cefoxitina, el resto de microorganismos mostraron una resistencia menor al 50% frente a los antibióticos ensayados. De los microorganismos aislados en las manos, *Pseudomonas* fueron las que más resistencia presentaron en el estudio, específicamente, 75% a imipenem y 50% a ampicilina. Se identificaron microorganismos potencialmente patógenos, especialmente *Staphylococcus aureus* resistente a la cefoxitina, y cepas de microorganismos que indican contaminación con materia fecal como *Escherichia coli*. Los resultados ponen en evidencia el posible papel de los celulares y manos como mecanismos de transporte y propagación de microorganismos en la comunidad.

Keywords: Laboratorio, Resistencia microbiana, Método de Kirby-Bauer, Cefoxitina, Imipenem, Ampicilina, *Staphylococcus coagulasa negativo*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, Ecuador.

Prevalencia de parásitos zoonóticos en heces caninas en áreas urbanas de Quito

Vanessa Moreta, Vanessa Arguero, Iván Tapia, Rommy Terán e Inés Echeverría*

Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Químicas, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: icecheverria@uce.edu.ec

ABSTRACT

La contaminación fecal canina en el suelo de parques y calles es un potencial problema de salud pública. Los datos sobre la prevalencia de los parásitos en ellas, son escasos. Este estudio calculó la prevalencia de parásitos en heces recolectadas en sectores de recreación y expendio de alimentos en Quito. De julio a diciembre del 2017, 290 muestras se recolectaron en el Parque La Carolina, La J, Las Cinco Esquinas y La Ciudadela Ibarra. Las muestras se analizaron macroscópicamente y por observación directa al microscopio. La concentración de parásitos se hizo por flotación y sedimentación espontánea en tubo. Los huevos de helmintos se cuantificaron en la cámara de McMaster. De las 140 muestras del parque La Carolina, 20 (14.3%) estuvieron contaminadas con al menos un parásito. *Ancylostoma caninum* fue el más frecuente (40%), seguido por *Entamoeba* spp (25%), *Toxocara canis* (20%), *Trichuris vulpis* y *Giardia lamblia* (10%), *Chilomastix mesnili* y *Ascaris lumbricoides* (5%). En el sur se analizaron 150 muestras, 21 de ellas (14%) presentaron parásitos zoonóticos. *Ancylostoma caninum* fue también el más frecuente (42.86%), seguido de *Toxocara canis* (19.05%), *Entamoeba* spp (14.28%), *Ascaris lumbricoides* (4.76%) y *Taenia* spp (4.76%). Dos muestras presentaron larvas macroscópicas (9.52%) y cinco (23.81%) tenían huevos larvados infectantes. En las muestras en las que se identificaron helmintos, el 64.3% mostraron una infestación de entre 500 y 1000 huevos/gr de heces. Se identificaron 8 géneros parasitarios potencialmente patógenos y transmisibles al ser humano. Especialmente, *Ancylostoma caninum* que provoca el síndrome de la larva migrans cutánea, y *Toxocara canis* el de larva migrans visceral y ocular. Los resultados evidencian el rol potencial de los perros como posibles reservorios de infecciones por estos parásitos en el humano. Adicionalmente, al ser sitios donde se venden alimentos sin normas sanitarias, el riesgo de contaminación por vía oral aumenta.

Keywords: Heces caninas, Parque La Carolina, Parásitos, *Entamoeba* spp, *Toxocara canis*, *Trichuris vulpis*, *Giardia lamblia*, *Chilomastix mesnili* y *Ascaris lumbricoides*, Quito, Ecuador.

Determinación de *Escherichia coli* O157: H7 en carne de res faenada en Quito-Ecuador

Belén Bastidas, Ana María Hidalgo*

Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: amhidalgo@uce.edu.ec

ABSTRACT

El presente proyecto de investigación determina la presencia de *Escherichia coli* O157:H7 en muestras de carne de res tomadas en Empresa Metropolitana de Rastro de Quito (EMRAQ-EP). De acuerdo al volumen de producción (EMRAQ-EP) diariamente se faena alrededor de 450 reses, se tomaron muestras de carne al azar durante una semana siguiendo la norma técnica ecuatoriana NTE INEN 776:2012 para Carne y Productos Cárneos. Las muestras de este estudio fueron tomadas de tres sitios específicos de la canal: cuadril, pecho y tejido del costado; de reses provenientes de la sierra y costa del Ecuador. Para la determinación de *Escherichia coli* O157:H7 se utilizó el método oficial AOAC 996.09 que consiste en la inmuno-precipitación de flujo lateral para la detección de microorganismos. El fundamento del método de ensayo forma un complejo antígeno-anticuerpo cromógeno que se detecta visualmente si el microorganismo se encuentra presente.

El desarrollo experimental se realizó en el Laboratorio de Microbiología de Alimentos de la Facultad de Ciencias Químicas. La investigación permitió encontrar que el 3% de las muestras de carne de res provenientes de la sierra y costa del Ecuador tienen presencia de *Escherichia coli* O157:H7 estos resultados fueron comparados con la norma técnica ecuatoriana NTE INEN 1338:2012 para carne y productos cárnicos determinando que las muestras no cumplen con los requisitos de calidad e inocuidad.

Keywords: Carne, Res faenada, *Escherichia coli* O157:H7, Antígeno-anticuerpo, Sierra, Costa, Ecuador.

Evaluación enzimática de lipasas extraídas de *Aspergillus niger* crecido en higuera (*Ricinus communis*) por fermentación sólida

Taday Sofia¹, Avalos Rodrigo¹, Granda Silvana¹, Izquierdo Andrés^{1,2}

¹ Departamento de Ciencias de la Vida y la Agricultura, Ingeniería en Biotecnología, Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, Av. Gral. Rumiñahui s/n, Sangolquí, P.O. BOX 171-5-231B, Ecuador.

² Centro de Nanociencias y Nanotecnología CENCINAT, Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: sataday@espe.edu.ec

ABSTRACT

Las lipasas durante la última década han sido empleadas en el 85% de los bioprocesos de la industria alimentaria, agroquímica y farmacéutica en Latinoamérica, pero su uso es limitado en el Ecuador por los altos costos.

El presente estudio tiene como objetivo evaluar la actividad enzimática de lipasas extraídas de *Aspergillus niger*, crecidas en sustratos de higuera (*Ricinus communis*).

Se trabajó con una cepa de *Aspergillus niger* obtenida del laboratorio de Biotecnología-ESPE.

El hongo se inoculó en 3 sustratos de higuera: semilla, cáscara y mixto (semilla y cáscara).

Para su crecimiento por fermentación sólida (SSF) se adecuaron condiciones óptimas como: 40 °C, pH 7 y flujos moderados de oxigenación por 10 días. Se realizaron 3 ensayos (8 réplicas cada ensayo más un control), obteniéndose un mayor crecimiento del hongo, los días 5, 7 y 10 en los 3 tratamientos. Se extrajo la enzima en medio sólido-líquido por centrifugación y dilución en buffer fosfato pH 7,10. Se determinó la actividad enzimática de los extractos los días 5, 7 y 10, con concentraciones de sustrato (aceite de oliva) de 0.1, 0.25, 0.5 µmol/ml y a tiempos de 5, 10 y 20 minutos de incubación a 37 °C. Para la obtención de datos se realizó una valoración química por titulación con NaOH 1N (agente titulador) y fenolftaleína (indicador).

Graficando los valores obtenidos se observó un comportamiento hiperbólico correspondiente a la ecuación de Michaelis-Menten. Se evaluó los parámetros cinéticos de la enzima utilizando el modelo matemático de Lineweaver-Burk, presentando una cinética óptima para el día diez en semilla con una constante de Michaelis (Km) de 0,183 M y una velocidad máxima (V_{máx}) de 4,021 U. Estos resultados indican una actividad enzimática de lipasas extraídas de higuera óptima para su potencial uso industrial y rentable por la utilización de sustratos económicos.

Keywords: Lipasas, Actividad enzimática, Fermentación sólida, *Aspergillus niger*, *Ricinus communis*, Ecuación de Michaelis-Menten, Modelo matemático de Lineweaver-Burk.

Caracterización molecular de grupo filogenético y genes de resistencia en *Escherichia coli* BLEE positivo, aisladas de muestras provenientes de mujeres con infección del tracto urinario del hospital Manuel Ygnacio Monteros (IESS) durante el período marzo – agosto 2017

Baculima P. Daysi¹, Alulima C. Karina^{2,*}

¹ Docente Investigador Sección Genética, Microbiología y Bioquímica Clínica de la Universidad Técnica Particular de Loja.

² Magister en Análisis Biológico y Diagnóstico de Laboratorio en la Universidad Técnica Particular de Loja.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: karinalulima18@gmail.com

ABSTRACT

Las infecciones del tracto urinario son las más frecuentes a nivel comunitario e intrahospitalario, las cuales predominan en personas del sexo femenino debido a su condición anatómica; determinada por la colonización de bacterias principalmente *Escherichia coli* patógena extraintestinal (ExPEC), la misma que, posee rasgos de virulencia que le permiten invadir y promover enfermedades en sitios corporales fuera de su hábitat; sin embargo, diversas cepas han desarrollado multiresistencia hacia fármacos especialmente betalactámicos, que se han asociado con la formación de betalactamasas, esto probablemente se deba varios factores que impulsan la aparición y diseminación de BLEE como: el uso previo de antibióticos, factores ambientales, epidemiología molecular, plasticidad de proteínas, evolución, origen y la clonalidad del gen CTX-M. Por tal motivo, el objetivo de la presente investigación fue determinar el grupo filogenético, genes de resistencia y evaluar la relación entre estos dos grupos aislados de muestras provenientes de mujeres del hospital “Manuel Ygnacio Monteros”. Se trabajó con 39 cultivos bacterianos provenientes de mujeres con infección del tracto urinario causado por *E. coli* BLEE positivo. BLEE se confirmó mediante la prueba sinergia de doble disco. En cuanto la detección de grupo filogenético y genes de resistencia se realizó a través de la técnica reacción en cadena de la polimerasa multiplex. Por lo tanto, se identificó tres grupos filogenéticos A, B2 y D con 10%, 31% y 59% respectivamente; mientras que los principales genes de resistencia caracterizados fueron el 95% *bla* CTX-M, 48% *bla* CTX-M13, seguidopor *bla*TEM con 45% (18/39), gen *blactx*-M grupo9 15% y finalmente el gen *bla*SHV con 8%. Aunque no se encontró valores significativos entre el grupo filogenético, genes de resistencia y servicio de salud, se observó la prevalencia del filogrupo D y el gen de resistencia *bla* CTX-M a nivel comunitario.

Keywords: *Escherichia coli*, Grupo filogenético, Genes de resistencia.

Circulación de *Leptospira* patogénicas en ratas noruegas (*Rattus norvegicus*) en la ciudad de Guayaquil

Juliana Campos^{1,*}, Karla Parraga¹, Alberto Orlando^{1,2}, Eduardo Jurado¹, Nuria Sans²

¹ Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública INSPI-LIP, Guayaquil-Ecuador.

² Universidad Agraria del Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: jcampos@inspi.gob.ec

ABSTRACT

La leptospirosis es una de las enfermedades zoonóticas que más afectan a los climas tropicales y subtropicales, principalmente donde el índice de lluvias es alto; existe comúnmente el reservorio los roedores del género *Rattus*, la rata negra (*Rattus rattus*) y la rata noruega (*Rattus norvegicus*). En Guayaquil existen aproximadamente por cada habitante hay 25-30 ratas y además estiman que cada año se reproducen entre 30 y 50 millones ratas, lo que orienta a este estudio a identificar y evaluar la presencia de *Leptospiras* patogénicas en estos. Para efecto de este estudio se realizaron protocolos de captura en base a los indicadores que determinarían la presencia de ratas: depósitos amplios de basura, zanjas, alcantarillas. Las sesiones de captura duraron 8 semanas extendiéndose por un periodo de 3 semanas más, se estimó que el porcentaje de captura por cada sesión era del 5%, se definieron tres principales puntos de captura: la zona norte, centro y sur de la ciudad, de cada punto se obtuvieron 10 roedores, en total se capturaron 30 ejemplares de *Rattus norvegicus* en todo el periodo. El análisis de los sueros se realizó mediante la prueba de microaglutinación microscópica (MAT) donde se confrontaron los sueros con un panel de 25 serovares patogénicos, las diluciones que fueron tomadas como positivas fueron >1:200. Las muestras de *Rattus norvegicus* para los ensayos de qPCR se tomaron partir de ambos riñones. Del total de ratas capturadas, el 80% (24/30) presentaron resultados positivos para MAT y 20% (6/30) negativos, se observó altos títulos de aglutinación contra el serovar icterohaemorrhagiae (n=12/30), serovar sejroe (n=16/30), serovar gryppotyphosa (n=7/30). Para el diagnóstico de qPCR se tomaron los riñones de cada ejemplar para la identificación de *Leptospiras* patogénicas, los resultados que se obtuvieron fueron que el 20% (6/30) de las muestras resultaron positivas para la primera amplificación de *Leptospiras* patogénicas amplificándose los blancos para *LipL32* y *16s* y en la segunda amplificación para la identificación de *L. interrogans* el 66% (4/6) de las muestras que resultaron positivas en el análisis de *Leptospiras* patogénicas, amplificación el blanco de *SecY*.

Keywords: Enfermedades zoonóticas, *Rattus norvegicus*, *Leptospiras*, Zona norte-centro-sur de Guayaquil, serovar icterohaemorrhagiae, serovar sejroe, serovar gryppotyphosa, Ecuador.

Classic RACE technique protocol to obtain the 5' ends of complex *Potyviridae* genomes

Herrera F.*, Valverde RA, Clark CA

Louisiana State University, Department of Plant Pathology and Crop Physiology, United States.

**Autor principal/Corresponding author, e-mail: feguez@agcenter.lsu.edu*

ABSTRACT

Rapid amplification of cDNA ends (RACE) is a molecular biology technique used to identify 5' and 3' ends of a cDNA transcript from partial cDNA. Over time, the technique has been modified by several laboratories to adjust the results to the organism of interest. At the same time, the technique has been commercialized into several kits, where the kit chosen depends on the genome of the organism with varying results. Potyviruses are the most common viral infections that sweetpotato (*Ipomoea batatas*) faces in Louisiana, United States. Their genome is composed of a positive sense single stranded RNA of ~11kb. The total genome is coded into a mature polyprotein which is later cleaved in conserved sites that will produce the main viral proteins. These proteins has been used to identify strains or new species from previously described Potyviruses. However, their identification by traditional and phylogenetic means has been troublesome due to their high nucleotide and amino acid sequence similarity. The poster presents the steps involved in the acquisition of the 5' ends to complete different viral strains collected in Louisiana from sweetpotato production fields. The objective of the project was to characterize the Potyviruses that are present in the United States and compare their genetic variation from Potyviruses described around the world.

Keywords: RACE, 5' end, Potyvirus, Sweetpotato.

Perfil de Expresión del Receptor de Cannabinoides CB2 en Pacientes Infectados con VIH

Karol Patricia Torres Yepes¹, Fernando Stiven Fuentes Abreu², Agustín Vega Vera³, Hermán José Arteaga⁴

¹ Estudiante de Maestría en Ciencias Básicas Biomédicas, Universidad Industrial de Santander, Colombia.

² Grupo de Investigación en Inmunología y Medicina Molecular, Universidad Industrial de Santander, Colombia.

³ Departamento de Infectología, Hospital Universitario de Santander, Colombia.

⁴ Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Industrial de Santander, Colombia.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: karol.torres.yepes@gmail.com

ABSTRACT

Los endocannabinoides regulan la actividad de las células inmunitarias actuando sobre los receptores CB2. En células infectadas por VIH, NF-κB induce la transcripción de genes celulares y del genoma viral. Se ha demostrado, *in vitro*, que análogos de cannabinoides regulan negativamente la replicación del VIH inhibiendo NF-κB. CB2 se expresa preferencialmente en células crónicamente activadas y media el efecto inmunoregulador de los endocannabinoides, sin causar inmunosupresión. El objetivo del estudio fue establecer la diferencia entre los perfiles de expresión del receptor CB2 en pacientes infectados con VIH y los Controles sin VIH. Se reclutaron 30 voluntarios de los cuales, 15 fueron diagnosticadas con VIH en diferentes estadios. Los 15 restantes fueron seleccionados como controles descartando la infección utilizando inmunoensayo cromatográfico de flujo lateral (ad-bio). Se realizó extracción de sangre periférica a cada participante y se separaron los mononucleares utilizando Ficoll para posteriormente extraer el ARN total. A partir de este ARN se obtuvo ADNc para la cuantificación relativa de la expresión del gen CNR2 por qPCR utilizando como gen de referencia GAPDH. Los ADNc fueron evaluados por duplicado en ensayos independientes. Los resultados fueron descritos como sobreexpresión del gen *CNR2* en personas infectadas con el virus VIH con respecto a las personas sin el virus. Se observó un aumento en la expresión del gen *CNR2* del receptor de Cannabinoides CB2 en personas infectadas con el virus del VIH con respecto a las personas ingresadas como controles en este estudio. Los receptores de cannabinoides CB2 se sobreexpresan en enfermedades que cursan con estados inflamatorios crónicos como lo es el VIH en contraste con aquellos personas que no portan. Estos receptores al ser activados, ejercen un efecto inmunomodulador, por tanto, el conocimiento de estos receptores ayudaría a producir análogos de cannabinoides que se usen en el tratamiento de VIH.

Keywords: Endocannabinoides, Células inmunitarias, VIH, Inmunoensayo cromatográfico de flujo lateral, Gen *CNR2*, Receptor de Cannabinoides CB2, Tratamiento de VIH, Colombia.

Estandarización de una PCR anidada para la detección y diferenciación de bacterias Gram positivas y Gram negativas en fluidos intraoculares

Carolina Duré^{1,*}, Margarita Samudio¹, Norma Fariña¹, Julio Barrios², Rosa Guillén¹, Yolanda López¹, Fátima Rodríguez¹

¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud. Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.

² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: caroladure@gmail.com

ABSTRACT

La endoftalmitis bacteriana presenta un dilema terapéutico debido a que los métodos microbiológicos convencionales son poco sensibles, por lo cual las técnicas moleculares se están empleando cada vez más, mostrando un aumento significativo en la sensibilidad y reduciendo el tiempo de diagnóstico. El estudio tuvo como objetivo definir las condiciones óptimas de reacción en cadena de la polimerasa anidada (PCR anidada) para la detección y diferenciación de Gram, que pueda ser utilizada en muestras biológicas de baja carga bacteriana. Se utilizaron aislamientos de *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae* y *Escherichia coli*. La extracción de ADN se realizó con un kit comercial. Para la sensibilidad se realizaron diluciones seriadas a partir de muestras de ADN cuantificadas. Se estandarizó la PCR anidada descrita por Carroll *et al.* (2000) que consta de una primera ronda que utiliza cebadores basado en secuencias conservadas del gen 16S ribosomal y una segunda ronda de cebadores NF/NR/P2F que resultan en un amplicón único de 1025 pb para gramnegativas y de 355 pb para grampositivas. Los productos de PCR fueron visualizados por electroforesis en gel de agarosa al 2%. Se introdujeron modificaciones a la PCR anidada descrita por Carroll *et al.* (2000) en las condiciones de reacción, aumento del número de ciclos en la primera ronda y de los tiempos de reacción en ambas rondas. Se obtuvieron los productos esperados de 355 pb para las bacterias grampositivas: *S. aureus* y *S. pneumoniae* con una sensibilidad de detección de 3.10^{-5} ng/ μ L en *S. aureus*, $2,5.10^{-3}$ ng/ μ L en *S. pneumoniae* y 1025 pb para la bacteria gramnegativa *E. coli* con una sensibilidad de 6.10^{-7} ng/ μ L. Se establecieron las condiciones óptimas de reacción de la PCR anidada que presentó muy buena sensibilidad aplicable al diagnóstico etiológico oportuno y rápido en materiales biológicos con baja carga bacteriana como son los fluidos intraoculares.

Keywords: PCR anidada, Endoftalmitis, Sensibilidad, Paraguay.

Persistencia post campo quirúrgico con iodopovidona en la microbiota ocular de *Staphylococcus epidermidis* y su capacidad para producir endoftalmitis en un modelo animal

Sonia Abente^{1,*}, Margarita Samudio¹, Carolina Duré¹, Jason Penniecook², Emilio González², Vanesa Villalba², Fátima Correa², Alicia Schinini¹, Susy Figueredo¹, Florentina Laspina¹

¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud de la Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.

² Fundación Visión, Paraguay.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: sonia_abente@hotmail.com

ABSTRACT

Staphylococcus epidermidis se encuentra entre los principales agentes etiológicos de endoftalmitis postquirúrgica y frecuentemente forma parte de la microbiota ocular. La desinfección con yodo povidona (IOP5%) es la medida preventiva más eficaz en cirugía de catarata. Con el fin de evaluar el potencial rol del *S. epidermidis* como agente etiológico de endoftalmitis post operatoria, se determinó el perfil de virulencia de los aislados de *S. epidermidis* que resisten el campo quirúrgico, además de su capacidad de producir endoftalmitis en un modelo animal. Se incluyeron pacientes intervenidos de catarata en quienes se tomaron muestras conjuntivales para cultivo del ojo a ser operado antes de la cirugía; luego de la desinfección con IOP5% y al término de la cirugía. Se determinaron los perfiles de virulencia (*mecA*, *ica* y *atlE*) y antibiograma en cada aislado. Se seleccionaron dos cepas de *S. epidermidis* (una multiresistente y la otra sensible) que persistieron la desinfección y se inocularon 1000 UFC a 7 conejos albinos Nueva Zelanda, que fueron monitoreados clínicamente y ecográficamente para detectar signos de endoftalmitis y sacrificados 15 días post inoculación para estudios anatómo-patológicos. En 16 de 59 pacientes sometidos a cirugía de cataratas, después de la desinfección con IOP5%, se aislaron *S. epidermidis*; en 7 pacientes, los aislados antes y después de la desinfección, presentaron igual antibiograma y perfil de virulencia. Las dos cepas produjeron endoftalmitis en diferentes grados en todos los conejos inoculados, a las 18 horas post inoculación al examen clínico y ecográfico, y comprobado por estudios anatómo-patológicos. Los resultados de este estudio ponen de manifiesto el riesgo potencial del *Staphylococcus epidermidis* presente en la microbiota ocular de producir endoftalmitis postoperatoria, evidenciado por la persistencia post-desinfección con IOP5% y por su capacidad de producir endoftalmitis en el modelo animal.

Keywords: Microbiota ocular, *Staphylococcus epidermidis*, Factores de virulencia, Cirugía de catarata, Endoftalmitis, Paraguay.

Eliminación de biopelículas de *Enterococcus faecalis* de istmos dentales

Villalta-Briones NF*, Ferrer-Luque CM,

Baca P, Ruiz-Linares M, Arias-Moliz MT

Departamento de Microbiología, Facultad de Odontología, Universidad de Granada, Granada, España.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: natalyv87@correo.ugr.es

ABSTRACT

El diente es un órgano que está constituido por tejido mineralizado en cuyo interior se encuentra una cavidad, misma que alberga al paquete vasculonervioso dental denominado Pulpa Dental. Esta cavidad presenta variaciones anatómicas de diferente grado de complejidad llegando a constituir un verdadero sistema de conductos radiculares, ya que además del conducto principal presenta diferentes ramificaciones tales como los istmos, los cuales no son comúnmente alcanzados ni por los instrumentos ni por las sustancias irrigantes (antimicrobianas/quelantes) empleadas en los tratamientos endodónticos. Los istmos dentales son comunicaciones estrechas y acintadas entre dos conductos radiculares que contienen cantidades variables de tejido pulpar. Cuando la pulpa dental se infecta, los istmos son invadidos por bacterias y sus productos, especialmente por *Enterococcus faecalis*. Estos microorganismos se organizan dando lugar a la formación de biopelículas, siendo más resistentes a la fagocitosis, anticuerpos y antimicrobianos que cuando crece en forma planctónica, además *E. faecalis* es capaz de provocar inhibición linfocitaria lo cual contribuye potencialmente al fracaso en el tratamiento endodóntico, cuyo principal objetivo es eliminar o reducir significativamente las biopelículas bacterianas del sistema de conductos radiculares mediante procedimientos químico-mecánicos (irrigación/instrumentación). El objetivo de esta investigación es evaluar la actividad antimicrobiana de la solución combinada de hipoclorito sódico (NaOCl) y ácido etidróico (HEBP) frente a biopelículas de *E. faecalis*, y la eliminación de las mismas del interior de conductos radiculares e istmos tras la preparación químico-mecánica. En este estudio se incluyeron raíces mesiales de molares inferiores divididas en tercios, con presencia de istmos en los tres tercios (coronal, medio y apical) y con istmos sólo en los tercios coronal y medio. Posteriormente los conductos radiculares se contaminaron con una suspensión de *E. faecalis* de aproximadamente 107 unidades formadoras de colonias por mililitro (ufc/ml) y se incubaron a 37°C durante una semana, añadiendo caldo BHI estéril cada 24 horas. Una vez crecidas las biopelículas en el interior de los conductos radiculares, las raíces se dividieron en dos grupos: uno al que no se le realizó ningún tratamiento (grupo control) y otro que se irrigó con NaOCl al 2,5% + HEBP al 9% durante la preparación químico-mecánica. A continuación los tres tercios de cada raíz se tiñeron con los fluorocromos Syto-9 y Ioduro de Propidio y se observaron el microscopio laser confocal. Las imágenes obtenidas se examinaron con el software bioimage_L y, finalmente, los resultados se analizaron estadísticamente con el programa SPSS. La reducción del biovolumen de bacterias fue mayor en los tercios coronal y medio del conducto mientras que no fue significativa ni en el tercio apical ni en los istmos. Tampoco se encontraron diferencias significativas en el porcentaje de muerte de bacterias de los conductos e istmos de las muestras control y tratamiento en todos los tercios. Por lo tanto, los resultados de este estudio nos sugieren que la actividad antimicrobiana de la combinación de NaOCl y HEBP no fue efectiva frente a las biopelículas de *E. faecalis* crecidas en el tercio apical de los conductos radiculares y en istmos.

Keywords: Cavidad dental, *Enterococcus faecalis*, Biopelículas, Actividad antimicrobiana, Hipoclorito sódico (NaOCl), Ácido etidróico (HEBP), Granada, España.

Diversidad alélica de genes productores de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) en *E. coli* aislada de portadores sanos en Quito-Ecuador

P. Leoro Garzon^{1,2,*}, M. Haro^{1,2}, D. Ortega-Paredes^{2,3}, G. Leoro-Monroy¹

¹ Laboratorio Clínico Inmunolab, Av. Gran Colombia n13-18 y Julio Castro, Quito, Ecuador.

² Life Science Initiative, Lsi-Ec.Org.

³ Facultad de Medicina, Universidad De Las Américas, Redondel Del Ciclista, Antigua Vía A Nayón, Quito, Ecuador.

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: paula.leorog@gmail.com

ABSTRACT

La prevalencia de infecciones causadas por *E. coli* productora BLEE y en especial portadora de variantes de la cefotaxima-Múnich (*bla*_{CTX-M}) se ha incrementado de manera alarmante en los últimos 15 años. La colonización del tracto gastrointestinal humano con cepas portadoras de estos genes se considera importante para la propagación de BLEE y como fuente de infecciones clínicas. Por este motivo, es necesaria la vigilancia de su epidemiología. Se analizaron 50 muestras de heces humanas, de pacientes que autorizaron su participación en el estudio. Se aisló y caracterizó *E. coli* productora de BLEE empleando agar selectivo (ceftriaxona 5ug/ml), degradación de sustratos, maldi-tof, difusión en disco, microdilución, BOX-PCR y secuenciación. La mitad de las muestras (46%) fueron positivas para *E. coli* productora de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y resistentes a tres o más familias de antibióticos. Se identificó una alta diversidad génica en los aislados y filogrupos relacionados con cepas clínicas y ambientales. El grupo *bla*_{CTX-M-1} fue el más prevalente, seguido por el grupo 9. Se identificó una mayor prevalencia de la variante *bla*_{CTX-M-15} y 3 seguidas de las variantes 55, 65 y 30. Además, se identificó un aislado portador del gen *bla*_{CMY-M-2}. Las variantes alélicas identificadas concuerdan con las identificadas en infecciones humanas, pero también con las variantes alélicas identificadas en alimentos y el ambiente, lo cual sugiere que los portadores sanos son un reservorio de cepas clínicas y ambientales, así como un medio de intercambio génico y diseminación. Nuestros resultados resaltan la necesidad de un monitoreo constante de portadores sanos y alertan sobre la necesidad de tomar medidas en cuanto al uso adecuado de los antibióticos en medicina humana, veterinario y en la agroindustria.

Keywords: Epidemiología, *E. coli* productora BLEE, Cefotaxima-Múnich (*bla*_{CTX-M}), Maldito, Difusión en disco, Microdilución, BOX-PCR, Secuenciación, Diversidad, gen *bla*_{CMY-M-2}, Ecuador

Hemoparásitos en fauna silvestre remitida al Hospital Veterinario-USFQ

Anahi Hidalgo¹, Verónica Barragán², Christian Ponce¹, Eduardo Díaz¹

¹ Universidad San Francisco de Quito USFQ, Escuela de Medicina Veterinaria

² Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: eadiaz@usfq.edu.ec

ABSTRACT

Los hemoparásitos, son organismos que viven en la sangre de un hospedador, del cual dependen para su supervivencia. Estos se encuentran distribuidos mundialmente e infectan a una gran variedad de mamíferos, aves, reptiles, peces y anfibios. El carácter zoonótico de estos procesos parasitarios conlleva la necesidad de estudiar esta problemática. La transmisión de estos parásitos se da por medio de vectores, entre ellos, los artrópodos como: garrapatas, pulgas, piojos y mosquitos. Existen 8 trabajos publicados sobre hemoparásitos en animales silvestres en Ecuador, de los cuales 6 de ellos tratan sobre algunas especies de aves, 1 trabajo trata sobre reptiles y tan solo 1 trabajo trata sobre mamíferos. Para este trabajo se analizaron los resultados de 282 frotis sanguíneos de animales silvestres remitidos al laboratorio del Hospital Docente de Especialidades Veterinarias - USFQ (HDEV-USFQ). Las placas fueron evaluadas para la presencia de hemoparásitos mediante métodos convencionales de microscopía. Se encontró positividad a al menos un género de hemoparásito en el 38 % de animales. Los géneros de hemoparásitos encontradas fueron: *Mycoplasma*, *Hepatozoon*, *Microfilaria*, *Anaplasma*, *Babesia*, *Trypanosoma* y *Ehrlichia*. *Mycoplasma* fue el género predominante, el cual se encontró en 80 animales de los cuales 79 fueron mamíferos. Este es el primer reporte de *Mycoplasma* en mamíferos silvestres del Ecuador. Adicionalmente, se encontró *Microfilaria* en *Melanosuchus niger*. En concordancia con otros estudios, *Hepatozoon* fue encontrado en reptiles, *Trypanosoma* en *Bradypus tridactylus*, *Babesia* spp., *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp. en mamíferos. Los datos obtenidos en esta investigación hacen referencia a una población de fauna silvestre con pocos estudios publicados, por lo que representa una línea base para posteriores investigaciones.

Palabras clave: Hemoparásitos, *Mycoplasma*, *Hepatozoon*, *Microfilaria*, *Babesia*, *Anaplasma*, *Ehrlichia*, *Trypanosoma*.

Detección de *Trichinella* spp. en cerdos destinados a consumo humano en mataderos de Ecuador: Resultados preliminares

Eduardo Díaz¹, Sebastián Galecio¹, Patricia Zambrano², Nicole Flores¹, David Noboa, Verónica Barragán³

¹Universidad San Francisco de Quito USFQ, Escuela de Medicina Veterinaria

²Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López

³Universidad San Francisco de Quito USFQ, Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales

*Autor principal/Corresponding author, e-mail: eadiaz@usfq.edu.ec

ABSTRACT

La triquinelosis es una zoonosis provocada fundamentalmente por el consumo de carne cruda, o poco cocinada, de cerdos infectados con larvas de *Trichinella* spp. De distribución cosmopolita, son las deficientes condiciones higiénico-sanitarias las que favorecen la transmisión del patógeno. Actualmente existe una considerable incertidumbre en países en vías de desarrollo con respecto a la prevalencia del parásito, pudiendo existir una subestimación significativa de la incidencia debido a la falta de protocolos estandarizados para el diagnóstico. En Sudamérica el parásito ha sido detectado en Argentina, Bolivia y Chile, pero los estudios han sido negativos en Brasil, Colombia y Perú; en Ecuador los datos actuales no son concluyentes. El presente trabajo pretende detectar la presencia de *Trichinella* spp. en cerdos de producciones no tecnificadas del país mediante digestión artificial de muestras musculares. Los resultados han sido negativos en 2 de los 7 mataderos seleccionados para el estudio. Los datos obtenidos serán de gran utilidad para determinar la necesidad de iniciar planes de prevención y control de la trinquelosis en el país.

PALABRAS CLAVE: *Trichinella*, trichinelosis

Registro Fotográfico de los Eventos del Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada

Día 1: Martes 31 de julio de 2018
Microbiología Clínica



Ilustración 1: Bienvenida del II Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada por Santiago Gangotena



Ilustración 2: Bienvenida del II Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada por Stella de la Torre



Ilustración 3: Bienvenida del II Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada por Sonia Zapata



Ilustración 4: Presentación de la Asociación Americana de Microbiología (ASM) por Antonio Machado



Ilustración 5: Las encrucijadas en epidemiología molecular en infecciones bacterianas por Gabriel Trueba



Ilustración 6: Estudios del microbioma humano en Ecuador por Paúl Cárdenas



Ilustración 7: Caracterización fenotípica y genotípica de aislamientos clínico costarricenses de *Cryptococcus gottii* por Daniela Jaikel



Ilustración 8: *Campylobacter* spp., un problema emergente – Estudio de prevalencia, resistencia antimicrobiana y distribución ecológica por Zorayda Toledo



Ilustración 9: Identificación de *Sporothrix globosa* como agente causal de esporotricosis humana en Costa Rica por Stephany Lozada

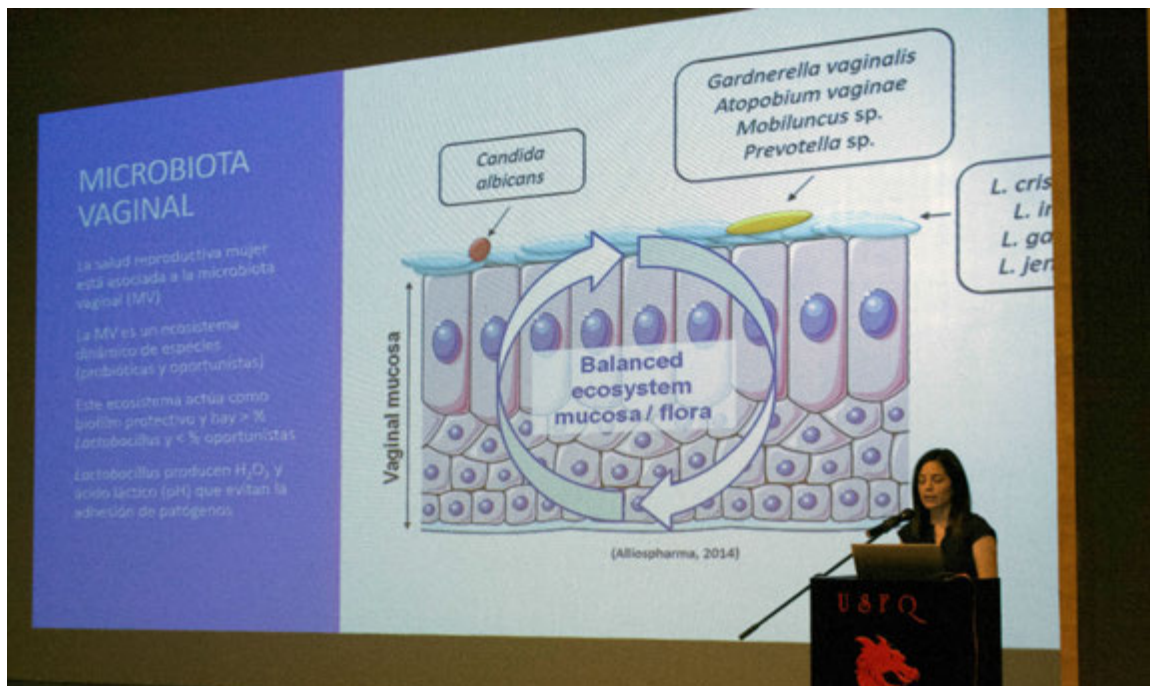


Ilustración 10: Vaginitis sintomática y asintomática en mujeres ecuatorianas – un análisis epidemiológico por Ana Salinas

Día 2: Miércoles 01 agosto de 2018
Microbiología de alimentos



Ilustración 11: Identificación molecular de fitopatógenos en cultivos de importancia económica en el Ecuador por Antonio León



Ilustración 12: ¿Cuál es el rol de Salmonella y Listeria en la seguridad alimentaria de los ecuatorianos? por Sonia Zapata

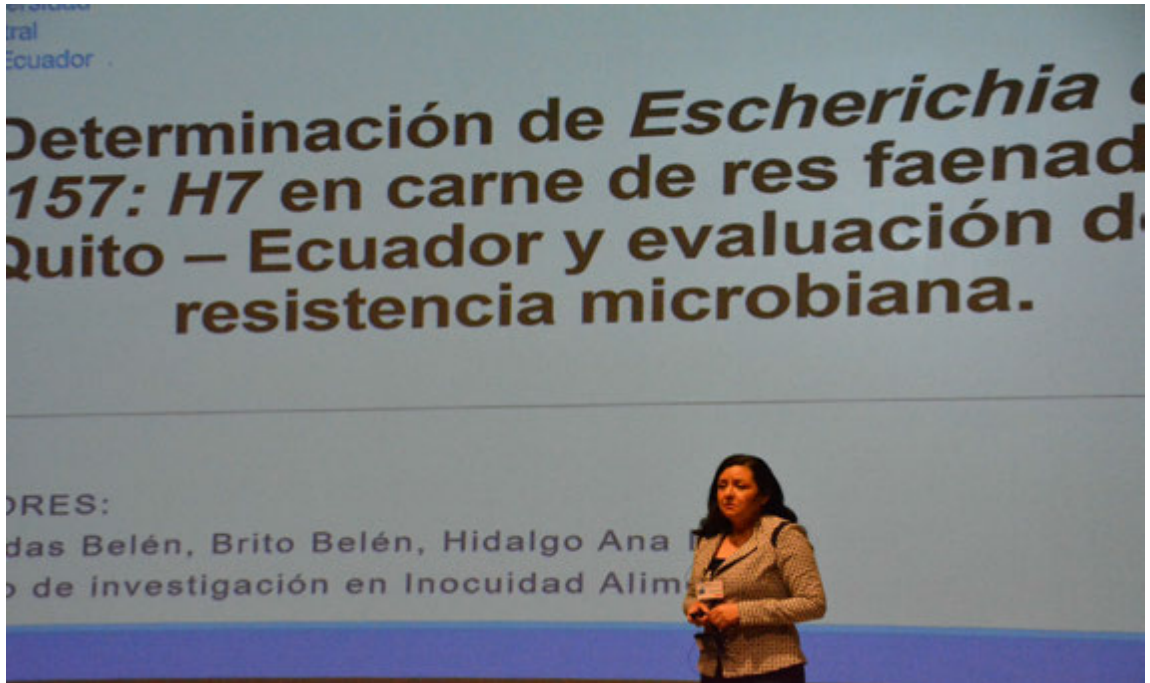


Ilustración 13: Determinación de *Escherichia coli* O157:H7 en carne de res faenada en Quito-Ecuador y su evaluación de su resistencia microbiana por Ana Hidalgo



Ilustración 14: Evaluación in vitro de *Trichoderma* spp. y *Bacillus* spp. como controladores biológicos conjuntos de *Fusarium oxysporum* en uvilla (*Physalis pruviana*), ecotipo colombiano en la sierra norte y centro del Ecuador por Alexander Silva

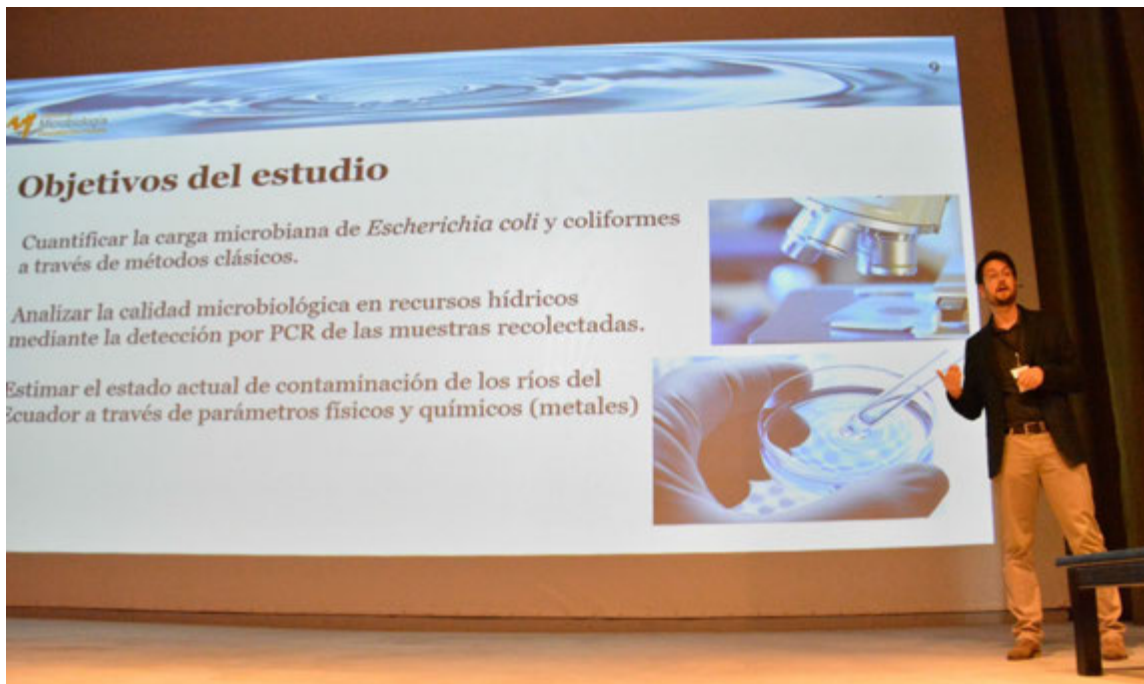


Ilustración 15: Evaluación de la carga microbiana y química en ríos de varias provincias del Ecuador por Antonio Machado



Ilustración 16: Productos naturales y sintéticos con actividad leishmanicida por Patricio Rojas



Ilustración 17: Construcción del biosensor para detección de arsénico en agua por Santiago Mafla

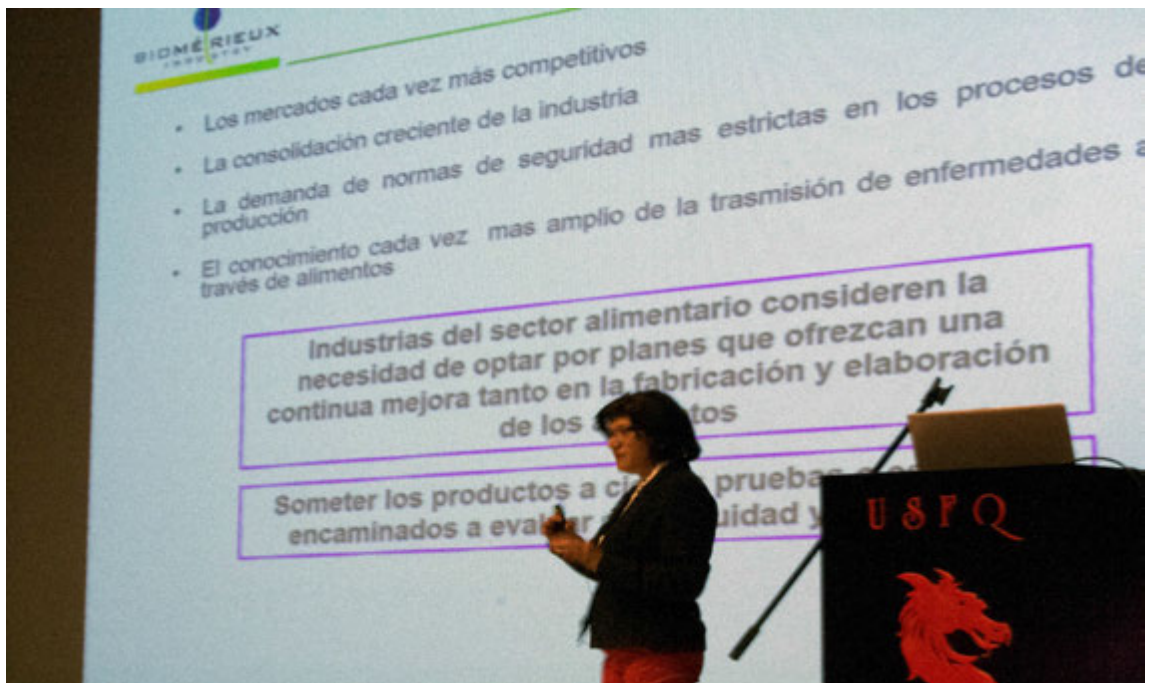


Ilustración 18: Recuento automatizado de indicadores de calidad para la industria alimenticia por Christina Polo



Ilustración 19: Molecular detection of *Bartonella bacilliformis* in sand flies (Diptera: *Psychodidae*) in Ecuadorian-Peruvian border por Andrés Carrazco

Día 3: Jueves 02 de agosto de 2018
Microbiología industrial



Ilustración 20: Presentación de los programas de posgrado en Microbiología (Maestría y Doctorado) por el Instituto de Microbiología de la USFQ por Gabriel Trueba

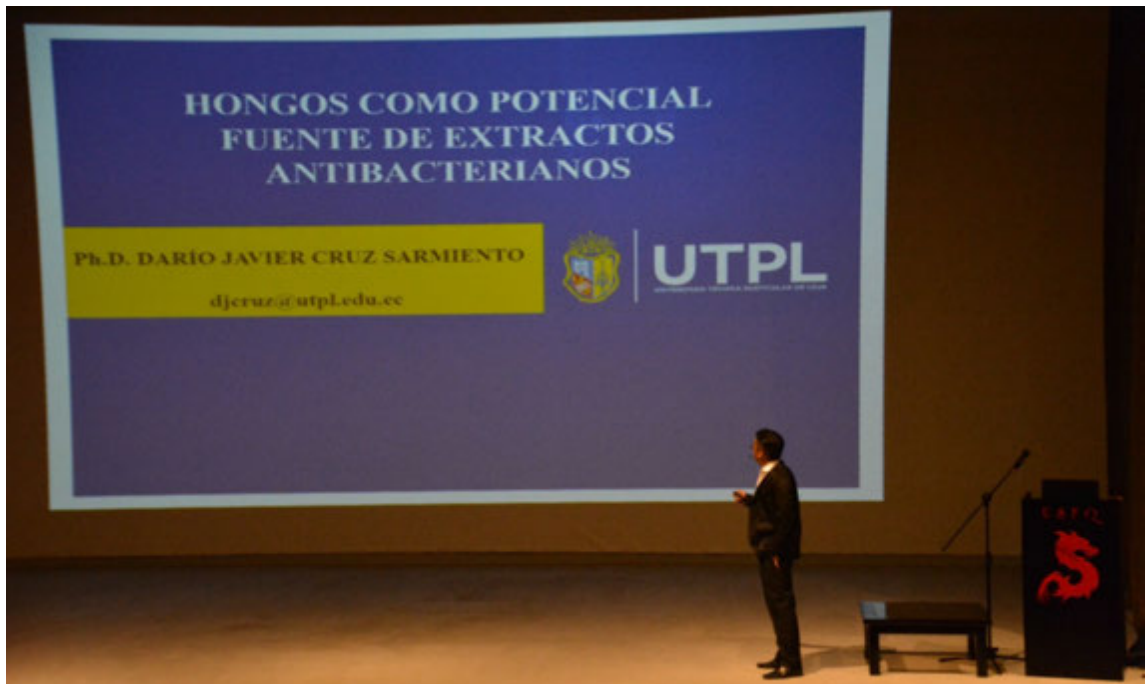


Ilustración 21: Hongos como potencial fuentes de extractos antibacterianos por Darío Cruz



Ilustración 22: Microbial Composition during the removal of Copper and Zinc in a bioreactor with limestone pre-column system por Aracely Zambrano

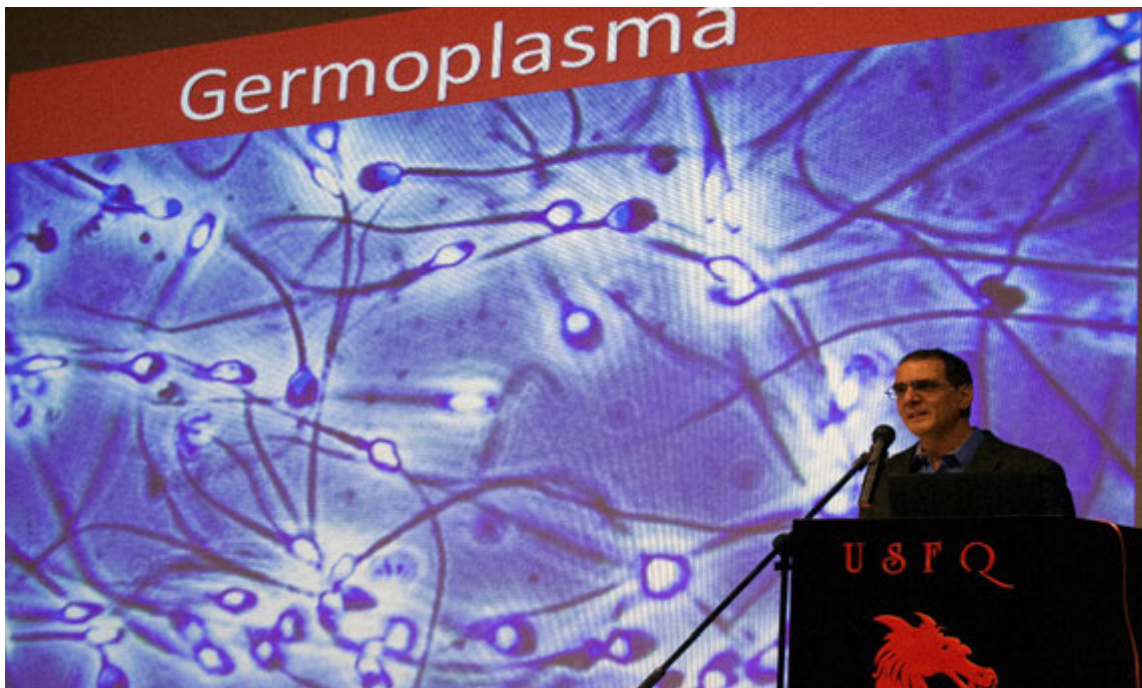


Ilustración 23: Supervivencia de espermatozoides en tejido epididimario bovino post congelación por Pedro Aponte



Ilustración 24: Diversidad y composición de las comunidades de hongos micorrízicos de orquídeas en bosque montano del sur del Ecuador por Stefania Cevallos



Ilustración 25: ¿Cuál es la importancia del medio ambiente dentro del ciclo de transmisión de *Leptospira*? por Verónica Barragán



Ilustración 26: Ingeniería del metabolismo de xilosa en *Burkholderia sacchari* para la producción de poli-3-hidroxitirato (P3HB) por Linda Guamán



Ilustración 27: Evaluación de la carga microbiana y química en varios ríos de la provincia de Pichincha en Ecuador por Pamela Borja

Día 4: Viernes 03 de agosto de 2018
Microbiología aplicada y Biotecnología

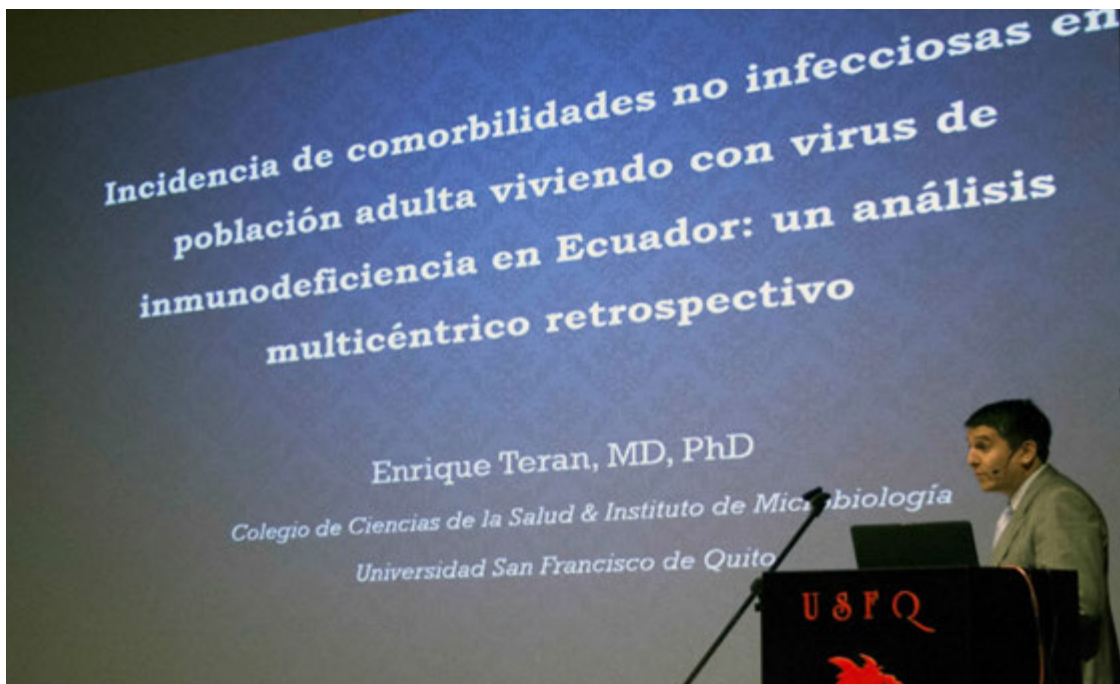


Ilustración 28: Incidencia de comorbilidades no infecciosas en población adulta viviendo con virus de inmunodeficiencia humana en Ecuador – un análisis multicéntrico retrospectivo por Enrique Terán



Ilustración 29: Mejorando la función regenerativa y antimicrobial de macrófagos a través de la transformación artificial de mitocondrias (Mitoception) por Andrés Caicedo



Ilustración 30: Epidemiología molecular de *Mycobacterium tuberculosis* en Ecuador por Daniel Garzón



Ilustración 31: Genomic epidemiology of hospital isolates of *Legionella pneumophila* por Lorena Mejía



Ilustración 32: Transmission of antibiotic resistance genes, between domestic animal and humans, in a semi-rural community in Ecuador por Liseth Salinas



Ilustración 33: Cianobacterias como foto-biofábricas – retos y oportunidades por Carlos Barba



Ilustración 34: Microbiomas vegetales y su conocimiento en beneficio de agricultura sostenible por Pieter Van't Hof



Ilustración 35: Salud Reproductiva – amenaza de infecciones vaginales por Gabriela Vasco



Ilustración 36: Bienvenida de la Asociación Americana de Microbiología (ASM) en el 2do Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada por los embajadores junior y senior de la ASM en Ecuador



Ilustración 37: Bienvenida del stand comercial de Gustavo Venegas en el 2do Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada en Ecuador



Ilustración 38: Bienvenida de los stands comerciales de SIMED, Plurifluidos y BD Diagnostics en el 2do Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada en Ecuador

Agradecimientos

Del 31 de julio al 03 de agosto 2018, se realizó el 2do Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada (MMA) en el Teatro Shakespeare. El Congreso buscó exponer estudios de investigación de los distintos microorganismos, sus interacciones con el medio ambiente, la salud y el sector industrial. Adicionalmente, este evento junto a posibles colaboradores en futuras investigaciones en las áreas aplicadas de Microbiología en Ecuador, un país con la mayor diversidad biológica en el mundo.

El congreso fue un éxito y tuvimos cerca de 200 participantes de diferentes países e instituciones. Sin embargo, este congreso solo fue posible gracias al trabajo y apoyo de todo un equipo de trabajo a quienes quiero agradecer públicamente:

- Por el apoyo institucional a: **Santiago Gangotena, Carlos Montufar, Ximena Córdova y Stella de la Torre.**
- Por la organización, creatividad, paciencia y mucho trabajo duro y sostenido, un agradecimiento MUY GRANDE a: **David Valencia, Patricia Cárdenas, Alex Alalama, Diego Andrade, Jordan Black, Mayte Elizabeth Baquero, Claudia Oña, Deyanira Posso, Erick Moreta, Jorge Jaramillo, Joselin Calderon, Andrea Vargas, Robert Rodríguez, Heydi Tonguino, Gabriela Dayana Zambrano Torres, y Stefanie Uksmara Proaño Arias.**
- Trabajo físico y creativo, paciencia, buenas ideas, posters, movilización: **Planta física, en especial a Fernando, Silvio León, Carlos Simba y Fernando.**
- Manejo de Eventos, comunicación, apoyo emocional, reservas: **Alexandra Polanco, Ricardo Vásquez, Rubén Espin y Gabriela Vaca.**
- Catering, comida rica, decoración, espacio del Teatro Shakespeare y Paseo San Francisco de Quito: **Esteban Escobar y todo personal de catering y seguridad.**
- Ayuda en el manejo financiero de los registros: **Ana Coba**

- Apoyo del Instituto de Microbiología y COCIBA: **Gabriel Trueba, Sonia Zapata, Paúl Cárdenas, Antonio León, Renato León, Verónica Barragán, Teresa Guerrero, Cristina Chavez, Sully Marquez, Lorena Mejia, Stella de la Torre, Gabriela Álvarez y Lilian Moncayo.**
- Colaboración importante: **Universidad Técnica Particular de Loja (UTPL) y Cátedra de Microbiología de la Universidad Central del Ecuador, especialmente Gabriela Vasco.**

Cordiales saludos,

Comité Organizador del Segundo Congreso de Microbiología Molecular y Aplicada

